

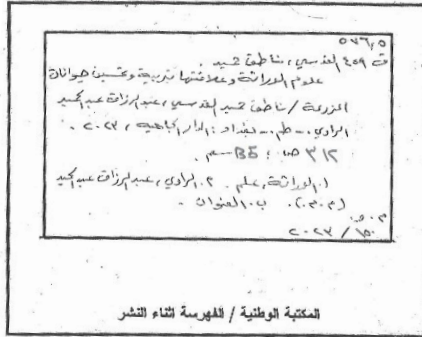
علوم الوراثة وعلاقتها بتربية وتحسين حيوانات المزرعة

الاستاذ الدكتور
ناطق حميد القدسي
استاذ متمرس
كلية علوم الهندسة الزراعية
جامعة بغداد

الاستاذ الدكتور
عبد الرزاق عبد الحميد الراوي
استاذ متقاعد
تربية وتحسين الحيوان

- علوم الوراثة وعلاقتها بتربية وتحسين حيوانات المزرعة
- 314 صفحة

- د. عبد الرزاق عبد الحميد الراوي
- د. ناطق حميد القدسي



رقم الإيداع في دار الكتب والوثائق ببغداد (١٥٠) لسنة ٢٠٢٣

جميع حقوق النشر محفوظة ، ولا يحق لأي شخص أو مؤسسة أو جهة ، إعادة إصدار هذا الكتاب ، أو جزء منه ، أو نقله ، بأي شكل أو واسطة من وسائط نقل المعلومات ، سواء أكانت إلكترونية أو ميكانيكية ، بما في ذلك النسخ أو التسجيل أو التخزين والاسترجاع ، دون إذن خطي من أصحاب الحقوق

هام : ان جميع الآراء الواردة في هذا الكتاب تعتبر عن رأي كاتبها ، ولا تعبر بالضرورة عن رأي الدار الجامعية للطباعة والنشر والترجمة

رقم الإيداع في دار الكتب والوثائق
ببغداد 150 لسنة 2023



الأشراف الفني د. عباس كويش

العراق - بغداد - الجادرية

www.bookstore-mohesr.gov.iq
bookstore.ppt@gmail.com

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

وَمَا بِكُمْ مِنْ نِعْمَةٍ فَمِنَ اللَّهِ

(النحل ٥٣)

الأهـداء

إلى روح الوالدين..

يرحمهم الله

المحتويات

ت	العنوان	الصفحة
	الفصل الأول	1
1	نظرة تاريخية لعلوم الوراثة وتربية وتحسين الحيوان	1
2	تربية وتحسين الحيوان في القرن الثامن عشر	3
3	تربية وتحسين الحيوان في القرن العشرين	5
4	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها ، في النص العربي للفصل الأول	10
	الفصل الثاني	14
5	الوراثة المنديلية و تعقيدات السلوك الوراثي	14
6	لمحة تاريخية	14
7	قانون الانعزال	14
8	قانون التوزيع المستقل	20
9	الأليلات المتعددة	22
10	الموروثات او الجينات المميتة	24
11	الجينات المتعددة التأثيرات	24
12	التعبير غير السائد	25
13	الاختلافات في نسب الصفات الثانوية	26
14	التفوقية أو التفاعل الجيني بين المواقع الوراثية المختلفة	27
15	المحاكاة	29
16	الجينات المحورة	31
17	تأثير المحيط على الصفات	32
18	التطبيق العملي	33
19	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها ، في النص العربي للفصل الثاني.	35
	الفصل الثالث	40
20	الكروموسومات (الصبغيات) وسلوكها الوراثي	40
21	اكتشاف الكروموسومات	40
22	كروموسومات أنواع الحيوانات الداجنة	41
23	الكروموسومات وتحديد الجنس	43
24	أشكال الكروموسومات	45
25	انقسام الخلية الجسمية (الانقسام الخيطي)	46
26	أحداث عند الإخصاب	48
27	فقدان التوازن في الكروموسومات الجنسية \التركيب الكيميائي للكروموسومات والطفرات الوراثية	50

28	التقاطع والعبور	52
29	إعادة ترتيب الكروموسوم	55
30	التطبيقات العملية	57
31	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها ، في النص العربي للفصل الثالث.	57
	الفصل الرابع	64
32	الارتباط والصفات المرتبطة بالجنس	64
33	الارتباط	64
34	شواهد حدوث الارتباط	65
35	حساب المسافات والخارطة الكروموسومية	67
36	الارتباط بالجنس	74
37	الصفات المتأثرة بالجنس	77
38	الصفات المحددة بالجنس	79
39	الخلاصة	80
40	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها ، في النص العربي للفصل الرابع.	81
	الفصل الخامس	87
41	الاحتمالات واختبارات الفرضيات الوراثية	87
42	خلفية و تعاريف	87
43	المفهوم الاساسي للاحتمال	92
44	قوانين الاحتمالات، معادلة الضرب والجمع	93
45	قواعد الاحتمال على الحيوانات ثنائية الهجين	94
46	الملاحظة أو الإدراك و الاحتمالات	98
47	اختبار مربع كاي	102
48	اختبار المطابقة / الجودة	104
49	اختبار مربع كاي للتصنيفات المزدوجة	106
50	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها ، في النص العربي للفصل الخامس	109
	الفصل السادس	116
51	القوى التي تغير تكرار الجين والتراكيب الوراثية	116
52	مبادئ و قانون هاردي – وينبرج	116
53	التزاوج غير العشوائي	116
54	الهجرة	122
55	الطفرة الوراثية	124
56	الانتخاب	127

57	السيادة التامة: الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية A-	128
58	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل السادس	134
	الفصل السابع	139
59	القيمة الوراثية والانتخاب الاصطناعي	139
60	تكرار الجين و التراكيب الوراثية	139
61	القيم الوراثية ومتوسط المجتمع	143
62	حساب القيم التربوية وانحراف السيادة	145
63	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل السابع.	151
	الفصل الثامن	158
64	اساسيات تربية وتحسين الحيوان	158
65	الانتخاب	158
66	العلاقة بين الاستجابة للانتخاب وشدة الانتخاب والانحراف المعياري المظهري و الوراثي	166
67	مثال تطبيقي لتقدير المؤشرات الخاصة بالانتخاب	168
68	العلاقة بين معدل الاستبدال (شدة الانتخاب) ومدى الجيل والاستجابة للانتخاب	169
69	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الثامن	173
	الفصل التاسع	179
70	الانتخاب	179
71	التقييم المظهري والوراثي	180
72	تقنيات الانتخاب التقليدي	181
73	الانتخاب لاكثر من صفة \ انتخاب الصفات المتعددة	184
74	الجدارة الوراثية للصفات الاقتصادية باستخدام BLUP	185
75	انتخاب الاقطاع	185
76	الدليل الانتخابي	186
77	النموذج المختلط لتحليل بيانات تقييم الحيوانات	187
78	تطبيق البيوتكنولوجيا الحديثة ومنها تقنيات الوراثة الجزيئية	190
79	تفاعل البلمرة المتسلسل	191
80	الواسمات / المؤشرات / العلامات الجزيئية والصفات الكمية	191
81	الانتخاب بمساعدة الواسمات الجينية	194
82	التعددات الشكلية الناجمة عن النيوكليوتيدات الصغيرة	195

196	تعدد المظاهر الاليلية	83
197	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل التاسع.	84
206	الفصل العاشر	
206	نظم التزاوج	85
206	اهمية برامج التربية والتحسين	87
206	الاهتمام في أنظمة التزاوج	88
207	نظم التربية / التزاوج	89
208	تهجين الخطوط النقية	90
210	التهجين بين السلالات	91
212	مشروع تحسين الأغنام المحلية	92
213	مشروع تحسين الماعز المحلي	93
214	أنظمة التزاوج / التهجين في ماشية اللحم	94
216	السلالات المركبة / تركيبية	95
217	معدل / معامل تربية الأقارب	96
218	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل العاشر.	97
228	الفصل الحادي عشر	
228	اهداف تربية وتحسين الحيوان	98
231	مقترحات تنمية وتحسين قطاع الماشية و الافاق المستقبلية	99
235	تطوير برنامج التلقيح الاصطناعي	100
236	انشاء مزارع لانتاج الحليب واللحوم	101
237	نقل و زراعة الاجنة	102
238	انتاج كباش الكرادي والعواسي	103
242	المشاريع السانده لبرامج التحسين الوراثي	104
245	إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الحادي عشر.	105
249	الفصل الثاني عشر	
249	الأسئلة المتداولة حول علوم الوراثة وتربية و تحسين الحيوان واجوبتها	106

تقديم

الحمد لله خالق كل شيء بقدرته ومشيتته ... والصلاة والسلام على نبينا محمد سيد خلقه
واله وصحبه.

يسلط الكتاب الضوء على أسس وراثية وتربية الحيوان، من خلال عرض مبادئ وأهم التقنيات الوراثية المستخدمة في تربية وتحسين الحيوان ، مع عرض لأمثلة عن تطبيقاتها. كما تطرق الكتاب الى عرض التوصيف الوراثي للعشائر \ المجتمعات الحيوانية التي تحكمها الجينات، والعوامل المؤثرة على تكرار الجين من أجل تخطيط برامج التربية من انتخاب والتزاوج داخل وبين السلالات للقطعان أو العشائر الحيوانية.

ان الهدف الأساسي من هذا الكتاب هو مناقشة علوم الوراثة (خاصة الوراثة المنديلية، وراثية العشائر، الوراثة الكمية والوراثة الجزيئية) وعلاقتها بتطبيقات تربية وتحسين الحيوان. اذ ان مناقشة هذه العلوم والعوامل المحيطة بها تؤثر على الكفاءة الانتاجية في أنظمة تربية الحيوان ، من خلال فهم افضل لتحسين الأساليب المستخدمة و إنشاء أنظمة غير تقليدية لتربية الحيوان خاصة في منطقتنا.

كما يهدف هذا الكتاب إلى استخدامه كمصدر مرجعي لطلاب الإنتاج الحيواني (الدراسات الأولية والعليا) ولطلاب الطب البيطري ولذوي العلاقة. لقد تم اخراج الكتاب بنموذج عرض المعلومات باللغة العربية في متن كل فصل و يتبع ذلك إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية باللغة الإنكليزية في نهاية كل فصل تم مناقشتها وركزت عليها، في النص العربي لفصول الكتاب. كما شمل الفصل الاخير من الكتاب على الأسئلة المتداولة حول علوم الوراثة وتربية وتحسين الحيوان واجوبتها. يشتمل الكتاب على الفصول الآتية:

1- الفصل الأول: نظرة تاريخية لعلوم الوراثة وتربية وتحسين الحيوان

Genetics and Animal Breeding: An Overview

2- الفصل الثاني: الوراثة المنديلية Mendelian Genetics :

3- الفصل الثالث: الكروموسومات وسلوكها الوراثي

Chromosomes and Their Behavior

4- الفصل الرابع: الارتباط والصفات المرتبطة بالجنس

Linkage and Sex-Related Traits

5- الفصل الخامس: الاحتمالات واختبارات الفرضيات الوراثية Probability and

Test of Genetic Hypotheses

6- الفصل السادس: القوى التي تغير تكرار الجين والتراكيب الوراثية Forces that

Change Gene and Genotypic Frequencies

7- الفصل السابع: القيم الوراثية والتربوية Genetic and Breeding Values

8- الفصل الثامن: اساسيات تربية وتحسين الحيوان Basics of Animal

Breeding

9- الفصل التاسع: الانتخاب Selection

10- الفصل العاشر: طرق التزاوج Mating Systems

11- الفصل الحادي عشر: اهداف تربية وتحسين الحيوان Breeding Goals

12- الفصل الثاني عشر: الأسئلة المتداولة حول علوم الوراثة وتربية و تحسين

الحيوان واجوبتها

Frequently Asked Questions about Genetics / Animal Breeding and
their Answers

الشكر والتقدير للاستاذ الدكتور نصر نوري الانباري لمراجعته فصول الكتاب وابداء
ملاحظاته وارهائه.. اخيرا نساله تعالى الموفقية للجميع خدمة للصالح العام وان يجعل
هذا المؤلف صدقة جارية لكل من ساهم فيه واستفاد منه وافاد .

الاستاذ الدكتور

تاطق حميد القدسي

الاستاذ الدكتور

عبد الرزاق عبد الحميد الراوي

كانون ثاني \ 2023

Chapter 1 الفصل الاول

نظرة تاريخية لعلوم الوراثة وتربية وتحسين الحيوان

Genetics and Animal Breeding: An Overview

أن دراسة علم وراثة الحيوان (Animal genetics) يقصد به دراسة أساسيات التوارث في الحيوانات، بينما يعبر عن علم تحسين الحيوان (Animal breeding) هو باستخدام أساسيات التوارث ومبادئ الوراثة وعلم الإحصاء لتحسين الحيوان، وكلا المصطلحين تتداخل وتتفاعل في الأهداف العملية لذلك فهناك ترابط وثيق بين وراثة الحيوان وتحسين الحيوان . إن دراسة واستخدامات علم وراثة الحيوان تقسم إلى ثلاثة محاور :

- (1) الوراثة المنديلية Mendelian genetics
- (2) وراثة العشائر Population genetics
- (3) الوراثة الكمية Quantitative genetics وسيتم مناقشتها في فصول هذا الكتاب.

أن انتقال العوامل الوراثية من جيل إلى الجيل الذي يليه هو الأساس في الوراثة المنديلية التي وضعت أسسها عام 1865 من قبل العالم النمساوي Gregor Mendel (الشكل 1-1) من نتائج تجاربه في زراعة نبات البازلاء ، وبقيت قوانين مندل غير معروفة ، ولكن بحلول عام 1900م كان ثلاث علماء نبات (Correns ، deVries ، و Tschermak) قد أعادوا اكتشاف نتائج وقوانين مندل وبصورة مستقلة. مندل"، جريغور باحث نمساوي وهو عالم الوراثة المعروف ، الذي وضع حجر الأساس لعلم الوراثة، اذ اكتشف القوانين الأساسية للوراثة.

وكان يجري تجاربه على نبات البازلاء لعدة أسباب منها ان الزهرة تحمل الاعضاء الذكري والانثوية فضلا عن وجود العديد من الصفات الوراثية المختلفة والتي يمكن دراستها ، قصر دورة حياة هذه النبتة و سهولة زراعتها و الحصول عليها وهو أول من توصل إلى نتائج مهمة في هذا العلم ، ومن خلال دراسة نبات البازلاء و كيفية انتقال وتوريث الصفات تم التعرف على قانونين تم مناقشتها في الفصل الثاني. 1- القانون الأول؛ (قانون انعزال الصفات) 2- القانون الثاني (قانون التوزيع الحر).



الشكل 1- 1. الباحث النمساوي "جريغور مندل" 1823-1864 Gregor Mendel

في عام 1901 أثبت العالم الإنكليزي William Bateson من خلال تجاربه على الدواجن صحة نتائج تجارب مندل وقوانينه في توارث الصفات في الدواجن. في عام 1906 كان العالم Bateson أول من استعمل كلمة وراثة (Genetics) كما عرفها بأنها العلم الذي يبحث دراسة درجة الاختلافات والتشابه في الأفراد المنحدرة من نفس الأصول ، كما وضع العالم Bateson بعض المصطلحات الفنية للوراثة مثل الأفراد النقية أو المتماثلة (Homozygote) والأفراد الخليطة (Heterozygote) ويعتبر أول من أشار إلى أن التباين الوراثي (Genetic Variation) أساس التطور . وجاء في عام 1906 العالم Wilhelm Johannson بالمصطلحات المستعملة حالياً وهي الجين gene ، التركيب الوراثي genotype والشكل الخارجي أو المظهري (Phenotype). بالرغم من أن أساسيات قانون مندل الوراثي ذو أهمية محدودة في نطاق تربية وتحسين الحيوان إلا أن نظريات مندل أصبحت الأساس في دراسة المتخصصين في علوم الوراثة الرئيسية، هي وراثة العشائر Population genetics والوراثة الكمية (Quantitative genetics). أن أساس وراثة العشائر هو قانون Hardy-Weinberg law الذي وُضع من قبل العالمين الإنكليزي G.H. Hardy والألماني W. Weinberg سنة 1908 والتي تحدد توارث الصفات الكمية المتأثرة بعدد قليل من الجينات. ان وراثة العشائر لها أهمية في فهم كيف يتم توارث وتثبيت الصفات المرغوبة أو غير المرغوبة أو استمرار تبايناتها في العشائر Population وأيضا لوراثة العشائر أهمية كبيرة لتصميم برامج الانتخاب لزيادة تكرار الجينات المرغوبة (Desirable genes) أو لإبعاد الجينات غير المرغوبة (Deleterious genes).

أما الوراثة الكمية (دراسة الصفات الكمية) فإن دراستها اصعب بسبب صعوبة قياس تأثير الجينات بشكل منفرد وبسبب تحكم عدة جينات بالصفة الواحدة مثل صفة إنتاج الحليب او صفة معدل النمو او انتاج البيض، كما تتعد نظرية الانتخاب لهذه الصفات

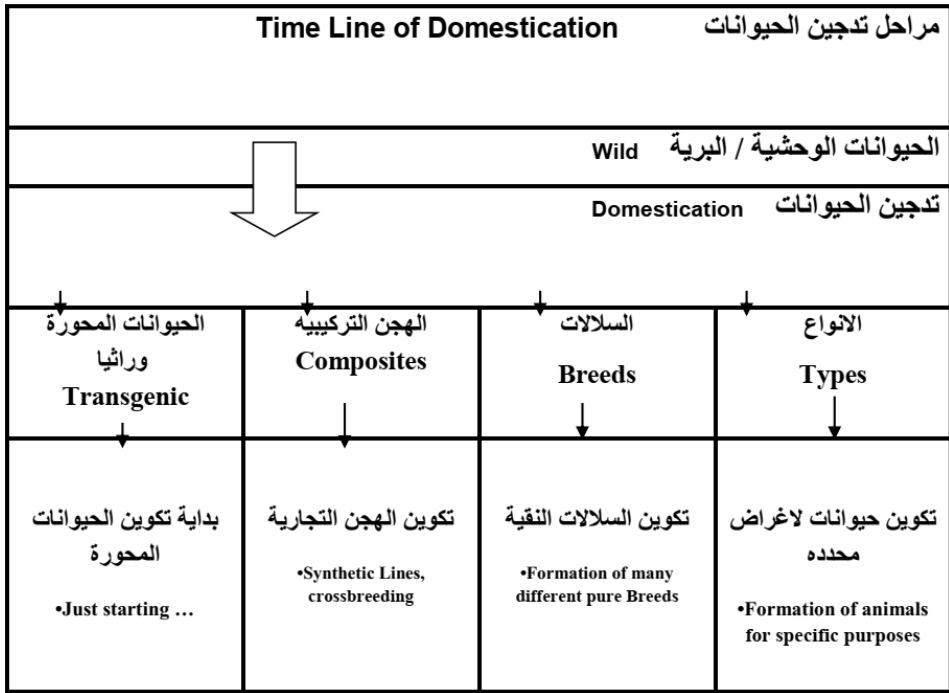
من خلال تأثيرات البيئة والعوامل غير الوراثية الأخرى (مثل التغذية وموسم الولادة) التي تؤدي إلى تباين في اظهار الصفة . من الناحية العملية فإن الوراثة الكمية هي الأهم إذ أن الاستجابة للانتخاب لها قيمة كامنّة اقتصادية من الناحية الوراثية في تحسين الصفات الكمية مقارنة بالصفات النوعية (لون الجلد او الريش او وجود القرون). بالرغم من أن نظرية الانتخاب (Selection) صعبة الفهم إلا أنها تقع ضمن نطاق أساسيات مندل الوراثية ووراثة العشائر، وهذه الأساسيات الوراثية مع بعض الاختبارات والتحليل الإحصائية تكون أساس وقاعدة الوراثة الكمية.

تربية وتحسين الحيوان في القرن الثامن عشر

Breeding in the 18-th century

لقد عرفت علاقة الإنسان بالحيوان منذ فترة استقراره في الأرض وممارسته للنشاطات الزراعية والصيد . بدأت أول عملية لتدجين الحيوان (الكلاب) في شمال العراق قبل 14 ألف عام بعدها تم تدجين الأغنام لتكون تحت سيطرة الإنسان وحمائته للاستفادة منها في غذاءه ولباسه . وتشير الشواهد الأثرية إن استئناس وتدجين الماعز والأغنام في جنوب غرب آسيا قبل تدجين الأبقار. بعد عملية الاستئناس جاءت فترة توجيه الحيوان للتخصص في الإنتاج مما أدى إلى ظهور السلالات المتخصصة، التي أدت إلى تكوين جمعيات مربّي السلالات وأنشأت برامج وطنية لتحسين الوراثي (الشكل 1-2).

ومن مراجعة تاريخ تحسين الحيوان يتضح أنه أستخدم بنجاح لتغيير وزيادة الحيوانات المرغوبة وربما كان ذلك منذ مئات السنين وربما منذ البدء بتدجين الحيوانات. ميزات السلوك التي ارتبط بها تدجين الحيوانات وهذه يتحكم بها العديد من الجينات وقد تكون صفات كمية ، ومن الجدير بالذكر أن الكلاب أول الحيوانات التي طبقت عليها عملية الانتخاب لتدجينها قبل أكثر من 12 ألف سنة، أما الانتخاب في الحيوانات الأخرى فقد أعتمد بشكل بطيء من خلال التكيف الجيد للظروف البيئية.



الشكل 1-2. مراحل تدجين الحيوانات

من الأمثلة في الانتخاب لغرض تحسين ميزات الأداء هو الأنواع المختلفة من الخيول، فهناك الخيول التي انتخبت لغرض التحميل والسحب ونقل الأحمال الثقيلة ونقل الأشخاص وأغراض أخرى. كما انتخبت خيول أخرى لهدف آخر مما أدى إلى وصول الحصان الأوربي بشكل مغاير للحصان العربي على الرغم من أن هذه الخيول سجلت ونسبت بشكل بدائي لفترة 2500 سنة سابقة إذ كانت تربي للسباق. إن تسجيل المعلومات هو النقطة المهمة والضرورية في الانتخاب في الصفات الكمية وكذلك يزود القاعدة الأساسية في تصميم برامج الانتخاب. في القرن الثامن عشر (1760-1795) يعد العالم الإنكليزي Robert Bakewell أبو علم الحيوان إذ حقق نجاحات كبيرة معتمداً على التسجيل وأستعمل التربية الداخلية Inbreeding وتربية الاقارب لتثبيت الأنواع المرغوبة بالنسبة للخيول من نوع Shire وأبقار اللحم من نوع Old Longhorn والأغنام من نوع Leicester ونظريته ببساطة تعني تزاوج الآباء المتميزة والأفضل (Breed the best to the best) تتجب الأبناء الأفضل مقارنة من الآباء الأخرى.

تربية وتحسين الحيوان في القرن العشرين

Animal breeding in the 20-th century

العالم البريطاني R.A. Fisher و Sewall Wright من الولايات المتحدة الأمريكية (1925) أول من ربط بين أساسيات مندل الوراثة وأساسيات الإحصاء المتمثلة في معامل الانحدار Regression Coefficients والارتباط Correlation لدراسة التشابه والاختلاف بين الأفراد المنحدرة من أصل واحد. وقد ساهم كل منهما مساهمات جادة في تطوير نظريات الوراثة الإحصائية Statistical genetics. لكن العالم Jay Lush الأستاذ في جامعة آيوا (الذي يعتبر أبو علم تحسين الحيوان الحديث، 1935) أفاد بأن بعض الأبناء الناتجة لأحسن الآباء قد تكون رديئة في بعض الصفات (Like does not always beget like)، إذ أن بعض الآباء الجيدة في الصفة قد لا تكون جيدة في نقل عواملها الوراثية إلى أبنائها. لذلك فكرته كانت بتزاوج الأفضل بالأفضل وتمنى الأفضل وذلك لأن الحيوان الأفضل مظهرياً ممكن أن لا يكون الأفضل وراثياً بسبب الانعزال للعوامل الوراثية أثناء الانقسام الاختزالي عند تكوين الكميئات. إن أهم وسيلة لتحسين الحيوان هو التسجيل المناسب للبيانات للحصول على أعلى الاحتمالات والدقة في تحديد أفضل الحيوانات وراثياً لانتخابها. أول سجل مهتم بتسجيل نسب الحيوان بدء بالخيول الإنكليزية سنة 1791 إذ بدأ بتسجيل أنساب خيول السباق. وكان أول سجل عنى بالأبقار شمل المعلومات في سنة 1822 في أبقار اللحم. وفي سنة 1908 وضعت سجلات أبقار الحليب في نيويورك وكانت ذات أهمية عالية في تقويم الحيوانات ومن خلال عملية التلقيح الاصطناعي أمكن إنتاج الآلاف من الأجيال اللاحقة تمتاز بإنتاجية عالية لذلك ومن خلال (1) جمعيات التسجيل (2) التقييم الوراثي باستعمال الكمبيوتر (3) اختيار أفضل الثيران (4) التلقيح الاصطناعي مما أدى إلى نجاح في تطبيقات علم تحسين الحيوان. فمثلاً بين عام 1958-1980 في الولايات المتحدة الأمريكية ازداد معدل إنتاج الحليب بمعدل 40% من خلال استخدام نظريات Lush و Wright منذ عقد الثلاثينات بتقدير التميز Merit للحيوانات التي تستثمر في برامج التربية وهي القيم التربوية أو التربية أو الجدارة الوراثية أو القدرة الوراثية Breeding value. تبع Lush بعض العلماء في عقد الخمسينيات منهم (Sir Alan Robertson) من جامعة أدنبرة إذ استعمل طرق التقييم للآباء المتخصصة لإنتاج الحليب Computer evaluation of dairy sires والتي نتجت المزيد من الاستجابات الوراثية انتعشت بها صناعة الألبان. كما جاء خلال 50 سنة الماضية العالم Henderson من اميركا، إذ طور أغلب أنظمة طرق التقويمات الوراثية الإحصائية المستخدمة في تحسين أبقار الحليب وأبقار اللحم وهذه الأنظمة أصبحت جاهزة التطبيق

بسبب تصنيع الحاسبات الآلية ذات السرعة الفائقة وقابلية الخزن الواسعة ولا بد من الإشارة إلى أن التحسين الوراثي يبقى دائماً على عكس التحسين الناتج من تحسين الإدارة وسيتم في الفصول القادمة شرح الأساسيات الوراثية من قبل العلماء منهم Mendel و Hardy و Weinberg و Fisher و Wright و Lush و Henderson الذين ساهموا في شرح وتفسير المعلومات الخاصة بالتوارث المندلي ووراثة العشائر والوراثة الكمية التي ساهمت في التحسين المستمر لحيوانات المزرعة . يمكن تعريف التكنولوجيا الحيوية على أنها أي تقنية تستخدم كائنات حية أو مواد من هذه الكائنات لصنع أو تعديل منتج أو لتحسين النباتات أو الحيوانات أو لتطوير كائنات دقيقة لأغراض محددة. تعتبر التكنولوجيا الحيوية وسيلة لتحقيق الأغذية الحيوانية. التكنولوجيا الحيوية ليست جديدة ، استخدمها الإنسان منذ مئات السنين لتصنيع منتجات مثل الخبز. تعتبر التربية التقليدية للنباتات والحيوانات التي تنطوي على اختيار وتزاوج الأفراد المفضلين من الناحية المظهرية مثلاً جيداً على التطبيق القديم للتكنولوجيا الحيوية. ما هو جديد في التكنولوجيا الحيوية يأتي من الاختراقات الأكثر حداثة مثل تقنية الحمض النووي والتقنيات المرتبطة بها، وتقنيات الأجسام المضادة. وحيدة النسيلة ، وتكنولوجيا معالجة الأجنة وما إلى ذلك ، وقد عززت هذه الاحتمالات لمعالجة الأنظمة البيولوجية لصالح البشرية. يواجه مربو الحيوانات ، بشكل عام ، تحديات مستمرة تتمثل في الحاجة إلى تقييم التطورات الجديدة والتكنولوجيات الجديدة ومنها: (1) مواكبة التطورات الجديدة (2) التعرف على التطورات والابتكارات التي يمكن أن تساعد في إدارة أعمالهم (3) القدرة على تنفيذ مثل هذه التطورات بطريقة فعالة وسريعة ، أمثلة على التقنيات الهامة التي أثرت على برامج تربية الحيوانات على مدى الثلاث عقود الماضية هي مؤشر لاختيار أفضل الحيوانات، أفضل تنبؤ خطي غير متحيز لقيم التربية الوراثية (Best Linear Unbiased Predation (BLUP). تم إحراز تقدم وراثي للصفات الكمية في الثروة الحيوانية عن طريق BLUP المقدرة للقيم التربوية، Estimated Breeding value (EBV)، دون معرفة عدد الجينات التي تؤثر على الصفة أو تأثيرات كل جين. يسمح علم الوراثة الجزيئي بدراسة التركيب الجيني للأفراد على مستوى الحمض النووي وقد يوفر الأدوات اللازمة لجعل هذه الفرص حقيقة واقعة ، إما عن طريق الانتقاء المباشر للجينات التي تؤثر على الصفات ذات الأهمية - الجينات الرئيسية أو المواقع الجينية للصفات الكمية Quantitative Trait Loci (QTL) - أو من خلال الانتقاء على الواسمات الجينية المرتبطة QTL . ان الأسباب الرئيسية التي تجعل معلومات الوراثة الجزيئية أن تؤدي إلى عائد أو كسب وراثي هي: إن المعلومات الوراثة الجزيئية لا تتأثر بالتأثيرات البيئية ،

تكون المعلومات الوراثية الجزيئية متاحة في سن مبكرة، مما يسمح بالاختيار المبكر ، وتقليل مدى الجيل ، ويمكن الحصول على المعلومات الوراثية الجزيئية من جميع المرشحين للاختيار ، وهو أمر مفيد بشكل خاص للصفات الخاصة بالجنس ، أو الصفات باهظة الثمن أو التي يصعب تسجيلها ، أو الصفات التي تتطلب ذبح الحيوان (صفات الذبيحة). يعتمد التطبيق النهائي لعلم الوراثة الجزيئي في برامج التربية على التطورات في المجالات الأربعة الرئيسية التالية:

الوراثة الجزيئية: تحديد الجينات وتعدد الأشكال الجينية ورسم خرائط لها
اكتشاف QTL وتقدير ارتباطات الجينات المحددة والعلامات الجينية ذات الصلة الاقتصادية للصفات

(التقييم الجيني: دمج البيانات المظهرية والجينية في الطرق الإحصائية لتقدير قيم تربية
يوانات الفردية في عشيرة التربية

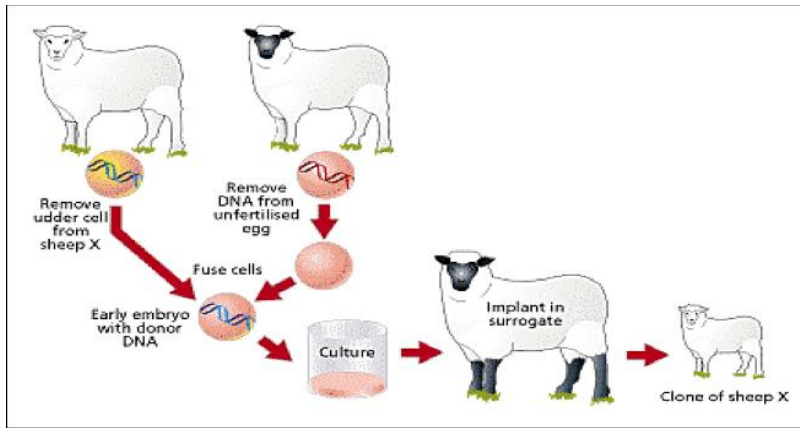
الانتقاء بمساعدة الواسم: تطوير استراتيجيات وبرامج التربية لاستخدام المعلومات
راثية الجزيئية في الانتقاء والتزاوج البرامج.

عدد الجينات التي تم تشخيصها في الماشية بشكل كبير خلال العقود الماضية. غالبية الجينات المعنية تسمى جينات الواسمات أو العلامات (الواسمات الجينية Genetic marker و سمات المؤشر Indicator traits) هذه الجينات ليست مسؤولة بشكل مباشر عن الاختلافات في الصفات الاقتصادية ولكنها قد تكون مرتبطة بالجينات الرئيسية أو المواقع الجينية للصفات الكمية (QTL) ، والتي يمكن استخدامها للعثور على QTL ومن ثم اختيار QTL .

ومن التقنيات الأخرى الخاصة بعلم وظائف الأعضاء التناسلية أحد تحديات التحسين الوراثي هو زيادة معدلات التكاثر. تتوفر العديد من تقنيات التكاثر وأكثرها شيوعاً هي التلقيح الاصطناعي (AI) Artificial Insemination ونقل الأجنة والتقنيات المرتبطة بها Embryo Transfer and Associated Technologies. إن قياس هرمون البروجسترون في الحليب أو الدم وهي تقنية مستخدمة على نطاق واسع لمراقبة وظيفة المبيض واختبارات الحمل هي أيضاً تقنية مهمة لإدارة الوظيفة التناسلية للحيوان. يتيح التقدم في جمع السائل المنوي وتخفيفه وتقنيات الحفظ بالتبريد الآن استخدام ثور واحد في وقت واحد في العديد من البلدان لما يصل إلى 100000 عملية تلقيح سنوياً. هذا يعني أنه يمكن استخدام عدد صغير جداً من أفضل الثيران لخدمة عدد كبير من الماشية. فضلاً عن ذلك ، كل ثور قادر على إنتاج عدد كبير من البنات في وقت معين وبالتالي تعزيز كفاءة اختبار النسل. أن دراسات الكشف عن الشبق والتحكم

في الإباضة التي تطورت من الحاجة إلى تلقيح الوقت بشكل صحيح ، أدت إلى تطوير تكنولوجيا نقل الأجنة (Embryo transfer (ET) . يمكن أن تساهم تكنولوجيا الأجنة بشكل كبير في البحث والتحسين الوراثي في السلالات المحلية. الإجراءات المتاحة حالياً لإنتاج الأجنة من الإناث المتبرعات. يتكون من الإباضة الفائقة Super ovulation و التلقيح خارج الرحم (In vitro fertilization (IVF) ، ويتكون من استعادة البويضات من مبيض الأنثى ثم تنضجها وتخصيبها خارج الجسم حتى تصبح جاهزة للزرع في إناث حاضنة. تسهل عملية التلقيح الصناعي استعادة عدد كبير من الأجنة من أنثى واحدة بتكلفة منخفضة ، مما يجعل تقنيات ET مجدية اقتصادياً على نطاق أوسع. بالإضافة إلى ذلك ، يوفر التلقيح الاصطناعي أجنة مناسبة للاستنساخ. تتمثل الفائدة الرئيسية لنقل الأجنة في إمكانية إنتاج ذرية متعددة من أنثى ، تماماً كما أن إنتاج العديد من النسل من ذكر واحد. على سبيل المثال ، يمكن زيادة متوسط إنتاج البقرة من 4 إلى 25 عجلًا، وزيادة معدل التكاثر للإناث المختارة له الفوائد التالية: يمكن للحيوانات المتميزة وراثيًا أن تساهم بشكل أكبر في برنامج التربية والتحسين، لا سيما إذا تم اختيار أبنائها لاستخدامهم في التلقيح الاصطناعي ؛ يمكن تعزيز معدل التغيير الجيني من خلال خطط تربية مصممة خصيصًا والتي تستفيد من زيادة كثافة اختيار الإناث جنبًا إلى جنب مع زيادة معدل دوران الأجيال (Generation turnover)، نقل الأجنة أرخص بكثير من نقل الحيوانات الحية ، تجنب مخاطر استيراد الأمراض ، يسهل التوسع السريع للمخزونات الجينية النادرة ولكن المهمة اقتصاديًا ؛ ويمكن تجنب الضغط على الأنماط الجينية الغريبة من خلال ولادتها لمواليد من سلالات محلية بدلاً من استيرادها كحيوانات حية. لا يزال نقل الأجنة غير مستخدم على نطاق واسع في العديد من الدول النامية، على الرغم من فوائده المحتملة. يرجع ذلك بشكل رئيس إلى عدم وجود المرافق والبنية التحتية اللازمة. كما أن الصفات المرتبطة وراثيًا هي خصائص مرتبطة بالصفات ذات الأهمية الاقتصادية ، وهي أسهل في القياس من الأخيرة. عادةً لا تكون هذه الصفات هدفًا للتحسينات الجينية ولكنها توفر وسيلة غير مباشرة لتحسين سمة مستهدفة. استعرض بعض الخصائص الفسيولوجية و / أو الأيضية التي يمكن اعتبارها سمات مؤشر محتملة. الصفات مثل حجم الخصية في الكباش أو الثيران أو FSH في النعاج) لها القدرة على التنبؤ غير المباشر بالخصوبة. يستخدم حجم الخلايا المعبأة (PCV) ، وهو مؤشر على مدى انتشار فقر الدم وكمؤشر على مقاومة الطفيل الداخلي (Haemonchus contortus). كذلك الواسمات الوراثية (Genetic marker) للسمة هي جزء من الحمض النووي يرتبط بالصفات ، وبالتالي يفصل بينها في نمط يمكن التنبؤ به. تسهل الواسمات الجينية "تمييز" الجينات الفردية

أو أجزاء الكروموسوم الصغيرة التي تحتوي على الجينات التي تؤثر على سمة الاهتمام. أدى توافر أعداد كبيرة من هذه الواسمات إلى تعزيز احتمالية اكتشاف الجينات الرئيسية التي تؤثر على الصفات الكمية. تتضمن الطريقة فحص الجينوم بحثاً عن الجينات التي لها تأثير كبير على الصفات ذات الأهمية الاقتصادية (Mackinnon 1992). تسمى عملية الانتقاء لسمة معينة باستخدام الواسمات الجينية بالاختيار بمساعدة الواسمات Marker Assisted Selection (MAS). يمكن لـ MAS تسريع معدل التقدم الجيني عن طريق زيادة دقة الاختيار وتقليل فترة الجيل. كما أن التقدم في تكنولوجيا إدخال جينات جديدة (Transgenesis) أو DNA فرصة كبيرة للتقدم في الطب والزراعة. بالنسبة للثروة الحيوانية، فإن القدرة على إدخال جينات جديدة مهمة اقتصادياً مثل الخصوبة، ومقاومة الأمراض أو تحمل الضغوط البيئية الأخرى، ستمثل تقدماً كبيراً في تربية الحيوان. جدير بالذكر أن الاستنساخ الذي يعرف ببساطة شكل آخر من أشكال المساعدة التقنية الحديثة على التكاثر، إذ يسمح الاستنساخ لمربي الماشية بإنشاء نسخة جينية دقيقة مشابهة لحيوان موجود، وهو في الأساس توأم متطابق. الحيوانات المستنسخة هي حيوانات تكاثر متفوقه وراثيا و تستخدم لإنتاج ذرية أكثر صحة وكفاءه انتاجيه. ادناه شكل مبسط لعملية الاستنساخ.



شكل 1-3. مراحل عملية استنساخ الحيوان

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الأول.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 1.

Genetics is a branch of biology concerned with the study of genes, genetic variation, and heredity in organisms. Mendelian inheritance (Mendelism) is a type of biological inheritance that follows the principles originally proposed by Gregor Mendel in 1865 and 1866.

Animal breeding is the science, aiming at the improvement of farm animals by changing their genetic abilities for important traits. Most of the animal breeding theory we are still using today, was invented in the first half of the 20-th century. The statistician R. A. Fisher (1890 – 1962) showed that the diversity of expression of a trait could depend on the involvement of a large number of so-called Mendelian factors (genes). Jay L. Lush (1896 – 1982), who is known as the modern father of animal breeding. He advocated that instead of subjective appearance, animal breeding should be based on a combination of quantitative statistics and genetic information. He developed the selection index theory; a method used for decades to determine what weights should be put on the different traits under selection. In the process of developing this method, he also came up with a concept on how to estimate genetic correlations. Hazel also developed a method using least squares, a statistical technique, for more complicated data with unequal numbers of subclasses as often occur in animal data. Until then, statistical techniques by Hazel were used to optimise weighing the performances for various traits in animals to select those with the most optimal combination. The estimated breeding value (EBV) was only developed later by the statistician C. R.

Henderson (1911 – 1989), who was a student of Hazel in Ames. The estimated breeding value made it possible to rank the animals according to their estimated genetic potential (the EBV), which resulted in more accurate selection results and thus a faster genetic improvement across generations. Henderson further improved the accuracy of the estimated breeding value by deriving the best linear unbiased prediction (BLUP) of the EBV in 1950, but the term was only used since 1960. He also suggested to integrate the full pedigree of the population to include genetic relationships between individuals. This way performance of relatives could be included in estimating the breeding value of an individual. The so-called animal model was born. Current great minds that have developed a way to incorporate large scale DNA information that has become available in animal model (BLUP) theory to estimate the so-called genomic breeding values.

A trait is "a distinguishing phenotypic characteristic, typically belonging to an individual". In practice this means anything you can record or measure on an individual.

A phenotype is that what you observe or measure on the animal for a certain trait. It can depend both on the genetic background of the animal (provided it is heritable) and external circumstances such as level of nutrition.

Reproductive physiology

One of the challenges for genetic improvement is to increase reproduction rates. Several reproduction techniques are available. The commonest of these are artificial insemination (AI), embryo transfer and associated technologies.

Embryo transfer (ET)

At present, embryo technology can greatly contribute to research and genetic improvement in livestock breeds. There are two procedures presently available for production of embryos from

donor females. One consists of super ovulation, followed by AI and then flushing of the uterus to gather the embryos. The other, called *In Vitro Fertilization* (IVF), consists of recovery of eggs from the ovaries of the female then maturing and fertilizing them outside the body until they are ready for implantation into foster females. IVF makes available embryos suitable for cloning.

Embryo sexing and cloning

Clones may be produced by embryo splitting and nuclear transfer. These offer the possibility for creating large clone families.

Indicator traits

Indicator traits are characteristics which are genetically correlated to traits of economic importance and are easier to measure than the latter. Such traits are usually not the target of genetic improvements but provide an indirect means of improving a targeted trait.

Genetic markers and marker-assisted selection

A genetic marker for a trait is a DNA segment which is associated with, and hence segregates in a predictable pattern as, the trait. Genetic markers facilitate the "tagging" of individual genes or small chromosome segments containing genes which influence the trait of interest. The process of selection for a particular trait using genetic markers is called marker assisted selection (MAS). MAS can accelerate the rate of genetic progress by increasing accuracy of selection and by reducing the generation interval.

Transgenic animals

A transgenic animal is an animal whose hereditary DNA has been **augmented by addition of DNA from a source other than parental germplasm through recombinant DNA techniques.**

Cloning is an assisted reproductive technology to breed an animal that is genetically identical to the single donor animal **(identical twins separated in time).** It is **simply another form of assisted reproduction.** Cloning allows livestock breeders to create an exact genetic copy of an existing animal, essentially an identical twin. Clones are superior breeding animals used to produce healthier offspring.

References

- 1-Blair H.T., McCutcheon S.N. and Mackenzie D.D.S. 1990. Components of the somatotrophic axis as predictors of genetic merit for growth. In: Proceedings of the 4th World Congress on Genetics and Applied Livestock Production, Edinburgh, Scotland. Vol XVI. International Committee for World Congress on Genetics Applied to Livestock Productivity, Edinburgh, UK. pp. 246-255.
- 2-Haley, C. (1999) In "From Jay Lush to Genomics: Visions for Animal Breeding and Genetics" p.47, editors J.C.M. Dekkers, S. Lamont and M.F. Rothschild, Iowa State University, Ames .
- 3-Mackinnon M.J. 1992. Use of genetic markers in genetic improvement programmes. Proceedings of the Australian Association of Animal Breeding and Genetics 10:245-251.
- 4-Van Vleck, L.D., Pollak, E.J. and Oltenacu, E.A.B. (1987) Genetics for the animal sciences. W. H. Freeman, New York.

Chapter 2 الفصل الثاني

الوراثة المندلية و تعقيدات السلوك الوراثي

Mendelian Genetics and the Complexities of Genetic Behavior

لمحة تاريخية Historical perspective

دخل مندل (Gregor Mendel) الدير في برنو Brno عام 1843. كان الدير مكان تعليم ودراسة العلوم الطبيعية (Natural science) بجانب الدين . ترك مندل الدير مؤقتاً عام 1847 بسبب رغبته العلمية بإكمال دراسته في جامعة فينا ثم عاد إلى الدير لممارسة التدريس فيه. كانت رغبة مندل في مجال التهجين وتزاوج الأفراد النقية . كانت طريقة مندل في البحث تختلف عن طرق الآخرين ممن سبقوه كونه اختار نوع واحد من النباتات للعمل وهي نباتات البازلاء (Garden pea) للتهجين بينها بدلاً من تهجين الأنواع المختلفة . أخذ مندل وقت لضمان الحصول على صفات نقية إذ ركز على القليل من الصفات لضمان ثبات الصفات في النباتات التي تعطي وتحمل عدد كبير من الذرية لكل جيل ولعدة أجيال وأعاد هذه التجارب عدة مرات قبل أن ينشر نتائجه . في النهاية طبق مندل الأسلوب الرياضي الذي يعتمد على بيانات كبيرة حصل عليها أو جمعها وشاهدها لكي يشرح النتائج بصورة إحصائية ، وبالتعاقب استطاع استنتاج المواد الوراثية داخل الخلايا قبل معرفته أسس التوارث . بقيت طريقة مندل المثال الأفضل في دراسة الوراثة وبصورة علمية في التوارث سواء في النبات (الذي هو أسهل من التوارث في الحيوان) أو الحيوان . إن النباتات عادة قادرة على التلقيح الذاتي وتعطي أفراداً كثيرة من التزاوج مقارنة بالحيوان كما إن مدى الجيل قصير (الوقت بين إعطاء الآباء للذرية ووقت وصول الذرية لعمر التكاثر) . كانت استنتاجات مندل من خلال عمله على النبات قابلة للتطبيق على الحيوانات . عمل مندل مع الصفات الوراثية البسيطة وقدم معلومات أساسية لقواعد توارث الصفات الوراثية المعقدة . كما إن قوانين مندل اعتبرت الأساس لتفهم وراثه الحيوانات المدجنة .

قانون الانعزال The law of segregation

يعرف قانون مندل الأول بقانون الانعزال (أو الانفصال) لأزواج الجينات (Gene pairs) ، إذ تعرّف الجينات بأنها وحدة الوراثة . ويذكر قانون الانعزال بأن الجينات توجد في أزواج في خلايا الفرد ، وإن أحد أزواج الجينات تنفصل عند تكوين الخلايا الجنسية في الفرد (شكل 2.1)، إذ يكون نصف زوج الجين في خلية جنسية ويكون

النصف الآخر في الخلية الأخرى ، وتسمى الخلايا الجنسية بالأمشاج (Gametes) وهي الوساطة التي تنتقل من خلالها المادة الوراثية من الآباء إلى الأبناء. درس مندل سبع صفات في نبات البازلاء وكانت تظهر في الجيل الأول صفة واحدة من الصفتين المتضادتين ، واطلق مندل علي الصفة التي تظهر في الجيل الأول اسم الصفة السائدة وعلي الصفة التي لا تظهر في الجيل الأول وتظهر في الجيل الثاني اسم الصفة المتنحية. افترض مندل ان كل صفة يتحكم فيها عاملان عامل من كل اب ، فعند تهجين نبات بازلاء ابيض الازهار مع اخر احمر الازهار ، ياخذ كل فرد من افراد الجيل الأول عاملا واحدا لاهدي الصفتين المتضادتين من كلا الابوين ، غير ان الصفة السائدة هي التي تظهر وهذا ما يسمى بالسيادة التامة ، اما العامل المتنحي يعبر عن نفسه في الجيل الثاني عندما يجتمع العاملان المتنحيان في الفرد نفسه.

كان لمعرفة مندل بالرياضيات وقوانين الاحتمالات تأثيرا واضحا في تفسير النتائج التي حصل عليها ، فرمز لكل جين سائد بحرف كبير بينما رمز للجين المتنحي بحرف صغير ، فمثلا عندما درس توريت لون الازهار في البازلاء وجد ان جين لون الازهار الحمراء يسود علي جين لون الازهار البيضاء ، فرمز لجين اللون الاحمر بالرمز R وجين اللون الابيض بالرمز r .

تفسير نتائج تجارب مندل التي ادت الي توصله لقانونه الأول:

الصفات المتضادة : الصفتان المتضادتان هما اللتان لا تظهران في وقت واحد في الطراز المظهري للفرد.

الطراز المظهري : هو الصفات الخارجية للكائن الحي.

الطراز الوراثي او الجيني : هو المكونات الوراثية للكائن الحي التي تحملها صبغياته (ما يحمله الفرد من اليلات).

العاملان المتضادان : هما جينان يشغلان نفس الموضع علي صبغيين متشابهين ويؤثران علي صفة وراثية واحدة بطريقتين مختلفتين.

السيادة : هي الظاهرة التي يكون فيها لاهد الجينين المتضادين القدرة علي التعبير عن نفسه دون الجين المتضاد الاخر ، ويسمي الجين السائد والصفة التي يظهرها تسمى الصفة السائدة.

المتنحي : هي الظاهرة التي يكون فيها اهد الجينين المتضادين غير قادر علي التعبير عن نفسه في وجود الجين المتضاد الاخر ، ويسمي الجين المتنحي ويعبر عن نفسه عند وجوده مع جين متنحي مشابه اخر ، وتسمى الصفة التي يتحكم فيها الصفة المتنحية.

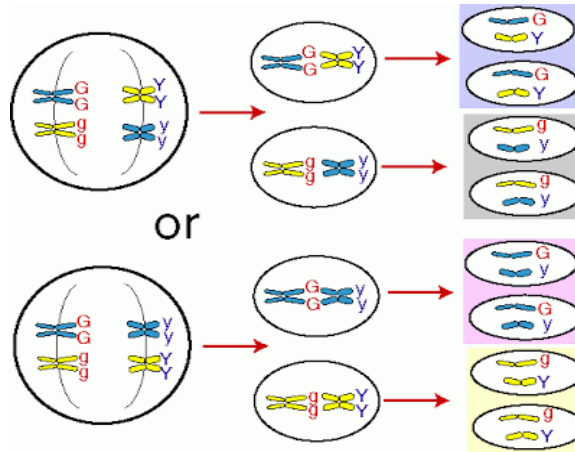
الفرد النقي او متمائل الامشاج (اللوافح) : هو فرد يحمل اليدين متمائلين لصفة ما وينتج نوعا واحدا من الامشاج (الكاميتات) مثل الفرد TT الطويل او الفرد tt القصير فالاول كل امشاجه تركيبها الوراثي T والثاني ينتج امشاج تركيبها الوراثي t .
الفرد الخليط او متباين الامشاج او غير النقي : هو فرد يحمل اليدين مختلفين لصفة ما وينتج نوعين من الامشاج مثلا الفرد الخليط Tt ينتج امشاجا بعضها يحمل الجين T والبعض الاخر يحمل الجين t .

يرمز للفرد النقي متمائل بحرفين متشابهين لبيان تركيبه (طرازه) الوراثي مثلا نبات البازلاء ذو الازهار الحمراء النقي RR وذو الازهار البيضاء يرمز له بالحروف rr اما الفرد متباين الامشاج الذي يحتوي علي جين لون الازهار الحمراء وجين لون الازهار البيضاء فيرمز له بالحروف Rr وذلك لان جين لون الازهار الحمراء السائد يحجب جين لون الازهار البيضاء المتنحي. استنتج مندل بوجود عوامل سماها Particulate وتسمى الآن بالجينات Genes والتي تنتقل من جيل لآخر . بإظهار الصفات الأبوية بدون تغيير قد يحدث أثناء مرورها أو انتقالها خلال تداخل الأجيال . اختبر مندل F_2 من خلال التزاوجات قبل أن يعطي نتائجه (شكل 2-2).

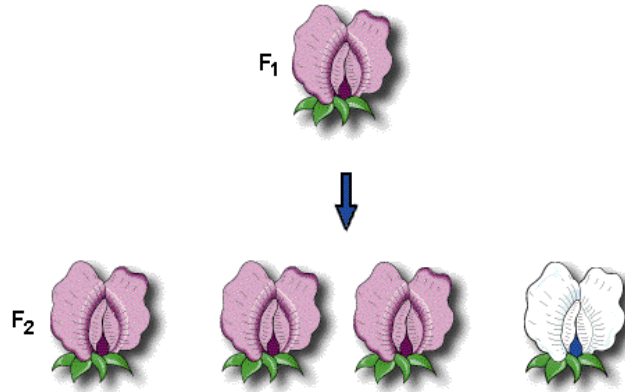
إن الآباء النقية تعرف بجيل الآباء (Parental generation) ويسمى نسلهم بالجيل الأول (F₁) first filial generation

ينطبق قانون مندل الاول على الحيوانات، عند أخذ سلالة من الحيوانات السوداء النقية وجعلها تتزاوج مع سلالة حمراء نقية وأعطت نسلاً فإن ذكور وإناث النسل ستعطي أفراداً تشابه الآباء السود. إن تزاوج سلالتين نقيتين تختلف في صفة فردية واحدة يسمى بالهجين الأحادي ، Monohybrid أو إنه يشمل زوج واحد فقط من الجينات . إن الآباء النقية تعرف بجيل الآباء (Parental generation) ويسمى نسلهم بالجيل الأول (F₁) first filial generation . إذا كانت كل أفراد الجيل الأول سوداء فإن اللون الأسود هو السائد Dominant .

إن التزاوجات بين أفراد الجيل الأول سيعطي الجيل الثاني Second filial generation (F₂) generation وعندما تنتج أعداداً كبيرة من أبناء الجيل الثاني وربما من عدة تزاوجات فسيكون هناك ثلاثة أفراد من الجيل الثاني أسود اللون مقابل فرد أحمر اللون . واللون الأحمر كان مطابق (مماثل) للسلالة الأبوية الحمراء إذا ظهرت مرة أخرى في أفراد الجيل الثاني بعد إن اختفت الصفة في أفراد الجيل الأول .



الشكل 2-1. شرح قانون إنعزال العوامل الوراثية (قانون مندل الأول) إذ أن الجينات توجد في أزواج في خلايا الفرد ، وإن أحد أزواج الجينات تنفصل عند تكوين الخلايا الجنسية في الفرد.



شكل 2-2 . يمثل التزاوجات بين أفراد الجيل الأول (F₁) إذ يعطي الجيل الثاني (F₂) Second filial generation ، سيكون هناك تقريباً ثلاثة أفراد من الجيل الثاني بنفسجي اللون مقابل فرد أبيض اللون

وإذا ما استمرينا مع مثالنا وتم تزاوج الأفراد الحمراء (الذكور مع الإناث) مع بعضهم البعض فسوف يعطون نسل أحمر ، وهذه الأفراد تحمل فقط الجينات ذات اللون الأحمر كما في السلالة الأبوية النقية. هذه الحيوانات هي Homozygous إذ تحتوي زوج من الجينات. إن كل فرد Homozygote (تعني كلمة Homo المتشابهة) (وتعني كلمة Zygote البويضة المخصبة) وإلى أن الفرد ينتج فقط نوع واحد من الأمشاج (Gamete) لهذا الزوج من الجين أو لهذا الموقع الوراثي Locus . يحتاج اختبار

تزاوجات F_2 السود إلى تحديد أي منهما هي نقي homozygote وأيهما هجين heterozygote .

لقد تمت الإشارة إلى F_1 إلى أن اللون الأسود هو السائد على الأحمر وألغى بشكل كامل تأثير الجينات الحمراء (المتنحية recessive) في الحيوان الذي يمتلك زوج غير متماثل من الجينات Heterozygote إن الهجين أو الخليط (Heterozygous) هي كلمتين (Hetero) تعني مختلف ويعطي الحيوان الأسود نوعين من الأمشاج ، نصفها تحمل الجين المسؤول عن اللون الأحمر والنصف الآخر يحمل الجين المسؤول عن اللون الأسود ، لذلك فإن نسل الهجين لا يعطي نسل متماثل وسوف لن يتطلب في اختيار Homozygous الحيوانات السوداء النقية إذ أن تأثير جيناتها السائدة سيظهر في كل أبنائها . إن اختيار تزاوجات الحيوانات السوداء F_2 ستشير بشكل عام إلى أن أفراد F_2 تكون بنسبة 1 نقي أسود Homozygous : 2 هجين أسود Heterozygous : 1 نقي أحمر (Homozygous). إن نتائج اختيار التزاوجات للأفراد الهجينة Heterozygotes كانت دليل مندل على أن الجينات تتواجد على شكل أزواج في الفرد . وهذه الطريقة هي الوحيدة لقابلية الـ Heterozygotes لإنتاج نوعين من النسل وبنسب متساوية . استدل مندل أن الجينات تنفصل أثناء تكوين الأمشاج ، لذلك يعطي الأب أو الأم وينقل واحد من كل زوج من الجينات لكل نسلها ويتم استلام أي من أزواج الجين من قبل النسل بشكل عشوائي. إن إنتاج الأمشاج في الأبقار ذات الجينات ذات اللون السوداء ترمز لها B أما الجينات ذات اللون الأحمر فيرمز لها b . وهكذا استنتج مندل من الجزء الأول لدراسته أن تزاوج أفراد F_1 تعطي نسل تظهر كلا الصفتين وإن نصف الأفراد هجين بينما النصف الآخر يعطي نسل يستلم الصفات السائدة أو المتنحية بحالة نقية (شكل 2-3). إن تزاوج F_1 Bb الهجين الاحادي (Monohybrid cross) ينتج عنه نوعين من الكميات B و b وبنسبة 1 : 1 . لا بد من التعرف على بعض المصطلحات مثلا يشار إلى موقع الجين على المادة الوراثية بالموقع الوراثي Locus وإن أزواج الجينات عند الموقع المحدد ربما تأخذ عدة أشكال ، فعلى سبيل المثال فإن الجينات المسببة للون الأسود أو الأحمر (شكل 2-3). وهذه الأشكال يطلق عليها الحليل أو الأليل Alleles أو Allelomorphs . إن الأليل الذي يلغي تأثير مرادفه يسمى أليل سائد (Dominant) والأليل المخفي يسمى متنحي Recessive . أثناء تكون الأمشاج (Gametogenesis) فإن الأليلات تنفصل إلى خلايا جنسية لذلك فإن الحيمن الذكري (Sperm) والبيضة الأنثوية (Ovum) كل واحد يحتوي على نصف الجينات للفرد. لذلك يطلق على الأمشاج أحادية المادة الوراثية (Haploid) وإن خلايا جسم الفرد هي ثنائي المادة الوراثية (Diploid) وهذا يعني إن

الفرد يمتلك مادة وراثية متكاملة. أغلب الأليلات السائدة تكتب بحرف كبير بينما الأليلات المتنحية فإنها تكتب بحروف صغيرة يستخدم نفس الحرف لكل اليلات الموقع نفسه. (من الشائع في علم الوراثة استخدام الأحرف الكبيرة للإشارة إلى الأليلات السائدة والأحرف الصغيرة للإشارة إلى الأليلات المتنحية.) مثلاً في اللون الأسود يكون الأليل B والأحمر b والحيوان ذو المظهر الخارجي (Phenotype) أحمر يكون تركيبه الوراثي Genotype هو bb وتكون الحيوانات ذات المظهر الخارجي أسود إما BB أو Bb حسب اختبار النسل المستعمل للتمييز بين نوعي التركيب الوراثي والرمز B- غالباً ما يستعمل لتحديد حيوان ذو مظهر خارجي سائد (أسود) وتركيب وراثي غير معروف. إن عملية تكون الأمشاج موضحة في الشكل 1-2 بدأت المشكلة بالظهور عند تحديد أي جينات تنتقل من الحيوان إلى ذريته. لا توجد صعوبة مع الفرد النقي المتنحي Recessive مثل الأحمر على سبيل المثال، لكن الأفراد ذات المظهر الخارجي السائد ربما يضلل فقد يكون الأفراد Heterozygote ونسله لا يكون متجانس. هذه المشكلة دائماً تظهر في الدراسات الوراثية التي تتضمن السيادة، لذلك لابد من دراسة عدة أجيال قبل أن يستنتج ماهية التركيب الوراثي إذا استعمل الفحص الاختباري Test cross للتمييز بين الأفراد النقية السائدة أو الهجينة المشتركة أو المتشابهة في المظهر الخارجي.

ثلاث انواع من التراكيب الوراثية: Three Types of Individuals

اسود نقي Homozygous Dominant, Black BB

اسود هجين Heterozygous, Black Bb

احمر نقي Homozygous Recessive, bb

لذلك:

هناك احتمال 6 انواع من التزاوج Six Fundamental Types of Mating

BB x BB $\longrightarrow$ BB (100%)

BB x bb $\longrightarrow$ Bb (100%)

Bb x Bb $\longrightarrow$ BB (25%), Bb (50%), bb (25%) (Monohybrid cross)

bb x bb $\longrightarrow$ bb (100%)

BB x Bb $\longrightarrow$ BB (50%), Bb (50%)

Bb x bb $\longrightarrow$ Bb (50%), bb (50%)



Black, BB

Black, Bb

Red, bb

شكل 2-3 . انواع التراكيب الوراثية الثلاث للون الجلد في الماشية

aternal	B	B
ternal	B	B
B	BB	Bb
b	Bb	Bb

شكل 2-4 . مربع بنت Punnett لتزاوج أفراد الجيل الأول الهجينة لموقع وراثي واحد (هجين احادي) .

قانون التوزيع المستقل The Law of Independent Assortment

وضح مندل سلوك الجينات المسيطرة على أكثر من صفة . ان دراسة هذه الصفات أدت إلى ظهور القانون الثاني ، قانون التوزيع المستقل الذي ينص على أن الجينات المسيطرة على صفات منفصلة (على موقعين في كروموسومات مختلفه ، و منفصله / منعزله) تنعزل بشكل مستقل . في سلالة خنازير الهامبشاير (Hampshire) الأليلات السائدة تسبب حزام أبيض حول الجسم ، هذا الأليل يرمز له W وزميله الأليل المتنحي (بدون حزام أبيض) يرمز له w . إذا تم تزاوج السلالة النقية الحمراء (bb) والتي تتميز بحزام أبيض حول الجسم (bbWW) مع سلالة نقية سوداء اللون بدون حزام أبيض على الجسم BBww فإن أفراد الجيل الأول F_1 ستكون BbWw ذات لون أسود وحزام أبيض ، لكن ماذا يتوقع من أفراد الجيل الثاني F_2 ؟

إذا كانت الجينات مستقلة وتنعزل طبقاً لقانون مندل الأول تعطي نسبة وراثية 1 : 2 : 1 . النسب الوراثية لأفراد الجيل الثاني F_2 ستكون بنسب 3 أسود : 1 أحمر و 3 ذات

حزام ابيض : 1 غير محزم . حاصل ضرب هذه النسبتين تنتج أفراد F_2 النسب المظهرية 9 أسود ذات حزام ابيض : 3 اسود غير محزم : 3 أحمر ذات حزام ابيض : 1 أحمر غير محزم. الاشتقاق الجبري لنسب أفراد الجيل الثاني F_2 من تزاوج هجين ثنائي dihybrid cross ($BbWw$) إذ يرمز الجين B إلى الأليل المسبب للون الأسود وأليله الأحمر b ويرمز الجين إلى الأليل المسبب للحزام الأبيض حول الظهر وأليله w بعدم وجود الحزام الأبيض على الظهر ستكون النسب كما يلي:

9 أفراد سائدة للفتتين .

3 أفراد سائدة للصفة الاولى. $B-ww$

3 أفراد سائدة للصفة الثانية. $bbW-$

1 فرد متنحي للفتتين . $bbww$

تعتمد الطريقة التي يتفاعل بها الأليلين B و b في الموقع الوراثي الاول و W و w في الموقع الوراثي الثاني لهجين ثنائي يمكن عمل تهجينات أكثر تعقيداً من خلال مربع بونيت للجينات المستقلة عن بعضها البعض. إن تزاوج F_1 $BbWw$ الهجين الثنائي (Dihybrid cross) ينتج 4 أنواع من الكميات BW و Bw و bW و bw وبنسبة

1 : 1 : 1 : 1

	BW	Bw	bW	Bw
BW	BBWW	BBWw	BbWW	BbWw
Bw	BBWw	BBww	BbWw	Bbww
bW	BbWW	BbWw	bbWW	bbWw
bw	BbWw	Bbww	bbWw	Bbww

شكل 2 - 5. مربع بنت Punnett لتزاوج أفراد الجيل الأول الهجينة لموقعين وراثية .

انحراف التعبير الجيني عن الوراثة المندلية

السيادة المتكافئة Codominance

لو كان مندل قد اختار العمل مع لون الأبقار شورت هورن (Shorthorn) لأعتقد بنظرية الامتزاج (Blending Theory) في التوارث. عند تسفيد النوع النقي الأحمر من الأبقار شورت هورن مع أفراد النوع النقي الأبيض فإن الجيل الأول F_1 متجانس ولا تشبه أي من الأبوين فقد كان الجيل الأول بلون طوبي (Roan) والذي هو غالباً ما يوصف بوجود كل من الشعر الأبيض والأحمر معاً (شكل 6-2) ومع ذلك فإن دراسات الجيل الثاني F_2 قد أظهرت نسلأ بنسبة 1 أحمر : 2 طوبي : 1 أبيض ، التي لا تدل على إن ذلك ضمن توقعات قانون مندل الأول بسبب عدم ظهور سيادة تامة للون

الأحمر . اذ إن الأفراد الهجينة (Heterozygote) لها أنماطها المظهرية والتي تختلف من الأفراد النقية (Homozygote) وهذه الحالة تعرف بالسيادة المتكافئة . Codominance



شكل 2 - 6. اللون الطوبي في سلالة الشورتهورن Shorthorn.

الأليلات المتعددة Multiple Alleles :

لقد تم مناقشة وجود زوج من الأليلات فقط في كل موقع وراثي وفي الواقع قد تكون هنالك أليلات عديدة في أي موقع منفرد في عشيرة أو مجموعة من الحيوانات ومع ذلك فإن كل فرد قد يملك زوج من الأليلات (الجينات) في أي موقع مادامت الأفراد ثنائية المجموعة الوراثية Diploid كمثال على الأليلات المتعددة ، يوجد في مواقع وراثية في الكلاب فاللون الأشقر أو الأسمر tan (كاللون الناتج من التعرض لأشعة الشمس صيفاً) أو لون شامل لجميع أجزاء الجسم اللون الثاني ناتجة عن فعل اثنان من الأليلات في الموقع الوراثي A^s المتغلب أو السائد على جين اللون الأسمر a^t أما الأليل الثالث في الموقع فهو a^y المسؤول عن اللون الغامق dark سائدة على a^t والمتنحي أمام A^s يمكن أن تكتب السيادة كالاتي $A^s > a^y > a^t$ إن الأليل a^y عندما يكون ذو جينات متجانسة (فرد نقي $a^y a^y$) تعطي لون أسمر متجانس يسمى Sable . لاحظ بأن أغلب الأليلات السائدة تعطي حروف كبيرة للإشارة إلى الموقع الوراثي مرفوعة لحروف صغيرة هي للتفريق بين الأليلات المتعددة وأدناه جدول لتزواج الأنماط الشكلية المظهرية لمواقع الأليلات المتعددة .



شكل 2-7. الأليلات المتعددة للون الجلد في الكلاب.

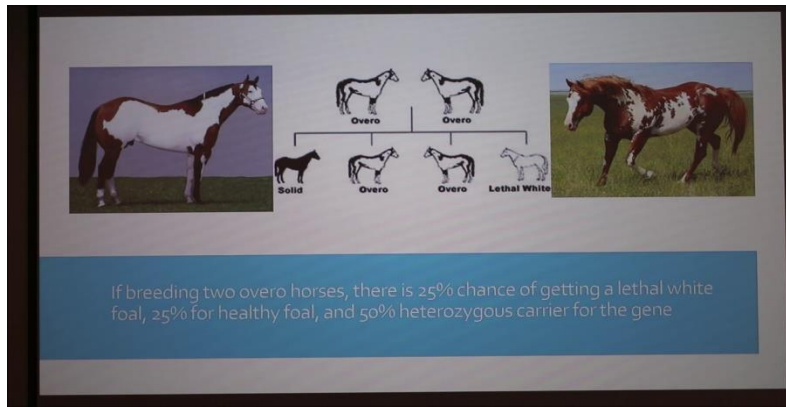
وكمثال آخر على الأليلات المتعددة في موقع وراثي واحد هو فصيلة الدم A، B، AB، O، اذ ينتج عدد من فصائل الدم البشرية عن أكثر من نوعين من الأليلات. ويقال أن هذه الصفات لها أليلات متعددة لتلك الصفة. هناك 3 أليلات مختلفة لفصيلة الدم i^A ، i^B ، i . ان كل من i^A و i^B سائد على i . وان i^A ، i^B هي الأليلات ذات سيادة متكافئة (الشكل 8 - 2)

Blood Type	Genotype		Can Receive Blood From:
A	$i^A i^A$ $i^A i$	AA AO	A or O
B	$i^B i^B$ $i^B i$	BB BO	B or O
AB	$i^A i^B$	AB	A, B, AB, O
O	ii	OO	O

شكل 2-8. الأليلات المتعددة لموقع في موقع وراثي واحد (Diploid) لفصائل الدم في الانسان وعلاقتها بفصائل الدم.

7-2 : الموروثات او الجينات المميتة Lethal Genes :

أثبتت جينات معينة بأنها مميتة للأفراد من خلال تورثها في الأفراد النقية المتنحية ، إن فقد الذرية أو النسل قد يحدث في بعض الأحيان خلال الحمل أو الولادة أو بين الميلاد ووصول الذرية إلى عمر التكاثر وكمثال حول فقد المبكر للجنين غالباً ما تكون مرتبطة مع سيادة توارث اللون الأبيض للخيول ، فالأليلات في هذا الموقع تحدد ما إذا كان الحيوان يكون أبيضاً أو ملون ، فتزاوج الخيول ذات الأنماط الجينية البيضاء (الهجينة Ww) السائدة سوف تنتج عدد 2 فرد بيضاء وفرد ملون واحد . والشكل الآتي يوضح الاحتمالات :



وهذه توضح إن الإثبات لعملية الموت تأتي ليس من النمط المحتمل فقط ، ولكن من نسب النسل الحقيقي وهذه النسب تختلف عن المتوقعة زوج من الأليلات في موقع وراثي تحت السيادة البسيطة (كما في قانون مندل الاول). وإن النسب الواقعية تثبت بأن جميع الخيول البيضاء هي الهجينة (Ww) تظهر الأنماط المظهرية السائدة ولكن تحمل الأليلات المتنحية (w) . لماذا ينتجون نسبة ذرية 2 أبيض إلى 1 ملون بدلاً من 3 : 1 (كما في قانون مندل الاول) ؟ إن الاستنتاج هو بأن الافراد البيض المتوقعة (ww) لا تظهر كنسل حي وبما أن جميع التزاوجات تظهر بأن الحيوانات البيضاء هجينة فإن الأمهر/الحيوانات المفقودة يجب أن تكون بيضاء في حالة نقية (ww). وعلى ما يبدو على إنها تفقد في الأرحام (Utero) ولذلك فإن نسبة النمط المظهري لا يشكل 1 : 2 : 1.

الجينات المتعددة التأثيرات Pleiotropic effects

تعد جينات القرون في الماعز مثال جيد في التأثير المتعدد للجينات . الماعز الحلوب بدون قرون قد يكون محبذ في العديد من الدول لانه لا يسبب أذى بسبب وجود القرون . لذلك يفضل الأفراد عديمة القرون في برامج التحسين ، ولكن لوحظ عند تزاوج الأفراد

العديمة القرون حصول على نتائج غير مرغوبة وفيها الذكور عديمة القرون يتيح نسبة 3 عديمة القرون : 1 ذات القرون حسب قانون مندل وبهذه النسبة يتضح بأن الآباء كانت هجينة (Pp). وهناك مجموعة من الأبناء تكون عديمة القرون ولكن لها أعضاء جنسية ذكورية وأنثوية Intersex وتكون غير قابلة للإخصاب والتكاثر . وقد يفسر سبب انخفاض عدد الإناث هو ظهور المجموعة التي تحمل الأعضاء الذكورية والأنثوية معاً. ويقود إلى الاستنتاج بأن الإناث عديمة القرون بحالة نقية تقود إلى الإناث بشكل غير طبيعي مسبب العقم وحالة ازواج الأعضاء الذكورية والأنثوية . وعلى ضوء ذلك تكون نسب الإناث 2 عديمة القرون : 1 ذو قرون : 1 تداخل الأعضاء الذكورية والأنثوية . لذلك فإن التأثير المتعدد للجين (Pleiotropy) هو عبارة عن ظاهرة تأثير الجين على أكثر من صفة واحدة وهو محتمل حدوثه ، إذ أن عدد كبير من الجينات لها ناتج وهذا قد يؤثر أو يدخل في العديد من التفاعلات في جسم الكائن الحي . تنقية الماعز لصفة عدم وجود القرون غير متبعة بسبب المشاكل التي تتسبب من ظهور أفراد ذات أعضاء ذكورية وأنثوية معاً ، كما إن الذكور النقية (PP) لها نسبة خصوبة منخفضة ويبقى القرار للمربي لذلك فالأفضل هو استعمال ذكور عديمة القرون مع إناث ذات قرون في تحديد طرق التزاوج .

تعبير الجين المتغير Variable Expressivity

في حالة توارث الصفة غير الطبيعية في أقدام الأبقار والخنازير المعروفة بقدم البغل Mulefoot إذا تتأثر بالليلين في موقع وراثي واحد . يكون الجين سائد في الخنازير ومتنحي في الأبقار . في حالة الأفراد الحاملة للجين (في حالة السيادة) أو الأليلين (في حالة الجين المتنحي) فإن ظهور حالة قدم البغل قد تكون لواحد أو اثنين أو ثلاثة أو كل أقدام الفرد وهذا ما يعبر عنه بأن نفس التركيب الوراثي يتغير فيه تعبير الجين للصفة . على ضوء اختبار النسل وجد إن التراكيب الوراثية التي تملك قدم البغل تظهر الحالة بشكل متفاوت من 1 إلى 4 وتضيف هذه الحالة تعقيد لتوارث مثل هذه الصفات .

التعبير غير السائد Incomplete penetrance

التعبير المختلف لبعض الصفات الوراثية يؤدي إلى حيرة وشك في وراثة الصفة . في المثال السابق إن صفة قدم البغل في الأبقار متنحية ، ففي الأفراد النقية التي تظهر بعض الدرجات (الحالة Mulefootedness) بالمقارنة هناك بعض الصفات عندما لا تظهر التراكيب الوراثية لا تظهر المظهر الخارجي نهائياً إذ تظهر الحيوانات طبيعياً (Normal) تعدد الأصابع (Polydactylous) في الطير (الذي عنده مخلب زائد) الأليل لهذه الصفة عادة يسلك كصفة سائدة في اختبارات التربية (Breeding test) . الأليل السائد يعبر عن نفسه في المظهر الخارجي لكل طير يمتلكه هناك على أي حال

بعض الأمثلة الموجودة في الطيور التي تعطي غالباً ذرية تمتلك أصابع زائدة . عند تزاوج آباء طبيعية مع إناث طبيعية تعني إنها مماثلة لهذا الأليل حتى عندما تكون قدمها طبيعية تماماً . الجين المسؤول عن صفة تعدد الأصابع يقال عنه في هذه الحالة بأن التركيب الوراثي لا يعبر عن جوهره في المظهر الخارجي ويمكن أن تحسب باستخدام نسبة مئوية من الذرية التي يجب أن تظهر 100% ذرية متعددة الأصابع وكمثال تكون نسبة ظهور الحالة بنسبة 70% أي لكل 100 من الذرية (الأبناء) يلاحظ فيهم 70 طير متعدد الأصابع في مظهرها الخارجي . إدخال الأليل أو (دخوله) يقال عنه 70% .

الاختلافات في نسب الصفات الثانوية

Variations in dihybrid ratios

إن مضاعفات السيادة المتكافئة **variable expressivity codominance** والتعبير غير السائد **incomplete penetrance** ممكن أن تؤثر في نتائج أو نسب تزاوج الأفراد الهجينة لموقعين وراثيين dihybrid فعندما تكون صفة مرتبطة بجينات مميتة سوف تختفي من ناتج أفراد الجيل الثاني F_2 لذلك فإن تغير النسبة عن النسب المندلية ملاحظ في المثال السابق في الخيول البيضاء فإن التركيب الوراثي WW مميت . الأليل للشعر المجعد curly hair موجود في الخيول وهو سائد على الأليل C للشعر الطبيعي السرح . عند تزاوج الأفراد الهجينة (WwCc) فإن نسبة النسل تكون 2 Ww 1 : ww لموقع اللون وتعطي نسبة 1 CC : 2 Cc : 1 cc . موقع نوع الشعر هذه للموقعين تكون كالآتي :

2	لون أبيض شعر مجعد	2WwCC
4	لون أبيض شعر مجعد	4WwCc
2	لون أبيض شعر سرح	2Wwcc
1	لون ملون شعر مجعد	1wwCC
2	لون ملون شعر مجعد	2wwCc
1	لون ملون شعر سرح	1wwcc

والمظاهر الخارجية تكون بنسبة :

- 6 أبيض مجعد
- 3 ملون مجعد
- 2 أبيض سرح
- 1 ملون سرح

في الجيل الثاني يمكن أن تكون النسب غير واضحة ويمكن شرح السبب إلى أنه إذا أخذ بنظر الاعتبار الموقع الوراثي الأول (موقع اللون) فهناك 8 أفراد بيضاء : 4 أفراد

ملونة إذ تعني معدل 2 : 1 والتي تقترح وجود جين مميت بينما موقع نوع الشعر تعطي 9 مجعد Curly : 3 سرح Straight أو 3 : 1 وهي نسبة مطابقة لقانون مندل الأول .

التفوقية أو التفاعل الجيني بين المواقع الوراثية المختلفة Epistasis 1- التفوقية السيادة المتكافئة epistatic co-dominance

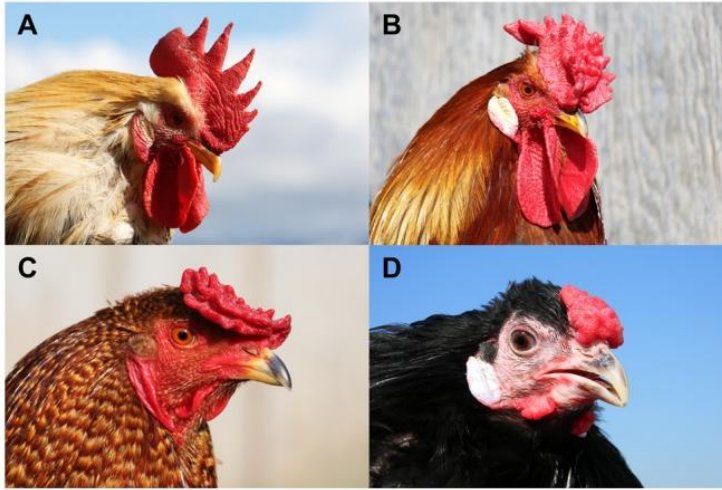
مصطلح يشير إلى التفاعل بين اليلات جينات المواقع الوراثية المختلفة . كان شكل الورد لعرف الدجاج Rose-comb (الشكل 9-2) أحد الصفات الصبغية السائدة التي استخدمها ويليام باتسون William Bateson في بحثه التي وصف التوارث المنديلي في الحيوانات لأول مرة. ربما حدثت هذه الطفرة في وقت مبكر من عملية تدجين الدجاج ، حيث إنها منتشرة بين مجموعات الدجاج التي نشأت في كل من آسيا وأوروبا (إذ كان شكل عرف الدجاج البري مفرد Single-combed wild-type) (الشكل 9-2). بعد سنوات قليلة من الوصف الأول لطريقة وراثة شكل عرف الورد ، أبلغ باتسون عن أول حالة للتفاعل بين الجينات Epistatic interaction between genes حيث أظهروا أن الأفراد الذين يحملون أليلا شكل الورد Rose-comb وأليل شكل البازلاء Pea-comb يظهران النمط الظاهري لعرف شكل الجوز walnut-comb. تم وصف عرف الورد في العديد من السلالات ويظهر تباينًا ظاهريًا واسع النطاق. يشير تباين شكل عرف الورد إلى أن شكل العرف يتأثر بعدة جينات ويمثل نموذجًا ممتازًا لدراسة التفاعلات بين الجينات ذات السيادة المتكافئة (similar to "co-dominance"). يسمح الجين المسمى Rose (R) بنمو عرف عريض ومعقد بدلاً من العرف المسطح البسيط. يتحكم جين يسمى Pea (P) في حجم العرف ، مما يجعله صغيرًا. وهناك أربعة أنماط ظاهرية للعرف في الدجاج من الموقعين الوراثيين عرف الورد Rose-comb وعرف البازلاء Pea-comb وتفاعلهم.

(A) ذكر من النوع البري مفرد العرف (rr pp) ، Single-combed wild-type male

(B) ذكر شكل العرف الورد (R- pp) ، Rose-combed male

(C) ذكر شكل العرف البازلاء (rr P-) ، Pea-combed male و

(D) ذكر شكل العرف الجوز (R- P-) ، walnut-combed male .



شكل 2-9. الأنماط الظاهرية للعرف في الدجاج.

2 - التفوقية المتنحية Recessive epistasis

إن الأبهق albino ينتج عندما يكون الفرد نقي للجين المتنحي الذي يمنع تكوين الصفة في أي مكان في الجسم لتلك الجينات لهذا الموقع تمنع ظهور اللون حتى على المواقع الوراثية الأخرى . وكمثال على ذلك صفة لون القطة إذ يعتبر الأليل c مسؤول عن صفة الأبهق albino واليله الجين C لصفة اللون فضلاً عن هذا الموقع الوراثي فيوجد في موقع وراثي آخر B يعطي لون أسود و b يعطي لون بني . القطة ذات التركيب الوراثي C تكون ملونة والذي يحدد اللون هو الجين B وتكون ألوان التراكيب الوراثية كالاتي : تزواج أفراد الألبينو فيما بينها يعطي فقط ألبينو إذ لا يوجد أليل في موقع C وعند تزواج الأبهق مع ذكر ملون فإن النسل الناتج يكون متنوع بين الأبهق أو الأسود أو البني بسبب انتقال الجين b أو B من الموقع الآخر . إذ يسيطر الجين من الموقع الثاني على الفرد الأبهق حتى لو كان نقي وهنا توضح سيادة الجين من الموقع B على الموقع الوراثي لجينات الموقع الوراثي الثاني (الأبهق) تزواج بين أفراد هجينة CcBb في القطط تعطي النسب :

4 ألبينو --cc : 3 بني C-bb : 9 أسود C-B-

نلاحظ هذه النسبة تتحقق بصورة كبيرة 1 : 3 : 3 : 9 المتوقعة .

3- التفوق السائد Dominant epistasis :

ومثاله صفة توارث اللون الأبيض ، الأسود والبني في الأغنام إذ أن جين اللون الأبيض السائد لتلك التراكيب الوراثية WW و Ww تعطي لون أبيض والفرد ذو التركيب الوراثي ww يكون ملون وقد يتأثر بجين من موقع وراثي آخر هو B ويكون الفرد أسود إذا كان تركيبه الوراثي B- و بني إذا كان bb في الموقع الوراثي الثاني وجد أنه عند تزاوج فرد هجين BbWw أبيض اللون فإن الناتج سيكون 12 أبيض (-W--) : 3 أسود (B-ww) : 1 بني (bbww) .

المحاكاة Mimic effects

عند وجود عدة أليلات في مواقع وراثية مختلفة لها نفس التأثير في اظهار صفة معينة (أو مظهر خارجي وهناك 3 حالات لهذه الحالة نستعرضها كالآتي)
المثال 1: موقعين وراثيين ويكون كلا الأليلين متنحية إذ تعطي نسبة 7 : 9 في الجيل الثاني هناك جين مسؤول عن نعومة وكثافة عالية (مخمل) الفرو في الأرانب rex rabbits أمام الفرو الطبيعي . عند تزاوج أرانب rex مع بعضها يختفي الفرو الناعم الكثيف في كل ذرية الجيل الأول تمتلك أو تكون فرو fur طبيعي بالرغم من الحقيقة إنه الرئيسي يكون متنحي قد يستدل من هذا التوارث وجود موقعين وراثيين لكلاً منهما يحاكي كلاً منهما تأثير الآخر في الطرز المظهرية لذلك الأليل في المواقع المختلفة يعطي نفس المظهر الخارجي . إذ يكون الأليل R مسؤول عن الفرو الطبيعي والـ r للأليل للفرو الناعم الكثيف (مخمل) ويرمز لأليلات الموقع الثاني بالرقم 1 و 3 . في الجيل الثاني يعطي نسبة 9 طبيعي fur : 7 فرو مخمل. هناك ثلاث طرق للحصول على فرو مخمل في الجيل الثاني F₂ وهي r₁r₁ ، r₃r₃ و r₁r₃r₃ .

المثال 2: تمتلك ماشية اللحم هيرفورد Hereford والسمنتال H&S Simmental لون وجه أبيض وعندما تخطط مع ماشية من نوع أنكس (Angus) التي تمتلك لون في الوجه (أسود) تعطينا أفراد الجيل الأول ذو وجه أبيض لذلك فالوجه الأبيض يبدو متغلب على لون الوجه الملون ، على أي حال هناك بقعة صغيرة في الوجه ذات لون أبيض للذرية الناتجة من هيرفورد مع الأنجس بصورة أكبر من الذرية الناتجة بين السمنتال مع الأنجس . لذلك هناك الشك بأن السلوك الوراثي للتراكيب الوراثية للسلاطين مختلف ، الذرية الناتجة من الهيرفورد مع السمنتال تكون ذات وجه أبيض عند تزاوج أفراد الجيل الأول لهذا الهجين مع الأنكس . تكون الذرية تقريباً بنسبة تزيد عن 3 أفراد وجه أبيض إلى 1 ذات وجه ملون لذلك إن توارث صفة لون الوجه الأبيض مختلفة وزنياً عما متوقع في الفحص الاختباري Test cross لو كان موقع

وراثي واحد باليلين تسيطر على هذه الصفة كما إن التوقع يكون مغاير لوجود عدة أليلات في موقع وراثي لأن أفراد الجيل الأول الهجينة في هذه الحالة ستحمل أليل وأفراد الجيل الثاني تكون حاملة لأحد أليلات الوجه الأبيض. كيف سيكون تزاوج أفراد الجيل الأول وهل إن نتائجها متطابقة مع نظرية إن هناك موقعين وراثيين للوجه الأبيض ؟ يرمز للهيرفوردي تركيب وراثي HHss والسمنتال hhSS عندما يكون H الأليل المتغلب للهيرفوردي ذو الوجه الأبيض S الأليل المتغلب للون الوجه لنوع السمنتال . في أفراد الجيل الأول HhSs . الوجه الأبيض بسبب وجود كلا الأليل المتغلبين . التراكيب الوراثية لقطيع الأنكس hhss وإن الفحص الاختباري لأفراد الجيل الأول مع الأنكس كالآتي :

$$HhSs \times hhss \text{ ستكون الأبناء}$$

1 وجه أبيض بمساحة واسعة 1HhSs

1 وجه أبيض كالهيرفوردي 1Hhss

1 وجه أبيض كالسمنتال 1hhSs

1 وجه ملون 1hhss

وبنسبة 3 بوجه أبيض : 1 وجه ملون توضح موقعين وراثيين لكل منهما أليل متغلب للون الوجه الأبيض . عند تزاوج أفراد الجيل الأول F_1 (HhSs) سيكون أفراد الجيل الثاني بنسبة :

9 لون وجه أبيض بمساحة واسعة

3 لون وجه أبيض كالهيرفوردي

3 لون وجه أبيض كالسمنتال

1 لون وجه ملون

أي 15 لون وجه أبيض : 1 لون وجه ملون .

المثال 3: تزاوج تراكيب وراثية ذات السيادة في موقع وراثي مع تركيب وراثي متتحي في موقع آخر في الدواجن ولعدد من السلالات مظهر خارجي للون الأبيض . من قواعد وراثة الدجاج التي منها لون سلالة الكهرون الأبيض . وعند تزاوجها مع الوايندوتس Wyandotts الأبيض سوف يعطي أفراد F_1 أبيض على الرغم من أن بعض الأفراد ذات الألوان . اللون في السلالتين يعرف بأنه مختلف وراثياً بسبب أنها تعطي نتائج مختلفة عند تزاوجها مع طيور ملونة من سلالات أخرى . الطيور الكهرون تعطي ذرية بيضاء مرقطة (Fleck) بلون قليل . ذلك يشير إلى أن الأليل

المسؤول عن اللون الأبيض سائد بينما الوابندوت الأبيض يعطي ذرية ملونة في الخلط مع سلالة ملونة ، معنى ذلك إن الأليل المسؤول عن اللون الأبيض المتنحي . الوابندوت الأبيض المتنحي للون (C) لذلك التركيب الوراثي الوابندوت الأبيض يمثل على شكل cc للكهورن الأبيض هو عبارة عن أليل في نفس الموقع F_1 . عند تزاوج اللكهورن الأبيض مع الوابندوت الأبيض فإن الطيور الناتجة بيضاء وقد تحتوي على بقع خفيفة من اللون ، وهذا ممكن أن يدعم نظرية إن الأليل في نفس الموقع . بالرغم من أن ظهور بقع من اللون غير منتظمة وفي أفراد F_2 يفترض أن تكون جميعها بيضاء إذا كانت الفرضية صحيحة . الشكل 2-10 يبين النسبة 13 طير بعضها ذات بقع ملونة : 3 طيور ملونة وبهذا فإن نظرية الموقع الواحد مستبعدة ، وعليه فإن الاحتمال هو وجود موقعين وراثيين . الأليل المتنحي في الوابندوت الأبيض موجود في موقع بينما الجين المتغلب في اللكهورن الأبيض في موقع آخر . عند خلط الأفراد الهجينة سوف يعطي نسبة 3 بيضاء : 1 لكهورن ملون في موقع وراثي : 3 وايندوت ملون : 1 وايندوت أبيض في موقع آخر . وعند إيجاد حاصل ضرب هذه الاحتمالات نحصل على الآتي :

3 لكهورن أبيض : 1 ملون × 3 ملون وايندوت : 1 أبيض

= 9 لكهورن أبيض / ملون

3 لكهورن أبيض / وايندوت أبيض

3 ملون / ملون

1 ملون / وايندوت أبيض

الأبيض في أي موقع يسيطر على تطور اللون في الريش لذلك 13 من هذه الطيور سوف تكون بيضاء لكل 3 ملونة لذلك نلاحظ نسبة 13 : 3 في F_2 إذ يلاحظ إن تزاوج الطيور البيضاء مع المرقطة ستكون النسبة 7 بيضاء : 6 بيضاء مرقطة : 1 ملون . الشكل 2-10 يوضح سلوك هذا التوارث F_1 في الحقيقة زوج من المواقع الوراثية يرمز لها IiCc عندما تمثل I الجين المثبط للأليل الذي يعطي اللون الأبيض في دجاج اللكهورن ممكن أن تكون صبغة (C-) بالرغم من أن I الأليل يمنع تكوين الصبغة بسبب إن التأثير التفوقي epistatic ليس سائد تماماً في التراكيب الوراثية الهجينة لذلك تكون الصبغة قليلة . يجب أن نتذكر الأليلات في مواقع مختلفة ممكن أن تعطي صفات وراثية ذات طرز مظهرية لا يمكن التمييز بينها .

الجينات المحورة Modifying genes

من المعروف أن التبقع في ماشية الهولشتاين (Holstein) تحدد بواسطة أليل متنحي هذا الأليل ثابت في الهولشتاين . التبقع في أبقار الهولشتاين مختلف ولا توجد أفراد

متشابهة بدرجة كبيرة في التبع ، بعض الهولشتاين لها سواد كبير وغيرها يسود البياض فيما معظمها بين الأثنين . الاختلاف بالتبع White spotting سببه جينات أخرى في مواقع مغيرة تأثير الجين في الموقع الأول . موقع واحد ممكن أن يحدد هل هناك تبع أو لا . هذا هو الجين الرئيسي (Major gene). موقع آخر يحدد كم وأين في الجسم توجد البقع وهذه هي الجينات المحورة . هناك درجات للتبع Spottedness توضح إنه ليس فقط واحد أو اثنين ولكن هناك عدة مواقع لتمديد درجة التبع . الصفات التي تتحكم بعدد محدد من المواقع مثل كل أليل يمتلك تأثير في الطرز المظهرية والفرد ممكن أن يصنف على أساس الطرز المظهرية في عدد محدد من المجاميع يطلق عليه الصفات النوعية (Qualitative traits) . في الحالات عندما هنالك عدة مواقع ، وعدة درجات من الطرز المظهرية مع تأثير ضئيل لأليل يعمل مع صفات كمية (Quantitative traits) . الصفات مثل اللون ونوع الشعر تعتبر صفات نوعية في حين تكون صفات إنتاج الحليب معدل النمو وكفاءة التحويل الغذائي هي صفات كمية ولكلا الصفتين النوعية والكمية فإن قوانين مندل لتوارث الصفات تبقى نافذة .

تأثير المحيط على الصفات

Phenocopies and Environmental effects

ليست جميع الاختلاف في الصفات المظهرية نتيجة لعوامل وراثية على سبيل المثال الحرارة ممكن أن تؤثر في تطور الجين ، المحيط أو العوامل البيئية يؤثر أحياناً على مرحلة واحدة في التطور والذي يمكن أن يتأثر أيضاً بأليل بسبب مظهر غير طبيعي . فالصفات المظهرية الناتجة بسبب الظروف البيئية التي تشبه تأثير الأليل المعين يطلق عليها بالمحاكاة والمظهر الخارجي يسمى Phenocopy أي المظهر الخارجي الناتج بسبب عوامل بيئية ومشابه للمظهر الخارجي المتسبب من أليل معين لا تنتقل للذرية هو حدث في وقت معين يؤثر على المظهر الخارجي ولكن لا يسبب انتقال التغير في التركيب الوراثي . المحيط يؤثر في المظهر الخارجي لعدة صفات ويجب أن يعتبر عامل خارجي كما هو الحال في الحرارة ، ولكن هناك عوامل أخرى داخلية إذ يؤثر الجين في موقع آخر مثل جنس الفرد . الفصل التالي سوف يناقش فكرة تأثير المحيط على المظهر الخارجي بصورة أكثر تفصيلاً .

الكشف عن الحيوانات الحاملة للجينات المتنحية

Testing for carriers of Recessive Alleles

الحيوانات التي تكون هجينة لجين متنحي تعد حاملة للأليل أو لاتظهر الصفة المتنحية . إن الكشف عن هذا الجين مهم في برامج التربية والتحسين الوراثي ، فمثلاً الأفراد الحاملة للجين الخاص بعدم وجود القرون في الأغنام أو الماعز (وهو متغلب أو سائد)

يسيطر عليها أليلات في موقع وراثي. وإن عدم وجود القرون PP polled هي صفة متغلبة على ذات القرون horned pp (the horned gene is recessive) لذلك فإن الأفراد ذات القرون تكون نقية الجينات المتنحية ، وإن الفرد عديم القرون قد يكون هجين أو نقي الجينات (Pp أو PP) . لذلك فإذا ما أريد التأكد من الفرد عديم القرون فإنه هجين أو نقي يتطلب فحص نسله . فإذا ظهر فرد ذو قرون لأب عديم القرون فإن الأب سيكون هجين . لفحص فرد عديم القرون ناتج من آباء عديمة القرون فإن الأب المراد تشخيص تركيبه الوراثي يفحص (يزاوج) مع إناث ذات قرون . وإن ولادة أي نسل له قرون يؤكد بأن الأب هجين . لكن عند ولادة أفراد من النسل عديم القرون فإنه قد يتطلب عدد منها للتأكد باحتمال محدد بأن الأب نقي الأليلات . إذا كان الحيوان حامل للجين المتنحي فإن نصف الأمشاج سوف تملك الأليلات المسؤولة عن القرون و نصف الأليلات مسؤولة عن عديمة القرون .

التطبيق العملي Practical implication

هذا الفصل توسع عن قوانين مندل الوراثة لكي يتضمن تعقيدات السلوك الوراثي عند وجود أكثر من موقع واحد خارج الموقع السائد البسيط أو التغلب البسيط . وللمهتمين بعلم وراثية الحيوان لكي يمتلكون قاعدة يحتاجونها في ممارستهم لتحليل السلوك الوراثي للصفات التي تسيطر عليها عدة جينات مع تأثير كبير لبعضها . بصورة عامة إن طريقة أي صفة جديدة يجب أن تخضع بالمراحل الآتية :

جمع العينات والملاحظات المتراكمة .

1- وضع الفرضية وكلما تكون الفرضية أبسط يكون أفضل .

2 - خطط لتزاوجات مع تحديد أكثر النتائج المتوقعة التي تعتمد على الفرضية أو البحث

3- تجمع بيانات أكثر وأكثر .

4 - اختبار الفرضية (قبولها أو رفضها) وفي رفضها يعني تطور فرضية أخرى وتعداد الخطوات من الخطوة رقم 3 .

الخلاصة :

عمل مندل بوراثة الصفات من نباتات بازلاء نقية وتكونت عنها قانونين لمندل . الأول يفترض أن الجينات تشارك وموجودة على شكل أزواج في كل فرد تنفصل إلى كميات هذه الكميات تحمل واحد من أزواج الجينات . قانون مندل الثاني في الوراثة يطبق في دراسة الصفات المسيطر عليها بواسطة زوج مستقل من الجينات وهو يفترض أن هذه الجينات تسيطر بصورة مستقلة على الصفات المنعزلة بصورة مستقلة . الانعزال في موقع جين لا يؤثر على الانعزال في الثاني .

يمكن أن يكون تأثير الجين gene action في موقع واحد بعدة أنواع هي :

1- التغلب البسيط simple dominance : عندما يكون الفرد AA و Aa تظهر الصفة المتغلبة والفرد يظهر صفة aa المتنحية .

2- السيادة المتكافئة codominance : عندما تكون الأفراد AA و Aa و aa صفات مظهرية متميزة .

3- التغلب مع أو بدون سيادة خلال عدد من الأليلات في الموقع الواحد .

4- الجين المميت في واحد أو أكثر من genotype . الذرية التي تحتوي على genotype مميت ممكن أن تموت في أي مرحلة من الحمل أو بين الولادة وعمر النضج الجنسي . المرحلة التي فيها الموت ممكن أن يؤثر في نسبة الذرية الملاحظة . العامل المتغلب A المميت يستبعد من القطيع بسرعة لكونه يظهر كل الأشخاص الذين يموتون .

5- الجينات المتعددة التأثيرات Pliotropic effects : تأثير تركيب وراثي أو موقع وراثي معين من عدة صفات مظهرية .

6- اختلاف التعبير في الصفات إما لدرجة كبيرة أو أقل في الطرز المظهرية .

7- التعبير غير السائد Incomplete penetrance : في هذا النوع التراكيب الوراثية لصفة معينة قد لا تعبر عن الطرز المظهرية بشكل ثابت .

8- التفوقي السائد Dominant epistasis : مثال وجود جين متغلب في موقع وراثي ثاني A يحدث تأثير على جميع أليلات الموقع الوراثي الأول .

9- التفوقية المتنحية Recessive epistasis : عندما يكون موقع وراثي نقي متنحي ss يحدث تأثير على كل أليل في موقع آخر ويؤدي إلى تأثير في الصفات للأليل في الموقع الثاني .

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الثاني.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 2.

Mendel's Two Laws

- Law of Segregation: Mendel's first law, law states that when gametes are formed, the genes at a given locus separate so that each is incorporated into different gametes.
- **Law of Independent Assortment:** Mendel's second law, it says that in the formation of gametes, separation of a pair of alleles is independent of the separation of other pairs.

Production of Gametes

- Gametes produced by testicles are sperm
- Gametes produced by ovaries are eggs (ova)
- Spermatogenesis: production of sex cells
- Meiosis: unique type of cell division in which gametes (sperm or ova) are formed.

Fertilization

- Union of sperm & egg, establishment of paired condition of the chromosomes
- Zygote is termed "diploid" (double) because it has chromosomes in pairs. Diploid is a term that refers to the presence of two complete sets of chromosomes in an organism's cells, with each parent contributing a chromosome to each pair. Sexually reproducing organisms are diploid (having two sets of chromosomes, one from each parent). In humans, only the egg and sperm cells are haploid. Humans are diploid, and most of the body's cells contain 23 chromosomes pairs.
- One member of each pair is from the sire and the other from the dam
- Gametes have only 1 member of each chromosome pair, and termed "haploid" (half). Haploid refers to the presence of a single set of chromosomes in an organism's cells.

A dihybrid cross is a breeding experiment between two organisms which are identical hybrids for two traits. In other words, a dihybrid cross is a cross between two organisms, with both being heterozygous for two different traits.

Genetics: branch of biology dealing with heredity and variation in plant and animal species.

Heredity: transmission of traits from parent to offspring

Animal Breeding:

The application of the principles of genetics (molecular, quantitative, and population genetics) and statistics for improving farm animals

Qualitative vs. Quantitative Traits

Qualitative: Influenced by one or a small number of genes (Color, eye color, = Categorical trait). Phenotype = genotype (100% heritable).

Quantitative: Phenotype = performance. Inherited differently, many genes involved, Measurable traits, Phenotype = genetics + Environment

Why study genetics of domestic livestock?

1. Appreciation for the diversity of life
2. Improved animal performance \$\$
3. Artificial manipulation of genetics \$\$
4. Efficiency of production \$\$

Trait:

Any observable or measurable characteristic of an individual.

• Examples of observable traits:

- Coat color
- Size
- Muscling
- Leg conformation

• Examples of measurable traits:

- Weaning weight
- Pounds of milk
- Egg production
- Staple length

Phenotype:

- An observed or measured level of performance for a trait.
- Examples:
 - Horned, polled
 - Hide color
 - Weaning weight, ex. 554 lbs.
 - Wither height
 - Litter size

Chromosome: the DNA-containing structures in cells; composed of segments called genes.

Gene: a short segment of a chromosome; genes direct the synthesis of proteins or perform regulatory functions.

Bases: one of four chemical units on the DNA molecule that form combinations that code for protein manufacture. The four purine bases

are adenine (A), cytosine (C), guanine (G), and thymine (T).

Genome: entire genetic material of an animal.

Genotype: Genetic makeup of that individual DNA (deoxyribonucleic acid), complex molecule composed of nucleotides joined together with phosphate sugars.

Principles of Genetics

- Mendelian inheritance - law of segregation and independent assortment.
- Population genetics - Hardy-Weinburg: frequency of genes.
- Quantitative genetics – most important; marker-assisted selection, transgenic animals, gene mapping
- Recombinant genetics - genetic engineering/DNA technology, provides a link between the analysis of proteins and genes.

What are Dominant Genes? Dominant Genes = one gene overshadows the other

Angus Cattle: black is dominant, red is not (Pp), Hereford: white face is dominant (Ww),

What are Recessive Genes? The gene that is overshadowed by a dominant gene. Recessive genes can only express themselves if both genes are recessive. Black wool vs white (Ww) (ww).

Punnet Square

• If a homozygous black cow (PP) is mated to a homozygous red bull (pp), what percent of the calves will be black and red?

What is Codominance ?

- If both genes express themselves
- Shorthorn Cattle: Red male mated to a White female = Roan calf
- $RR + WW = RW$

	P	P
p	P p	P p
p	P p	P p

References

- 1-Bruford, M. W., Catarina, G., Irene, H., Stephane, J. and *et al.* (2015). Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources, 2015–2025. *Front Genet.* 6, 314.
- 2-Dominic Fasso. 2016. *Textbook of Animal Genetics and Breeding.* Syrawood Publishing House.
- 6-Franz Pirchner. *Population Genetics in Animal Breeding.* 2012. Springer US.
- 3-Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to quantitative genetics.* 4th edition, Harlow, United Kingdom.
- 4-Kor Oldenbroek en Liesbeth van der Waaij. 2014. *Textbook animal breeding. Animal breeding and genetics for BSc students.* Centre for Genetic Resources and Animal Breeding and Genomics Group, Wageningen University and Research Centre, the Netherlands.
- 5-Richard M. Bourdon. *Understanding Animal Breeding.* 1997. 1st edition.
- 6-Singh, C.V. *Animal Breeding and Genetics.* 2015. New India Publishing Agency. Daya Publishing House.
- 7-Van der Werf. (2007). *Design and optimization of animal breeding programmes.*
- 8-Van Vleck, L.D., Pollak, E.J. and Oltenacu, E.A.B. (1987) *Genetics for the animal sciences.* W. H. Freeman, New York.

Chapter 3 الفصل الثالث

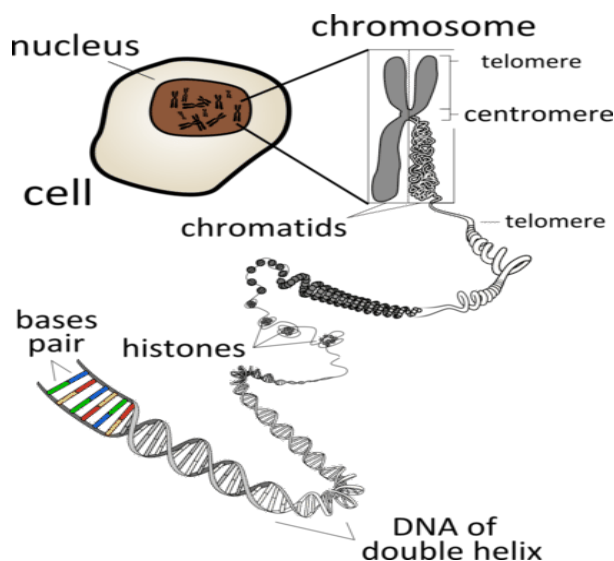
الكروموسومات (الصبغيات) وسلوكها الوراثي

Chromosomes and Their Behavior

اكتشاف الكروموسومات

The discovery of chromosomes

لم يكن العالم مندل يعلم شيئاً في الطبيعة الفيزيائية للمكونات الجينية عندما أعلن قوانينه الوراثة المعتمدة على جمع بيانات عدة سنين وتحليلها عام 1865. في عام 1900 ، أعيد اكتشاف نتائج مندل إذ نجح العلماء بملاحظة مكونات الخلية باستعمال الميكروسكوب (المجهر) على الرغم من أنهم لم يعرفوا وظائفها . وقد سبق ذلك في عام 1880 ، عندما لاحظ Flemming وجود تجمعات خيطية داخل نواة الخلية عندما استعمل صبغة تمتص من قبل تلك التجمعات ، وبسبب لمعان هذه التجمعات أسماها بالكروماتين (Chromatin). تم إعادة تسمية الكروماتين بالكروموسومات (Chromosomes) من قبل العالم Waldeyer في عام 1888 (شكل 1-3).



شكل 3-1 . مكونات الخلية.

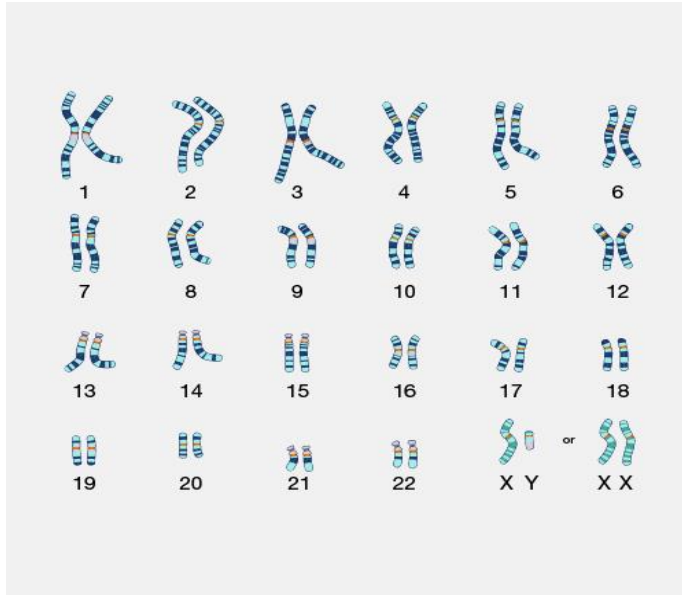
وفي عام 1908 حدد Walter Sutton بأن الكروموسومات حوامل المعلومات الوراثة اعتماداً على الأدلة الآتية :

- 1- النطفة (الحيمين) والبويضة فقط يربطان جيل بآخر لذلك وجب أن يحتويان كل المعلومات اللازمة لتكوين الفرد .
- 2- الحيامن تتكون تقريباً كلياً من مواد نووية (Nuclear) وربما تلعب نفس الدور الذي تضطلع به البويضة بتكوينها الكامل (النواة والسايكوبلازم) لذلك فإن النواة يجب أن يكون الموقع الذي يحتوي على المواد الوراثية .
- 3- أظهرت الملاحظات أن الكروموسوم ينقسم انقساماً دقيقاً والذي يعد ضرورياً في عملية نقل المعلومات الوراثية .
- 4 - الكروموسومات والعوامل التي حددها مندل موجود بهيئة أزواج .
- 5 - الكروموسومات والعوامل التي حددها مندل تنعزل إلى خلايا مختلفة عند عملية تكوين الأمشاج (Gametogenesis) .
- 6- انعزال الكروموسومات يكون بشكل مستقل بعضها عن البعض الآخر مستوفية بذلك قانون مندل الثاني .

كروموسومات أنواع الحيوانات الداجنة

Chromosomes of domestic species

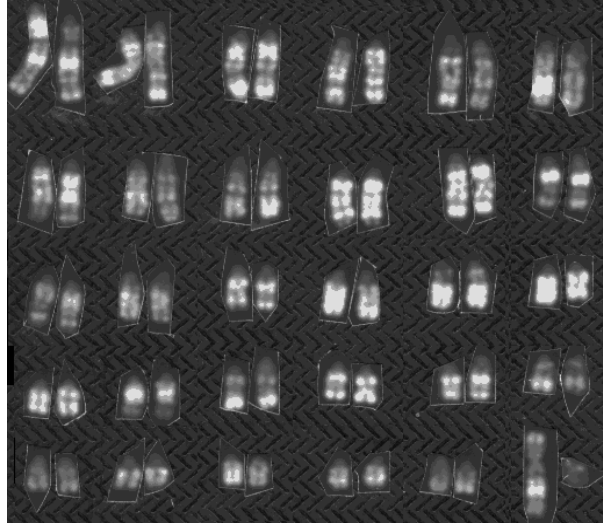
أجريت الدراسات الأولية للكروموسومات على أنواع مختبرية لا سيما الحشرات . وبتطور تقنيات تحضير الخلايا أمكن دراسة أنواع عديدة من الكائنات الحية ، إذ يتم إيقاف عملية الانقسام الخلوي ويتم تصبيغ الخلية بصبغات خاصة بعد وضعها على الشريحة لتدرس تحت المجهر . نجح Tijio و Levan في عام 1956 في تحديد العدد الدقيق لكروموسومات الإنسان . يتبين من الرسم التوضيحي للكروموسومات في الشكل 2-3، عدد الكروموسومات وشكلها (Karyotype) في الإنسان 22 زوجاً من الكروموسومات الجسدية وزوج واحد من الكروموسومات الجنسية.



شكل 3-2. عدد الكروموسومات وشكلها في الانسان.

The typical human karyotypes contain 22 pairs of autosomal chromosomes and one pair of sex chromosomes

ليس لعدد الكروموسومات علاقة بمستوى الكائن الحي على مقياس التطور فبعض الكائنات البسيطة لها أعداد كبيرة عند الكروموسومات والعكس صحيح. البكتريا والفيروسات هي حالة استثنائية للقاعدة العامة القائلة بأن الكروموسومات موجودة بشكل أزواج لأنها تمتلك خيط مفرد دائري الشكل للمادة الوراثية . كروموسومات الماشية وكروموسومات الأغنام والماعز متشابهة تمامًا. تحتوي الماشية والماعز على 60 كروموسومًا ، وجميعها متطابقة تقريبًا ، باستثناء الكروموسومات الجنسية X و Y . كروموسوم X في الماعز هو Acrocentric بينما في الماشية (Sub-metacentric) و Y كروموسوم أصغر بكثير من الماشية. اما في الاغنام فقد تم العثور على نفس الاختلافات في الكروموسومات الجنسية ، ولكن بالإضافة إلى ذلك ، هناك ثلاثة اندماج للسنترومير (Three centromere fusions) اذ تم دمج الكروموسومات ، 3/1 و 8/2 و 11/5 مقارنة مع تلك الموجودة في الماشية والماعز. لذلك فإن الأغنام لديها 54 كروموسوم فقط.



شكل 3-3. كروموسومات الماشية $2n=60$

يملك الدجاج 39 زوجًا من الكروموسومات ($2n = 78$). يتم تنظيم الجينوم على شكل ثمانية أزواج من الكروموسومات الكبيرة المتميزة خلويًا ، والكروموسومات الجنسية Z و W وثلاثين زوجًا من الكروموسومات الصغيرة التي يصعب تمييزها خلويًا. يختلف تصنيف كروموسومات الدجاج حسب الباحث. يصنفها البعض على أنها 6 أزواج من الكروموسومات الكبيرة ، وزوج واحد من الكروموسومات الجنسية ، أما الأزواج الـ 32 المتبقية فهي متوسطة أو كروموسومات دقيقة. الترتيبات الأخرى مثل تلك المستخدمة من قبل الاتحاد الدولي لتسلسل جينوم الدجاج (Chicken genome) تتضمن خمسة أزواج من الكروموسومات الكبيرة ، وخمسة أزواج من الكروموسومات الوسيطة ، وثمانية وعشرين زوجًا من الكروموسومات الدقيقة.

كما يحتوي الديك الرومي على عدد الصبغيات من 80 ($2n = 80$) كروموسوم.

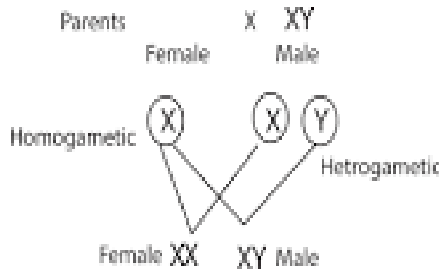
الكروموسومات وتحديد الجنس

Chromosomes and sex determination

بعد ازدياد الأنواع المدروسة من الكائنات الحية للكروموسومات وجد الباحثون استثناء للقاعدة القائلة بأن كل الكروموسومات موجودة بهيئة أزواج متماثلة (متناظرة) في نفس النوع. إذ يمتلك أحد الجنسين كروموسومات متناظرة بينما الجنس الآخر يمتلك كروموسوم واحد ليس له رديف متناظر أو له رديف غير متناظر في أحد أزواج الكروموسومات في صنف اللبائن. يمتلك الذكر أزواج متماثلة من الكروموسومات

ولكن أحدها غير متناظر (Unmatched pair) بينما في صنف الطيور الأنثى هي التي لها زوج غير متناظر .

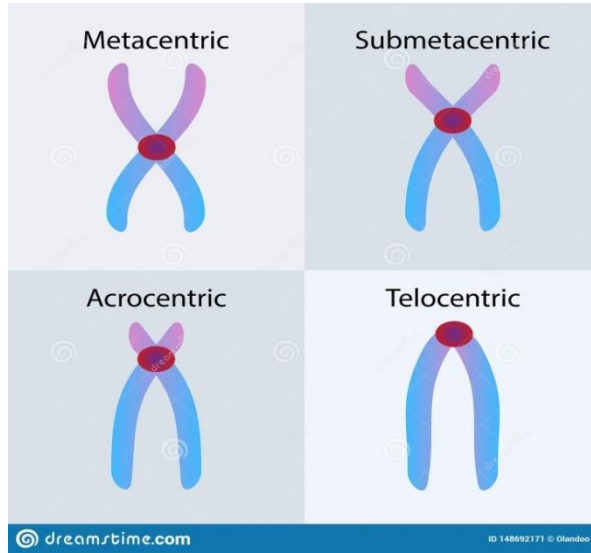
في عام 1896 ، قال Wilson أن تحديد الجنس لا يحدد بالوراثة وإنما بالظروف الخارجية – الحرارة - الغذاء – المناخ إلا أنه وفي عام 1909 عدل رأيه تماماً إذ أعلن أنه ما من شك أن الجنس هي صفة وراثية ، لذلك فإن تحديد الجنس يكون من قبل كروموسوم الجنس الحاوي على مادة وراثية والذي يمكن رؤيته بالمجهر . أن في بويضة اللبائن كروموسوم X كما في الماشية وسمي كذلك بسبب شكله الذي يشبه حرف X في أصناف عديدة ، لذلك فإن الأنثى تكون متماثلة الكميات (Homogametic sex) بينما الذكر يدعى متغاير الكميات (Heterogametic) إذ أن نصف النطف تحتوي كروموسوم X والنصف الآخر يحمل كروموسوم Y (لأنه يحتوي على كروموسومات X و Y) لذلك فإن الحيمن (الذكر) هو المسؤول عند تحديد جنس الجنين . الحيمن الذي يحوي كروموسوم Y سوف ينتج مولوداً ذكراً (XY) لأن البويضة تحوي كروموسوم X بينما الحيمن الذي يحوي كروموسوم X سوف ينتج مولوداً أنثى (XX) إذ أن الكروموسوم X الثاني هو من البويضة (شكل 3-4). على العكس من اللبائن فإنه في الطيور الذكر متماثل الكميات بينما الأنثى متغاير الكميات وإن الكروموسوم الجنسي في الطيور يشار إليه Z و W إذاً فالذكر يكون ZZ والأنثى تكون ZW . وفي بعض الأصناف هنالك العديد من الكروموسومات الجنسية غير الاعتيادية الترتيب . تفتقر الأسماك إلى وجود الكروموسوم الجنسي واضح المعالم . لذلك تمتلك هذه الكائنات جنس غير ثابت ممكن أن يتغير جنسها خلال حياتها . في مثل هذه الكائنات هناك اعتقاد بأن هذه الجينات الجنسية Sex genes موزعة على الكروموسومات الجسمية (Autosomes) بدلاً من وجودها على كروموسوم الجنس.



الشكل 3-4. يوضح بان الأنثى تكون متماثلة الكميات Homogametic sex بينما الذكر يدعى متغاير الكميات Heterogametic

أشكال الكروموسومات Chromosomes morphology

إن تسمية الكروموسومات الجنسية يعكس أشكالها في بعض الأنواع Species على الرغم من اختلاف أشكالها مع تباين الأنواع ، أما بقية الكروموسومات (الكروموسومات الجسمية Autosome) تمتلك أيضاً أشكال مميزة تختلف باختلاف الأنواع . إن الرسم التوضيحي للكروموسومات (Karyotype) يمثل الكروموسومات أثناء انقسامها إذ يتم إيقاف عملية الانقسام في الوقت الذي تكون فيه الكروموسومات قد ضاعفت نفسها (قبل المضاعفة تسمى الكروماتيد المتأخية (Sister chromosome) خلال ذلك تبقى مرتبطة مع بعضها بواسطة الجسم المركزي (Centromere) وهو التخصر الملاحظ في كل كروموسوم . يتم تصنيف الكروموسومات على أساس موقع السنترومير (Centromere) ، إلى أربعة أنواع. (يمكن تصور السنترومير بسهولة على أنه المنطقة الأكثر تضيقاً في الكروموسوم الانقسامي المكثف). إذا وقع الجسم المركزي في الوسط يسمى الكروموسوم وسطي التخصر (Metacentrics) بينما إذا ابتعد عن المركز يسمى الكروموسوم ذي التخصر بعيد المركز (Submetacentric) وإذا كان بعيداً جداً عن المركز فيسمى الكروموسوم ذي التخصر قريب الطرف Telocentric وإذا وقع التخصر في نهاية الكروموسوم يسمى طرفي التخصر (Acrocentric) وفي الأخير يكون هنالك دائماً قطعة صغيرة من الكروموسوم بعد التخصر وكما موضح في الشكل 5-3.



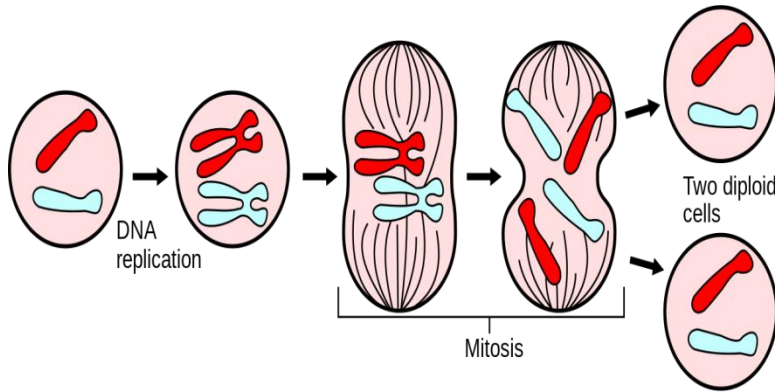
شكل 5-3 . تصنيف الكروموسومات إلى أربعة أنواع حسب موقع السنترومير.

انقسام الخلية الجسمية (الانقسام الخيطي)

Somatic cell division mitosis

الانقسام الخيطي هو عملية مستمرة لخلايا الجسم مضاعفة نفسها كجزء من عملية النمو وإدامة الجسم.

أدوار الانقسام الخيطي (Mitosis) : خلال الطور البيني (Interphase) وهو أطول الأدوار تضمحل الكروموسومات وتصبح غير مرئية ، عند انقسام الخلية تتكثف الكروموسومات وتصبح مرئية ، وفي هذه المرحلة تكون الكروموسومات قد ضاعفت نفسها وتظهر كزوج كروماتيد متآخ مرتبط بواسطة الجسم المركزي . الجسم المركزي ينقسم ويفصل سامحاً لكل كروماتيد بالتحرك إلى قطب من أقطاب الخلية ، في هذه المرحلة نلاحظ وجود ظفيرة في الخلية مكون من ألياف تتحرك من كل جسم مركزي إلى نقطة في قطبي الخلية Centriol. عند هذه اللحظة يكون الغشاء النووي قد اختفى. تقوم هذه الألياف بجمع الكروماتيد بعيداً عن منتصف الخلية إلى أقطابها وعندها تختفي ، ثم يتكون غشاءين نوويين جديدين والنتيجة ظهور خليتين بدلاً من الخلية الأولية (شكل 6-3).



شكل 3 - 6 . انقسام الخلية الجسمية (الانقسام الخيطي)

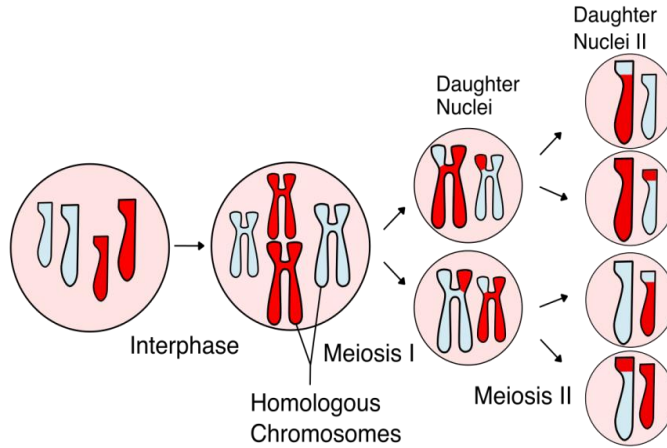
انقسام الخلية الجنسية (الانقسام الاختزالي)

Reproductive cell division meiosis

هنالك خطوة اضافية يتميز بها هذا النوع من الانقسام الذي يحدث في الخلايا الجنسية أثناء عملية تكوين الأمشاج (Gametogenesis) وهي الاختزال إذ لا تحصل في الانقسام الخيطي لذا فالخلايا الناتجة ، الحيامن والبويضات (الأمشاج) سوف تحتوي

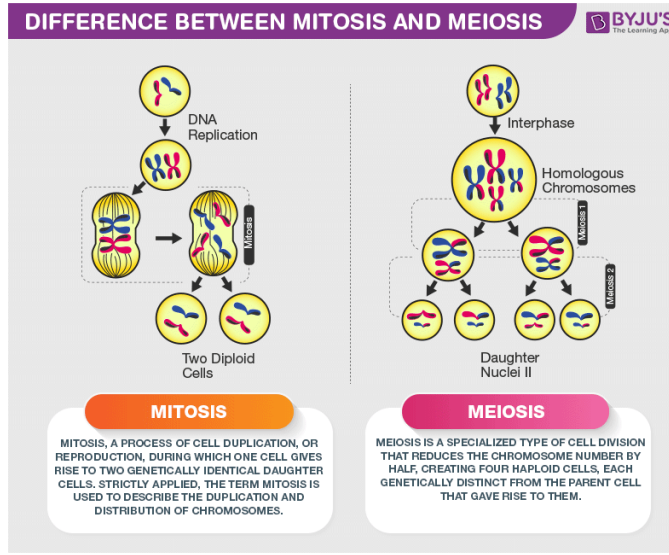
على نصف العدد من الكروموسومات لذا يسمى هذا النوع من الانشطار بالاختزالي والذي يمر بمرحلتين :

1- انشطار اختزالي أولي (Meiosis I) في العدد إلى نصف الكروموسومات : كل فرد من زوج الكروموسومات يتوزع أو ينتظم على طول الآخر فيكون كل فرد من زوج الكروموسومات مقابلاً للآخر لكونه أربعة كروماتيدات يعرف بالرباعي Tetrad (شكل 7-3) ، وفي هذه المرحلة الأولى تنفصل الكروموسومات المتأخية إلى خليتين جديدتين بطريقة يضمن أن كل فرد من زوج الكروموسومات يذهب إلى خلية جديدة على العكس من الانقسام الخيطي الذي ينفصل فيها الكروماتيد . وبنهاية هذه المرحلة 2- تحصل على خليتين تحتويان على نصف العدد الأصلي من الكروموسوم . انشطار عادي للخلية إلى خليتين Meiosis II في هذه المرحلة ينفصل الكروماتيد ، كما يحصل في الانقسام الخيطي والاختلاف فقط أن الانقسام هنا يشمل نصف العدد من الكروموسومات الناتج من المرحلة I . فتكون النتيجة أربع خلايا تحتوي نصف العدد من الكروموسومات للخلية الأبوية .



شكل 3-7. انقسام الخلية الجنسية (الانقسام الاختزالي)

في الشكل 8-3. يمكن ملاحظة الفرق بين انقسام الخلية الجنسية (الانقسام الاختزالي) وانقسام الخلية الجسمية (الانقسام الخيطي).



الشكل 3-8. الفرق بين انقسام الخلية الجنسية (الانقسام الاختزالي) وانقسام الخلية الجسمية (الانقسام الخيطي).

أحداث عند الإخصاب Events at fertilization

الإخصاب هو العملية التي تعيد العدد الأصلي لمجموعة Diploid لكروموسومات الخلية حيث تتحد نواة الحيمن التي تحتوي على نصف العدد الأصلي من الكروموسومات بنواة البويضة التي تحتوي على نصف العدد أيضاً فتكون النتيجة استعادة العدد الأصلي للكروموسومات. عند دخول الحيمن للبويضة يتم اتحاد نوية النطفة (الحيمن) مع نوية البويضة وتكون الزايكوت تبدأ بالانشطار الخيطي لتكوين الجنين. تنتج الأنثى بيضة واحدة في بعض الأصناف في وقت معين لذا تسمى أحادية الإباضة monotocous كما في الإنسان والمواشي والخيول بينما تقوم بعض الإناث بإنتاج أكثر من بيضة في نفس الوقت فتسمى متعددة الإباضة (Polytocous)، وهذه يمكن أن تنتج ولادات متعددة وتسمى توائم ثنائية وثلاثية ورباعية كما في الكلاب والقطط والخنزير، وقد تحدث ولادة توأمية في الأنواع أحادية الإباضة (مثل الماعز والاعنام) وإذا نتجت هذه الولادات من تلقيح بويضات متعددة فإن الذرية (الأبناء) تكون أخوة (Dizygotic twin) أو (Fraternal) لانتشابه تماماً لأنه لكل منهم تركيبه الجيني المنفرد على الرغم من مشاركتهم لنفس الظروف داخل الرحم، بينما إذا كانت الذرية قد نتجت من انقسام الزايكوت (البويضة المخصبة) فستكون التوائم متماثلة تماماً (Monozygous أو Identical) لأنها ستشترك بنفس المادة الجينية. تسمى توائم

النوع الأول بالتوائم غير المتماثلة بينما تسمى توائم النوع الثاني بالتوائم المتماثلة والذي يشير إلى حقيقة تأصل هذه التوائم من بيضة مخصبة واحدة . تستغل هذه المواليد المتماثلة وراثياً عادة في دراسة الصفات الإنتاجية تحت ظروف بيئية متباينة .

أخطاء الانقسام الاختزالي Errors of cell division

لنقل المعلومات الجينية بصورة تامة يجب أن يتم الانشطار الاختزالي بدقة متناهية . ولكن قد تحصل أخطاء أثناء عملية تكوين الأمشاج وتأثير هذه الأخطاء يمكن أن يلاحظ على بعض الأفراد. أما الأخطاء التي تحدث في الانقسام الخيطي فإن تأثيرها لا يمتد لأبعد من خلية أو خليتين . ومن أخطاء الانقسام الاختزالي الآتي :

1- تعدد الكروموسومات (Polyploidy): يعني تعدد مجاميع الكروموسومات أكثر من زوجين ، قد تكون ثلاثة أو أربعة . إن مثل هذه النتيجة تحدث من اتحاد مشيج ثنائي مجموعة الكروموسومات Diploid . ونتيجة عدم حدوث انشطار اختزالي مع مشيج أحادي الكروموسوم Monoploid ينتج زايكوت ثلاثي الكروموسوم (Triploid) . تعدد الكروموسومات المحدث كيميائياً في النباتات ممكن أن ينتج فصائل وهجائن مفيدة . في الأفراد رباعي المجموعة الكروموسومية Tetraploid لا توجد مشكلة كما في ثلاثي الكروموسوم عند عملية الانقسام الاختزالي ، لأن الكروموسوم يمتلك القابلية على الأزواج ولذلك تستمر عملية تكوين الأمشاج ويكون تكاثر الفرد طبيعي . يمكن أن ينتج هجين مخصص من رباعي الكروموسوم . بينما يكون الهجين ثلاثي المجموعة الكروموسومية عقيم عادةً ، لأن هناك عدم تكافؤ في أعداد المجاميع الكروموسومية يمنع ازدواج الكروموسوم أثناء عملية تكوين الأمشاج . ، إن تعدد الكروموسومات بصورة عامة يكون قاتل في الحيوانات ، لذلك لا يمكن الاستفادة من هذه العملية كما في النباتات لإنتاج الهجن .

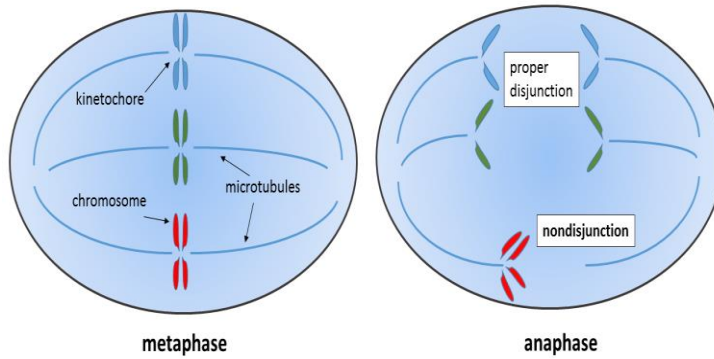
2- زيادة الكروموسوم Polysomy: يلاحظ في صورة الكروموسومات Karyotype في بعض الحيوانات هناك فقدان لكروموسوم معين Monosomic وفي فرد آخر زيادة في أحد الكروموسومات Trisomic. بعد التلقيح تكون إحدى الخلايا ناقصة كروموسوم فتسمى Monosomic وهي عادة غير حيوية لأنها تفتقد لكثير من المعلومات الجينية ولكن الثانية تحتوي على نسخة زائدة من الكروموسوم فتسمى Trisomic .

3- انعدام الكروموسوم Nullosoy: والتي تتمثل بفقدان زوج كامل من الكروموسوم في الفرد وهي حالة مميتة عادةً .

فقدان التوازن في الكروموسومات الجنسية

Imbalance of the sex chromosomes

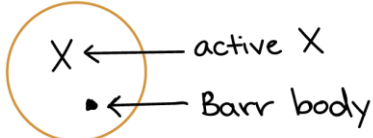
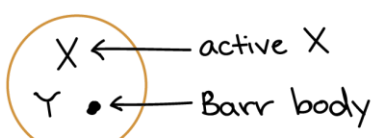
إن وجود كروموسوم X إضافي هو استثناء للقاعدة التي تنص على أن زيادة كروموسوم يكون مميتاً. إن زيادة كروموسوم X قد يحدث عدم توازن ولا يؤدي إلى الموت ولكن يؤدي إلى العقم. إن زيادة أو تعدد كروموسوم فردي، ينتج من عدم انفصال أزواج الكروموسومات Nondisjunction والذي اكتشف لأول مرة عام 1916 من قبل العالم Bridges (شكل 3-9).



شكل 3-9. عدم انفصال أزواج الكروموسومات Nondisjunction

إن السبب الذي يكمن وراء الحقيقة المتمثلة في تحمل زيادة الكروموسوم X. بسبب طبيعة نشاط وتأثير الجينات على هذا الكروموسوم. إذ أن الحالة الطبيعية للفرد مختلف الأمشاج Heterogametic Sex له نقص في المادة الوراثية مقارنة بالجنس الآخر متماثل الأمشاج Homogametic Sex لأن متماثل الأمشاج يحمل من المواقع الوراثية loci ويؤثر على عدة صفات وذلك لأن كروموسوم X كبير وكروموسوم Y صغير ولا يحمل جينات عديدة. أظهرت دراسة الخواص الصبغية لنوى Nuclei للخلايا الذكرية والأنثوية وجود مواد قابلة للصبغة بصورة كثيفة موجودة في الأفراد متماثل الأمشاج Homogametic سميت الكروماتين الجنسي Chromatin sex وهو غير موجود في الأفراد مختلفة الأمشاج، كما إن هناك تقنيات أظهرت وجود مركبات نووية تسمى أجسام بار Barr bodies موجودة في النواة. يلاحظ أن عدد هذه الأجسام التي درست في القطط أقل دائماً بواحد عن عدد كروموسومات X في الخلية، ولذلك ففي نواة الأفراد مختلفة الأمشاج لا يوجد جسم بار (نسبة للعالم Barr) بينما يوجد واحد فقط

في الأفراد متماثلة الأمشاج ، ولذلك يمكن الاعتماد على وجود أو عدم وجود جسم بار في تحديد جنس الجنين . ففي الفرد xxy يوجد جسم بار واحد (شكل 10-3) .

XX female	
XY male	
XXY male (Klinefelter)	
XXX female (triple X)	

شكل 3-10. أجسام بار Barr bodies الموجودة في النواة.

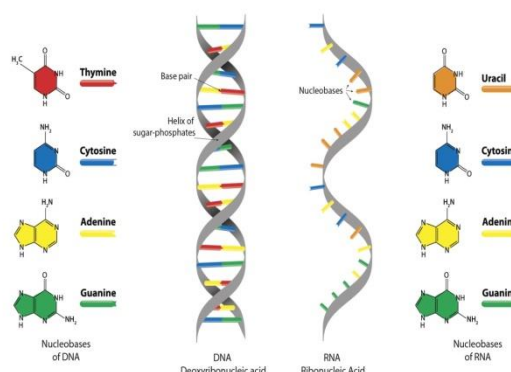
فعالية الجين خلال التطور Gene activity during development

إن عملية خمول الكروموسوم هو حدث غير اعتيادي. إن جميع المواقع الوراثية على الكروموسومات الجسمية تكون خاملة أو فعالة في أوقات مختلفة ومحددة من تطور الكائن الحي من البويضة المخصبة إلى الجنين وإلى البلوغ الجنسي والجسمي. إن عملية تطور الزايجوت إلى جنين ثم إلى فرد كامل هي عملية منظمة بصورة دقيقة جداً والتي من خلالها تتكون أعضاء عالية التخصص تحتفظ بوظائفها المتعددة خلال حياة الفرد ومن هنا تأتي أهمية وجود جينات خاصة نشطة لذلك ، ولهذا السبب فليس وجودها ضرورياً إلى نهاية الحياة لأنها قد تعمل خلال فترة معينة وتنفي الحاجة إليه بعد ذلك . مثلاً الجينات المسؤولة عن تكوين الأصابع والتي تلعب دوراً فقط خلال الحياة الجنينية. وفي الجانب الآخر تحتاج إلى جينات نشطة كما في خلايا الكبد والتي تكون في حالة نشاط مستمر عند الحاجة .

التركيب الكيميائي للكروموسومات والطفرات الوراثية

Chemical structure of the chromosomes and mutation

إن معرفة التكوين والتركيب الكيميائي للكروموسومات وسلوكها مهم لفهم تربية وتحسين الحيوان . تتوج البحث في تفهم الهيكلة الكيميائية للكروموسوم في عام 1953 من قبل Crick و Watson حيث أعلنوا أن الكروموسوم عبارة عن لولب أو حلزون مزدوج DNA .



شكل 3-11. التركيب الكيميائي للكروموسومات

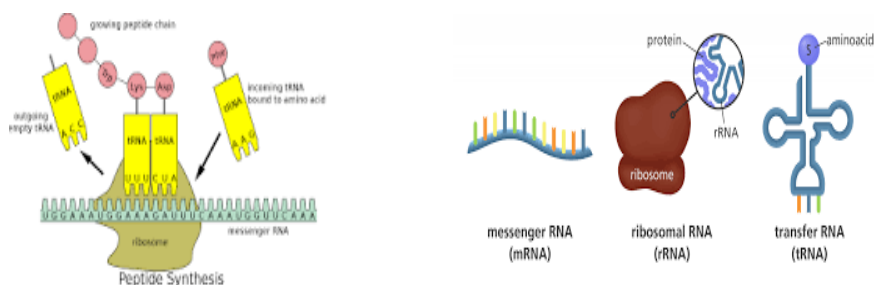
تكون قواعد الـ DNA شفرة نيروجينية خاصة ولذلك يعمل الـ DNA كهيكل أو أساس لبناء عدة أنواع RNA : أنواع وعمل الـ RNA

a. Types and functions of RNA

2. الـ RNA المرسل، messenger RNA (mRNA)

3. rRNA ، الرايبوسومي ribosomal RNA

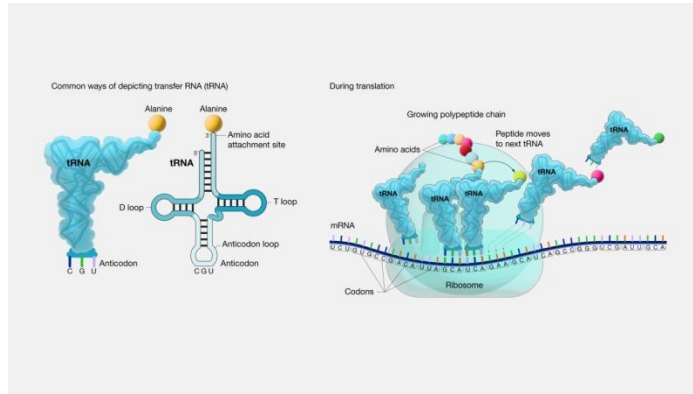
4. tRNA ، الناقل transfer RNA



شكل 3-12. أنواع RNA وأهميتها في تصنيع البروتين.

أنواع ووظائف الرنا RNA : من بين الأنواع العديدة من الرنا RNA ، فإن الأنواع الثلاثة الأكثر شهرة والأكثر شيوعاً التي تمت دراستها هي الرنا المرسال (mRNA)messenger RNA () ، الرنا الناقل (tRNA)transfer RNA () ، الرنا الريبوسومي (rRNA)ribosomal RNA () ، والتي توجد في جميع الكائنات الحية. تقوم هذه الأنواع في المقام الأول بتفاعلات كيميائية حيوية تشبه الإنزيمات. نظراً لمشاركتها في العديد من العمليات التنظيمية ، وبسبب وفرتها ووظائفها المتنوعة، تلعب أدواراً مهمة في كل من العمليات الخلوية الطبيعية والأمراض.

يترك الـ RNA الناقل (mRNA) نواة الخلية ليعمل بدورة كهيكل لبناء البروتينات في السايكوبلازم بواسطة rRNA و tRNA في الأجسام الريبوسومية ، وعلى هذا الأساس يتبين في تسلسل القواعد النتروجينية التسلسل في الأحماض الأمينية لجميع بروتينات الجسم ويخضع بشكل كامل لتسلسل القواعد في DNA وبعد أن ينفصل البروتين عند هيكـل RNA يتخذ شكلاً ثلاثي الأبعاد اعتماداً على قوى التجاذب بين الأحماض الأمينية وبهذا الشكل يتحدد نشاط (وظيفة) البروتين الناتج في الفعاليات الأيضية للخلية (شكل 13-3).



شكل 3-13. تخليق أو تصنيع البروتين وعلاقتها بأنواع ووظائف الرنا RNA .

مما سبق يتبين إن تركيب DNA ينتج بتكاثر دقيق وهو ضروري لوراثة المعلومات الجينية وبنفس الدقة إذا حدث خطأ في تغيير تسلسل القواعد النتروجينية في المعلومات الجينية يسمى الطفرة الوراثية ، إن مثل هذا الحدث يتكرر بصورة مستمرة في كل الخلايا وهي على العكس مما هو متعارف عليه ليست نادرة الحدوث . وبعد حدوث الطفرة يتم تأكيدها خلال الانقسام الخلوي وتنتقل إلى بقية السلف . ولقد كشفت الدراسات الكيميائية العديد من الطفرات غير الواضحة على مظهر الكائن الحي ، ولكن

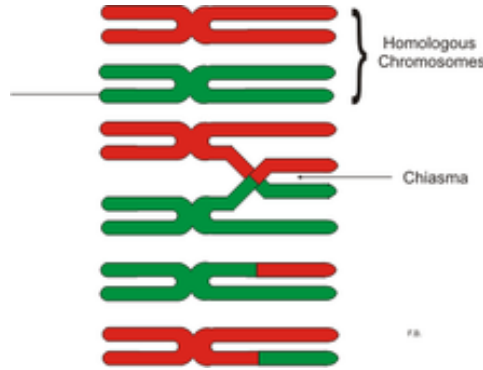
تأثيرها يخص في المستوى الأيضي لأن الجسم في حالة تعرض مستمر للعوامل البيئية التي تسبب الطفرات مثل الأشعة فوق البنفسجية والإشعاع ، ولكن هنالك آلية حماية تقوم بإصلاح معظم الطفرات الوراثية قبل أن تتضاعف وتنتقل إلى الخلايا وهذه تتم بواسطة أنزيمات .

لذلك يستنتج انه في تخليق البروتين ، يحمل mRNA الرموز الجينية من الحمض النووي في النواة إلى الريبوسومات ، وهي مواقع ترجمة البروتين في السيتوبلازم. تتكون الريبوسومات من الرنا الريباسي والبروتين. يتم ترميز الوحدات الفرعية لبروتين الريبوسوم بواسطة الرنا الريباسي ويتم تصنيعها في النواة. بمجرد تجميعها بالكامل ، فإنها تنتقل إلى السيتوبلازم ، ويكونوا ، كمنظمين رئيسيين للترجمة ، اذ "يقرأون" الكود الذي يحمله الرنا المرسال. يحدد تسلسل ثلاث قواعد نيتروجينية في الرنا المرسال دمج حمض أميني معين في التسلسل الذي يتكون منه البروتين. جزيئات الحمض النووي الريبي (تسمى أحياناً RNA القابل للذوبان أو المنشط) ، والتي تحتوي على أقل من 100 نيوكليوتيد ، تجلب الأحماض الأمينية المحددة إلى الريبوسومات ، اذ ترتبط بتكوين البروتينات (شكل 13-3).

التقاطع والعبور Chiasmata and Crossing-over

خلال الانقسام الخلوي ، هناك دليل فيزيائي على تباين بين المواقع الجينية المرتبطة على نفس الكروموسوم . خلال مرحلة التضاعف لعملية الانقسام الاختزالي اذ يتكون الرباعي (أربعة كروماتيدات) ويحصل تعابراو عبور يسمى التقاطع .

وبعبارة أخرى كل كروماتيد مزدوج مع آخر ولكنه ليس نفس الزوج الأصلي في الرباعي لكل المناطق الجينية ومن الواضح أن تكسر وإعادة الاتحاد تحدث بصورة عشوائية على طول الكروماتيد في أي نقطة منه مؤدية إلى ظهور ترتيب جديد للجينات . إن الميكانيكية الدقيقة لحصول التقاطع ممكن أن تحدث بشكل استنساخ أكثر من كونها عملية انفصال . يتكون DNA وذلك بأن جزء منه مستنسخ من الجديلة القديمة وجزئه الآخر مستنسخ من الجديلة الجديدة (التعابر) .



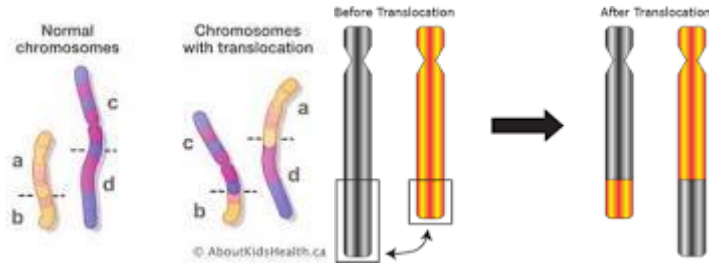
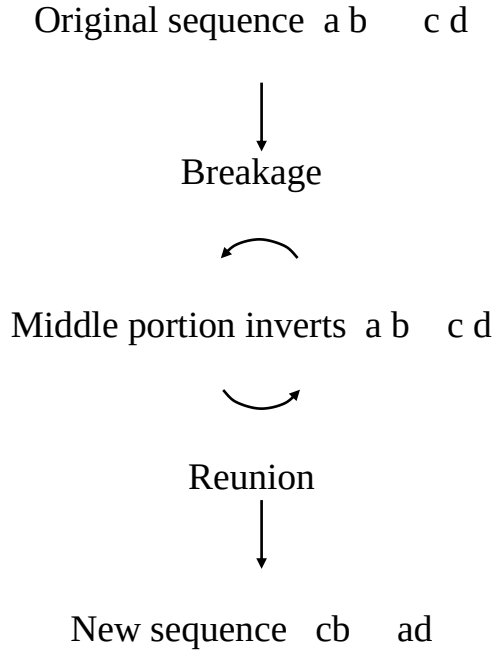
شكل 3-14 . التقاطع والعبور

إعادة ترتيب الكروموسوم Chromosomal rearrangement

إن بعض التغيرات الكروموسومية تحصل من تغيير في تنظيم أو ترتيب أذرع الكروموسوم . إذ يحدث انفصال لأذرع الكروموسوم ثم تتم إعادة ارتباط الكروموسوم غير متجانس أي ليس من نفس الزوج والعملية تسمى تغيير مكان أو انتقال (تنتقل) Translocation (شكل 3-15). إذا كان الانتقال الجيني متساوٍ فتسمى العملية انتقال متناظر وتؤدي مثل هذه العملية في الحيوانات إلى التأثير على الخصوبة للحيوان لأن الانتقال يمنع اقتران الكروموسومات عند الانقسام الاختزالي . أما إذا كان الانتقال الجيني غير متساوٍ (انتقال غير متناظر) فقد ينتج زيادة أو نقص في المواد الجينية ، ولذا فإن التضاعف ممكن أن لا ينتج كروموسوم جديد يحتوي نفس الجينات الأصلية للكروموسوم . إن فقدان معلومات جينية نتيجة الانتقال غير المتساوي تؤدي إلى كروموسوم ناقص والعكس صحيح بالنسبة للكروموسوم الآخر تحدث فيه زيادة . والنتيجة النهائية تعتمد على كمية النقص أو الزيادة .

قد يحدث انقلاب Inversion في الكروموسوم أو انعكاس عندما يكون الانفصال في أكثر من نقطة في الوقت نفسه ، إذ تنقلب القطعة الناتجة وبهذا ينقلب تسلسل الجين من الكروموسوم الناتج والذي قد يعرقل عملية الأزواج أو الاقتران خلال الانشطار الاختزالي .

مثال :



شكل 3-15. إعادة ترتيب الكروموسوم Translocation

من التركيب الوراثي إلى المظهر الخارجي

From Genotype to Phenotype

لا يوجد جين واحد يؤثر على المظهر الخارجي بصورة فورية ولكن عن طريق التأثير في الفعاليات الأيضية . إن أزواج القواعد في DNA تكون شفرة الوراثة خاصة وسلسلة القواعد تحدد تسلسل الأحماض في RNA ثم في البروتين الذي بعد أن ينفصل من الرايبوسوم يأخذ شكل ثلاثي الأبعاد اعتماداً على تسلسل الأحماض الأمينية فيه.

ويحدد هذا الشكل والاندماج للبروتينات الفعالية الحيوية لها والذي من الممكن أن تتكون بروتينات أكثر تعقيداً عند اتحاد أكثر من سلسلة للبروتين. قد يلعب بروتين واحد دوراً في عدة تفاعلات أيضية . التغير في الجين إلى التغير في البروتين الذي يؤثر على التفاعلات الأيضية الذي يؤثر فيه هذا البروتين والنتيجة ممكن أن تكون مرئية كتغير في المظهر. وعلى أي حال فالكثير من الطفرات غير محسوسة لأن تأثيرها ضعيف لذا فإن تحديد التغير الجيني يسهل بتحديد التغير الذي يعطي صورة عن البروتينات وتكوينها ، لذا يسهل التفريق بينها .

التطبيقات العملية Practical implication

إن فن التعامل مع الكروموسومات مازال في حادثة عهده وعلى الرغم من ذلك فقد تم تطوير بعض التقانات لخدمة الباحثين في هذا المجال . مثلاً عملية نقل الجنين وهي عملية جديدة لكن ليس لها علاقة بالتعامل مع الكروموسوم ، كما أمكن نقل نويات كاملة إلى خلايا أخرى ونتيجة لذلك سيتكون جنين فيه مركبات داخل النوية ليس لها علاقة بتلك التي خارجها وفي بداية تكوين الجنين ممكن أن يتم مؤدياً إلى تكوين عدداً من الأجنة المتماثلة. نقل الجينات أصبح ممكناً ولكنه مازال صعباً ، فمثلاً فصل جينات الحيوانات وزرعها داخل البكتيريا ليتسنى تكاثر هذه الجينات بسرعة والاستفادة من قابليتها كإنتاج الأنسولين مثلاً . أما في البشر ، طور علاج ليقوم بتنشيط الكروموسوم (الجنين) المسؤول عن إنتاج الهيموكلوبين والذي يكون خاملاً في بعض الأمراض الجينية الانتقال للدم مثل فقر الدم المنجلي Sickle cell anemia والثلاسيميا (فقر دم البحر الأبيض المتوسط) Thalassmia وقد بدأت خلال الثمانينات فحوص روتينية لكروموسومات الثيران المستعملة في التلقيح الاصطناعي لوجود تباين كروموسومي Translocation حيث لا يسمح لمثل هذه الذكور باستعمال سائلها المنوي حتى لو كانت ذات قدرات وراثية جيدة لإنتاج الحليب لأن الأبناء تكون ذات خصوبة منخفضة . إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الثالث.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 3.

A karyotype is an individual's complete set of chromosomes. The term also refers to a laboratory-produced image of a person's chromosomes isolated from an individual cell and arranged in numerical order. A karyotype may be used to look for

abnormalities in chromosome number or structure. The typical human karyotypes contain 22 pairs of autosomal chromosomes and one pair of sex chromosomes (allosomes). The most common karyotypes for females contain two X chromosomes and are denoted 46,XX; males usually have both an X and a Y chromosome denoted 46,XY.

Homogametic sex: Organisms possessing two identical sex chromosomes (e.g. XX in female humans and mammals or ZZ in male birds)

Heterogametic sex: Organisms with differing sex chromosomes (e.g. XY in male humans and mammals or ZW in female birds). The heterogametic sex is the one in which the sex chromosomes differ. For instance, in mammals males are the heterogametic sex as they have one X and one Y chromosome, whereas females are the homogametic sex, because they have two X's.

Cattle chromosomes and chromosomes from sheep and goat are quite similar. Like cattle, goat has 60 chromosomes, which are all nearly identical with those in the cattle, except for the sex-chromosomes X and Y. The X-chromosome in the goat is acrocentric (the cattle's X is sub-metacentric) and the Y-chromosome is much smaller than the cattle's. In sheep the same differences in the sex-chromosomes are found, but in addition there are three centromere fusions. The chromosomes, 1/3, 2/8 and 5/11, are fused in comparison with those in cattle and goat. Therefore, the sheep has only 54 chromosomes. **The chicken karyotype** consists of 39 pairs of chromosomes, which is typical of most avian species. The genome is organized as eight pairs of cytologically distinct macrochromosomes, the Z and W sex chromosomes and thirty pairs of small cytologically indistinguishable microchromosomes

The turkey has a diploid number of 80 ($2n = 80$) chromosomes. The karyotype contains an additional chromosomal pair relative to the chicken.

Chromosomes as units of DNA: Body cells of mammals and birds have a nucleus where pairs of chromosomes (units of DNA) are found. Each species has a specific number of chromosomes as is illustrated below (Number of chromosome pairs for different species):

Man 23

Cattle 30

Horse 32

Pig 19

Sheep 27

Goat 30

Rabbit 22

Chicken 39

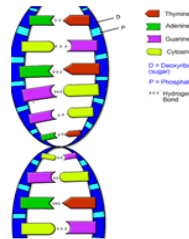
Duck 40

Turkey 80

On the basis of the location of the centromere, chromosomes are classified into four types:metacentric, submetacentric, acrocentric, and telocentric. As previously mentioned, the centromere is easily visualized as the most constricted region of a condensed mitotic chromosome. Chromosomes are double-stranded helices, consisting of two long biopolymers made of simpler units called nucleotides—each nucleotide is composed of a nucleobase (guanine, adenine, thymine, and cytosine), recorded using the letters G, A, T, and C, as well as a backbone made of alternating sugars (deoxyribose) and phosphate groups (related to phosphoric acid), with the nucleobases (G, A, T, C) attached to the sugars (Wikipedia). Within a species and within a breed the nucleotides and nucleobases are situated in a fixed order.

DNA

- Nucleotide
- Each nucleotide: 1 of 4 base pairs
- Base pairs: T, A, C, G
- Coding and non-coding regions
 - 95% of DNA: non-coding
 - But with purpose! Still finding out



DNA is Deoxyribonucleic Acid, which is a macromolecule in the form of a double-stranded helix that carries the genetic information in all cells in higher organisms

A **gene** is the hereditary unit, a region of DNA on a chromosome containing genetic information that is transcribed into RNA that is translated into a polypeptide chain with a physiological function. A gene can mutate to various forms called alleles.

An **allele** is a version of the sequence of DNA nucleotides at a locus. Not all individuals carry exactly the same sequence of DNA nucleotides at a locus. This allelic variation is the source of genetic variation

A **locus** is a position on a chromosome, for example of a gene. The plural is loci

A **dominant allele** is an allele that has an effect on the phenotype not only when it is homozygous but also when it is heterozygous. When allele E is dominant over e, EE and Ee have the same phenotypic value.

A **recessive** allele is an allele that is only has an effect on the phenotype when it is homozygous. Therefore if allele e is recessive, ee yields a different phenotype from Ee and EE, which have the same phenotype.

Homozygote is an individual carrying two copies of the same allele at a locus, e.g. ee or EE.

Heterozygote is an individual carrying two distinct alleles at a locus, e.g. Ee.

Co-dominance is a situation in which a heterozygote shows the phenotypic effects of both alleles equally.

Additively is the assumption that each allele influencing a trait does so independently of the other allele present at that locus and all other alleles at all other loci, e.g. if alleles G and g are worth 2 and 1, respectively then additivity assumes GG is worth 4, Gg is worth 3, and gg is worth 2.

Overdominance occurs when the heterozygote has a genotypic value more extreme than either parent.

Epistasis is when loci are non-additive. The genotypic value of a locus on a trait depends upon the genotypes at other loci or a situation in which the differential phenotypic expression of a genotype depends on the genotype at another locus.

Meiosis creates differences among offspring of an individual. In sperm cells and oocytes the chromosomes are no longer present in twofold grouped in pairs. In these cells all chromosomes are present in singularity. In the testis and in the ovary the pairs of chromosomes split in singular chromosomes and each chromosome of a pair goes by chance to a sperm cell or an oocyte. This process is called the meiosis. Meiosis is a process where a single cell divides twice to produce four cells containing half the original amount of genetic information. Meiosis is required for genetic variation and continuity of all living organisms.

Mitosis is a process where a single cell divides into two identical daughter cells (cell division).

Nondisjunction is the failure of homologous chromosomes to disjoin correctly during meiosis. This results in the production of gametes containing a greater or lesser chromosomal amount than normal ones. Consequently the individual may develop a trisomal or monosomal syndrome.

A Barr body or X-chromatin is an inactive X chromosome in a cell with more than one X chromosome, rendered inactive in a process called lyonization, in species with XY sex-determination. “Barr body is the inactive X-chromosome in the somatic cells of mammalian females.” Females have two X chromosomes. Since the somatic cells of females are not involved in sexual reproduction. Here one of the two X chromosomes is inactivated by lyonization. This inactive X chromosome is known as a Barr body. The presence of a Barr body indicates that the organism has more than one X chromosome. This is because the female organism has XX chromosomes compared to its male counterpart with XY chromosomes.

Types and functions of RNA

Of the many types of RNA, the three most well-known and most commonly studied are messenger RNA (mRNA), transfer RNA (tRNA), and ribosomal RNA (rRNA), which are present in all organisms. These and other types of RNAs primarily carry out biochemical reactions, similar to enzymes. Some, however, also have complex regulatory functions in cells. Owing to their involvement in many regulatory processes, to their abundance, and to their diverse functions, RNAs play important roles in both normal cellular processes and diseases.

In protein synthesis, mRNA carries genetic codes from the DNA in the nucleus to ribosomes, the sites of protein translation in the cytoplasm. Ribosomes are composed of rRNA and protein. The ribosome protein subunits are encoded by rRNA and are synthesized in the nucleolus. Once fully assembled, they move to the cytoplasm, where, as key regulators of translation, they “read” the code carried by mRNA. A sequence of three nitrogenous bases in mRNA specifies incorporation of a specific amino acid in the sequence that makes up the protein. Molecules of tRNA (sometimes also called soluble, or activator, RNA), which contain fewer than 100 nucleotides, bring the specified amino acids to the ribosomes, where they are linked to form proteins.

Chiasmata is the point of contact, the physical link, between two (non-sister) chromatids belonging to homologous chromosomes. At a given chiasma, an exchange of genetic material can occur between both chromatids, what is called a chromosomal crossover, but this is much more frequent during meiosis than mitosis.

Translocation means a change in location. It often refers to genetics, when part of a chromosome is transferred to another chromosome. Chromosomes are structures that carry genes, our units of heredity. When this type of translocation occurs, it can cause flaws in chromosomes.

References:

- 1-Berg JM, Tymoczko JL, Stryer L (2002). Biochemistry (5th ed.). WH Freeman and Company. pp. 118–19, 781–808. ISBN 978-0-7167-4684-3. OCLC 179705944.
- 2-Barciszewski J, Frederic B, Clark C (1999). RNA biochemistry and biotechnology. Springer. pp. 73–87. ISBN 978-0-7923-5862-6. OCLC 52403776.
- 3-Dominic Fasso. 2016. Textbook of Animal Genetics and Breeding. Syrawood Publishing House. Nucleotides and Nucleic Acids" (PDF) . University of California, Los Angeles. Archived from the original (PDF) on 2015-09-23. Retrieved 2015-08-26.
- 4-Lee JC, Gutell RR (December 2004). "Diversity of base-pair conformations and their occurrence in rRNA structure and RNA structural motifs". Journal of Molecular Biology. **344** (5): 1225–49. doi :10.1016 /j.jmb.2004 .09.072. PMID 15561141.
- 5- Nissen P, Hansen J, Ban N, Moore PB, Steitz TA (August 2000). "The structural basis of ribosome activity in peptide bond synthesis". Science . **289** (5481): 920–6- 6. Bibcode:2000Sci ...289 ..920N . doi :10. 1126 /science .289.5481.920. PMID 10937990.
- 7-Salazar M, Fedoroff OY, Miller JM, Ribeiro NS, Reid BR (April 1993). "The DNA strand in DNA.RNA hybrid duplexes is neither B-form nor A-form in solution". Biochemistry. **32** (16): 4207–15. doi:10.1021 /bi00067a007 . PMID 7682844.

Chapter 4

الفصل الرابع

الارتباط والصفات المرتبطة بالجنس

Linkage and Sex-Related Traits

الارتباط

من المعروف ان كل فرد يحمل عدد كبير جداً من الجينات، وإن هذه الجينات مرتبة وموزعة على عدة مواقع وراثية في وحدات تدعى الكروموسومات والتي تؤثر في الكثير من الصفات كما تم مناقشتها في الفصل الثالث . إن عدد من المواقع الوراثية Loci مرتبط مع بعضها كونها على كروموسوم واحد لذلك فإنها لا تخضع لقانون مندل الثاني (قانون التوزيع المستقل) وبالتالي فإن الأليلات في المواقع المرتبطة تورث سوياً من غير أن تتوزع بشكل حر عند تكوين الأمشاج أو الكميّات (Gametes). إن الكروموسومات قد تنكسر في موقع أو أكثر وتتحد من جديد خلال الانقسام الاختزالي (الفصل الثالث) . إن هذا الانفصال وإعادة الالتحام يحصل بين الكروماتيدات فيحدث أن تتوزع الأليلات من جديد خلال الطور الذي تظهر فيه الكروموسومات بشكل رباعي (Tetrad phase) أثناء الانقسام الاختزالي . لهذا فعندما تنفصل أزواج الكروموسومات فإن تحمل اتحادات / توليفات جديدة (New combination) من الأليلات على طول الذراع الكروماتيدي . منطقياً ، فإن هذه الاتحادات الجديدة ستظهر في الجيل الناتج، إلا أن الأليلات المرتبطة بشكل قوي (الجينات المتقاربة مع بعضها) لا تنفصل بشكل حر وبسبب ارتباطها الشديد فلن تظهر في النسل الناتج أي اتحادات جديدة (Combination). إن ظهور اتحادات جديدة أو عدم ظهورها يشير إلى مدى الارتباط (التقارب أو البعد) بين المواقع الجينية على نفس الكروموسوم. إذ أن المسافات الواسعة بين المواقع توفر فرصة كبيرة لتبادل قطع الكروموسومات ولإعادة الارتباط لذلك فإن الاتحادات الجديدة بين هذه المواقع تظهر في النسل الناتج. إذن يمكن أن نتصور إن المواقع المتباعدة على نفس الكروموسوم والتي تحدث فيها تبادل قطع عديدة وبالتالي فإن الجينات قد تظهر وكأنها تتوزع توزيعاً حراً. بالمقابل ، فإن احتمال حدوث تبادل قطع في أزواج المواقع القريبة من بعضها قليل جداً وبالتالي فإن احتمال ظهور اتحادات جديدة في الجيل القادم تقل كثيراً بسبب الارتباط القوي بين المواقع القريبة من بعضها. إن الفقرة السابقة الذكر التي تصف الارتباط (Linkage) والمبينة على أسس لا تتطابق مع القوانين المنديلية في الوراثة (الفصل الثاني والثالث) فهل هناك أدلة ما يثبت ذلك؟

شواهد حدوث الارتباط Evidence of linkage

يمكن توضيح كيفية حدوث الارتباط من خلال معرفة وراثية صفة التبقع المسماة Tobiano في الخيول (تتصف الخيول التي تحمل هذه الصفة بوجود اللون الأبيض في الظهر والأرجل وبتلون الرأس بلون بني، شكل 4.1) المسيطر عليها من قبل الجين T السائد على الجين المتنحي t إذ يكون الفرد tt غير مبقع وعلاقة هذه مع بروتينات مصل الدم (الألبومين) والذي يحدد بواسطة الأليلات Alb^A ، Alb^B ، Alb^I ذات السيادة المشتركة (المتكافئة) (Codominant) فإذا حصل تزاوج بين ذكور مبقعة تحمل كل من الجين T- والتركيب الوراثي Alb^B ، Alb^A مع مجموعة من الإناث غير المبقعة (tt) وتحمل تراكيب وراثية مختلفة للألبومين. فإن بعض أفراد النسل الناتج سيكون مبقع والبعض الآخر غير مبقع مشيرة إلى أن الذكر (الأب) يحمل التركيب الوراثي Tt . كما أن بعض الأفراد الناتجة ستتوارث الأليل Alb^A من الأب والبعض الآخر يحمل الأليل Alb^B . إن الكميات الذكرية الناتجة من الحصان والمتوقعة حسب قانون مندل الثاني يفترض أن تكون بالشكل الآتي : $1 Alb^B T : 1 Alb^A t : 1 Alb^B t$: 1 $Alb^A T$: 1 من هذا التزاوج أنتج 17 فرداً ، 10 من هذه الأفراد تحمل التركيب $Alb^B T$ و 7 تحمل التركيب $Alb^A t$ ولم يستلم أي فرد كميات تحمل الأليلات $Alb^B t$ أو $Alb^A T$ مما يشير إلى أن الأب لم ينتج أربع أنواع من الكميات التي تحمل الجينات بنسب متساوية ، وهذا بالنتيجة يؤدي إلى ظهور معظم الأفراد تحمل $Alb^B t$ و $Alb^A T$ وهذا يدل على أن الأليلات لم تتوزع توزيعاً حراً حيث ظهر إن المواقع المسؤولة عن ظهور كل من التبقع في الخيول وبروتينات ألبومين مصل الدم مرتبطة مع بعضها على نفس الكروموسوم . أي أن الأليل T مرتبط مع الأليل Alb^B وإن الأليل الآخر في الموقع الوراثي هو t مرتبط مع الأليل Alb^A على نفس الكروموسوم الأبوي :

Alb^B T

Alb^A t



شكل 4-1. الحصان المبقع (Tobiano)

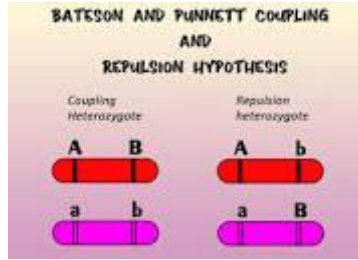
يظهر الارتباط شديداً عندما لم تظهر بين أفراد النسل الناتج اتحادات جديدة Recombinants . إن الأثر المتعدد للجين (Plieotropic) الذي تم مناقشته في الفصل الثاني كما في حالة انعدام القرون لدى الماعز وعلاقتها مع التطور غير الطبيعي للإناث ممكن أن يقدم تفسيراً للارتباط بين الأليل المسؤول عن صفة التبقع وأليل البومين B في الخيول . إذ أن الأليل Alb^B يؤثر في ظهور التبقع وكذلك الأليل Alb^A يؤثر في حالة عدم ظهور التبقع . لكن هذا الاحتمال مستبعد ، وذلك لأن الكثير من الخيول غير المبقة tt تحمل الأليل Alb^B ، إذ يحتوي مصل الدم على بروتين Alb^B . لذلك فإن الأثر المتعدد للجين وليس بسبب الارتباط ممكن أن يفسر الحالة ملازمة بين عدم ظهور القرون والتركيب الوراثي النقي وصفة التخنت (Intersexuality) وذلك لظهور الصفتين على نفس الفرد. إن عدم وضوح الارتباط لا يعني عدم وجود ارتباط وإنما السبب في ذلك هو اختيار الباحثين لصفات يكون الارتباط فيما بينها صعب الوضوح بسبب ندرتها. إن وراثة الصفات الاقتصادية المهمة أكثر تعقيداً من الصفات النوعية والتي يشير الباحثين إلى أنها تتأثر بعدد من الجينات في عدة مواقع. كما إن الارتباط بين مواقع جينية عديدة لا يكون على درجة عالية من الوضوح إلا بوجود تأثير واضح للأليل المفرد. ومن الجدير بالذكر إن المجاميع الارتباطية (Linkage group) الموجودة على نفس الكروموسوم مهمة لمعرفة الخارطة الكروموسومية لأنواع عديدة من الكائنات الحية .

حساب المسافات والخارطة الكروموسومية

Calculation of Distances and Chromosome Mapping

إن الأرنب الأليف ممكن أن يكون خير مثال من بين الأنواع لدراسة الارتباط إذ أن لديه عدد كبير من المواقع المسؤولة عن الصفات النوعية التي تحدد صفات عديدة مهمة . هذا النوع من الحيوانات يقدم لنا نموذج جيد للارتباط بين ثلاث صفات. صفة التلون ضد الهيملاياني (رمادي) Himulanyan ، الأسود ضد اللون البني ، وصفة اللون الوردي للدهن ضد اللون الأبيض للدهن. إن لون الدهن هي صفة نوعية ولكنها تؤثر في مدى تقبل اللحم لدى المستهلكين. إن الأليل Y المسؤول عن اللون الأبيض للدهن سائد على الأليل y المسؤول عن اللون الوردي. ولون الجلد الأسود B سائد على اللون البني b ، وصفة التلون C سائدة على اللون الهيمالياني. إن الارتباط بين هذه الصفات الثلاثة تقدم مثلاً جيداً لدراسة الارتباط . إن استخدام التصميم المناسب لتجربة دراسة الارتباط والمسافة بين المواقع المرتبطة يعتبر مهم جداً. لذا فهناك حاجة لاستخدام التضريب الاختباري test cross حيث يتم تزاوج الحيوانات الحاملة للأليلات المتنحية في كل المواقع مع الأفراد متباينة التركيب الوراثي (خليطة) للمواقع الثلاثة المذكورة وبذلك نضمن الحصول على كميات تحتوي التراكيب المختلفة للأليلات الثلاثة المدروسة.

يمر التزاوج الاختباري (Test mating) للارتباط بمرحلتين ، الأولى هي الحصول على أفراد متباينة التركيب الوراثي Heterozygous ناتجة من تزاوج آباء متماثلة التركيب الوراثي Homozygous للأليلات لكل المواقع. إن الطريقة التي تتحد فيها الأليلات في مختلف المواقع تتوقف على نوع التزاوج. عندما يقع أليلان مرتبطان سائدان على نفس الكروموسوم فإن هذه الحالة تسمى الازدواج (Coupling) مثل ارتباط B مع Y . أما في حالة ارتباط الأليل السائد مع الأليل المتنحي على نفس الكروموسوم فتسمى حالة التنافر (Repulsion). وسواء إذا كانت الجينات المتباينة التركيب الوراثي في حالة ازدواج أو تنافر فستتأثر على التركيب الكاميتي (أنواع الأمشاج) .



شكل 4-2. حالة الازدواج Coupling او التنافر Repulsion

فإذا تزوج فردان متماثلا التركيب الوراثي $bbCCyy$ مع $BbCc^hy$ فسوف ينتج أفراد متباينة التركيب الوراثي وتنتج كميات من النوعين bCy و Bc^hy مشابهة للآباء . هذا التزاوج للأفراد متماثلة التركيب الوراثي ممكن أن يكتب بالشكل الآتي :

$$bbCCyy \times BbCc^hy \text{ يعطي } BbCc^hy$$

إن التراكيب الوراثية للنسل الناتجة من التضريب الاختباري مع الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي المتماثل المتنحي تشير إلى التراكيب الأليلية Combinations of Alleles للمواقع الثلاثة لدى الآباء الهجينة للتراكيب الوراثية الثلاث ($BbCc^hYy$). إن هذه التراكيب ستكون المفتاح للبدء بدراسة المواقع الوراثية على الكروموسوم وتسلسلها أو قريبا أو بعده. إن استخدام التركيب الوراثي المتماثل المتنحي في التزاوج مع أفراد ذات تركيب وراثي متباين يجعل الكميات المتكونة تظهر بوضوح أكثر. الجدول 4.1 يقدم البيانات الناتجة من تضريب التراكيب الوراثية المتباينة التركيب الوراثي للصفات الثلاثة في الأرانب مع التراكيب الوراثية المتنحية المتماثلة . السؤال هنا هل أن النتيجة تقدم الدليل على الارتباط ؟ فإذا لم يكن هناك ارتباط فيجب أن تتوزع التراكيب المظهرية (Phenotype) بين الجيل الناتج بنسب متساوية. إن الجدول يظهر وجود 276 فرد تحمل نفس التركيب الوراثي و 7 فقط تحمل تركيباً آخر. وهذا يقدم دليل على وجود الارتباط بين الصفات (من استخدام اختبار Chi-square لاختبار الفروق بين المشاهد والمتوقع وحسب ما سيأتي شرحه في الفصل 5) .

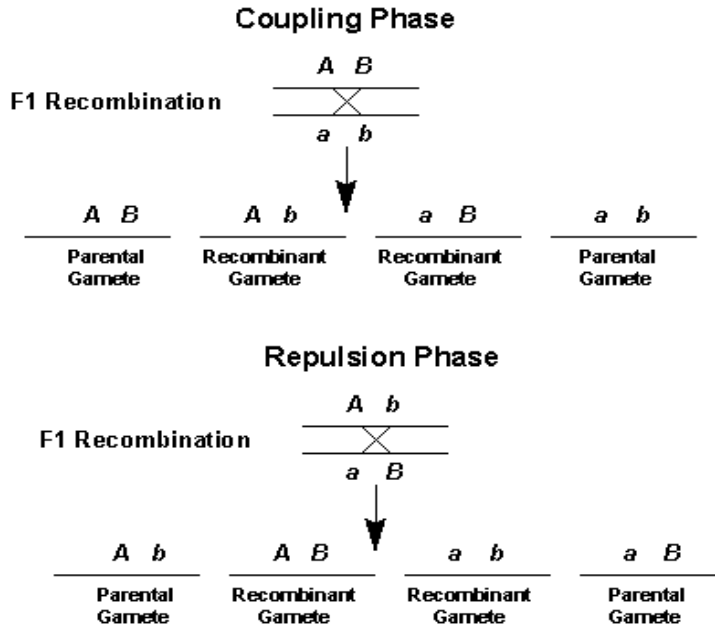
الجدول 4 - 1. يظهر النسل الناتج من التزاوج الاختباري في الأرانب .

التركيب المظهري	الكميات الناتجة من الآباء متباينة التركيب الوراثي	عدد الأبناء
اسود ، ملون ، دهن أبيض	BCY	55
اسود ، ملون ، دهن وردي	BCy	108
اسود ، هيمالياني ، دهن أبيض	Bc ^h Y	276
اسود ، هيمالياني ، دهن وردي	Bc ^h y	7
بني ، ملون ، دهن أبيض	bCY	16
بني ، ملون ، دهن وردي	bCy	275
بني ، هيمالياني ، دهن أبيض	bc ^h Y	125
بني ، هيمالياني ، دهن وردي	bc ^h y	46
المجموع		908

الخطوة الثانية هو تحديد أي من الاتحادات مماثلة للأبوين (Parental combination) إن أكثر الأفراد التي تظهر حالة الآباء تكراراً في الجيل الناتج والتي يفترض أن تشير إلى الاتحادات الأبوية هي Bc^hY و bCy . إن الكميات الناتجة من الاتحادات المزدوجة تكون مشخصة. إن الاتحادات التبادلية المزدوجة (Double recombination) يحصل فيها تبادل قطع مرتين . إن وجود 7 أفراد استلمت الأليلات Bc^hy و bCY 16 فرد استلمت bCY يشير إلى حصول عبور مزدوج (Double crossover) أو اتحادات مزدوجة (Double recombinant). إن هذه النتيجة مع ما هو معروف عن الأنواع الأبوية يسمح بتحديد المواقع الوراثية على الكروموسوم . إن البيانات الناتجة من دراسة الصفات الثلاثة في الأرانب تشير إلى أن الاتحادات الأبوية للـ Bc^hY و bCy التي أصبحت Bc^hy و bCY نادرة في الاتحادات المزدوجة المتكونة. المواقع التي بقيت مرتبطة مع بعضها هي Bc^h و bC . كما أن الموقع Y/y يقع في الوسط لذا فإن الصحيح هو كتابة أليلات الكروموسوم الأبوي بالشكل الآتي : Bc^hY و bCy . بينما من الممكن كتابة المواقع C/c^h أو B/b على جهة اليمين أو الشمال. ومن الجدير بالذكر أنه لم يظهر أي دليل يشير إلى العلاقة بين هذه المواقع والمواقع الأخرى . إذاً ما بقي معرفته هو كم تبعد هذه المواقع عن بعضها على نفس الكروموسوم .

إن إعادة التراكيب الوراثية وتقدير المسافة بين الجينات من خلال حساب اعداد ابناء الناتجة من العبور أثناء الانقسام الاختزالي الأول وهو حدث طبيعي. تأثير هذا الحدث هو إعادة ترتيب الكروموسومات المتجانسة متغايرة الزيجوت إلى توليفات جديدة.

المصطلح المستخدم للعبور هو إعادة التراكيب الوراثية. يمكن أن يحدث إعادة التراكيب الوراثية بين أي جينين على الكروموسوم ، وكمية العبور هي دالة على مدى قرب الجينات من بعضهما البعض على الكروموسوم. إذا كان هناك جينان بعيدان عن بعضهما البعض ، على سبيل المثال عند طرفي الكروموسوم المتقابلين ، فستحدث الأحداث المتقاطعة وغير المتقاطعة بتردد متساوٍ. تخضع الجينات الأقرب من بعضها لأحداث عبور أقل وستتجاوز الأمشاج غير المتقاطعة عدد الأمشاج المتقاطعة. يوضح الشكل (1-4) هذا المفهوم. بالنسبة لجينين بجوار بعضهما البعض ، سيكون عبور الكروموسوم حدثًا نادرًا جدًا. هناك نوعان من الأمشاج ممكنان عند تتبع الجينات على نفس الكروموسومات. إذا لم يحدث العبور ، فإن المنتجات هي الأمشاج الأبوية. في حالة حدوث العبور ، تكون المنتجات عبارة عن أمشاج مؤتلفة. يعتمد التركيب الأليلي للأمشاج الأبوية والمترابطة على ما إذا كان التهجين الأصلي متورطًا في الجينات في مرحلة الاقتران أو التنافر. اذ يوضح الشكل (1-4) تكوين الأمشاج للجينات المرتبطة من تقاطعات الاقتران والتنافر. عادة ما يكون تحديد أي الأمشاج مؤتلف أمرًا بسيطًا. هذه الأمشاج الموجودة في أدنى تردد والنتيجة المباشرة للتأشب المنخفض الذي يحدث بين جينين يقعان بالقرب من بعضهما البعض على نفس الكروموسوم. أيضًا من خلال النظر إلى الأمشاج الأكثر وفرة ، ستمكن من تحديد ما إذا كان التهجين الأصلي عبارة عن تقاطع طور اقتران أو تنافر. بالنسبة إلى تقاطع طور الاقتران ، ستكون الأمشاج الأكثر انتشارًا هي تلك التي تحتوي على أليلين مهيمنين أو تلك التي تحتوي على أليلين متنحيين. بالنسبة إلى تقاطعات طور التنافر ، فإن الأمشاج التي تحتوي على أليل واحد سائد وأليل متنحي واحد سيكون أكثر وفرة. سيكون فهم هذه الحقيقة أمرًا مهمًا عند تقدير مسافة الارتباط الفعلية من البيانات.



الشكل 4-2 . حصول العبور المفرد لدى الكروموسومات الأبوية وإن × يشير إلى مكان حدوث العبور Cross over.

السؤال المهم هو كم عدد الكروموسومات المؤتلفة (Recombinant Chromosomes) التي سيتم إنتاجها. إذا كانت الجينات متباعدة على الكروموسوم ، فسيحدث العبور (التهجين) في كل مرة يحدث فيها الاقتران وسيتم إنتاج عدد متساوٍ من الكروموسومات الأبوية والمترابطة (Parental and recombinant chromosomes). سنتنشى بيانات الاختبار المتقاطعة بعد ذلك نسبة 1 : 1 : 1 : 1. ولكن نظرًا لأن اثنين من الجينات أقرب وأقرب على الكروموسوم ، فإن عددًا أقل من الأحداث المتقاطعة بينهما ، وبالتالي سيتم اشتقاق عدد أقل من الكروموسومات المؤتلفة. ثم نرى انحرافًا عن النسبة المتوقعة 1 : 1 : 1 : 1. كيف يمكننا أن نقرر مدى قرب اثنين من الجينات على الكروموسوم؟ نظرًا لوجود عدد أقل من أحداث التقاطع بين جينين قريبين جسدًا من الكروموسوم ، فإن النسبة المئوية للأنماط الظاهرية المؤتلفة ستظهر في بيانات الاختبار الشاملة. حسب التعريف ، وحدة خريطة واحدة (mu) تساوي واحد بالمائة من الأنماط الظاهرية المؤتلفة

One map unit (m.u.) is equal to one percent recombinant phenotypes.

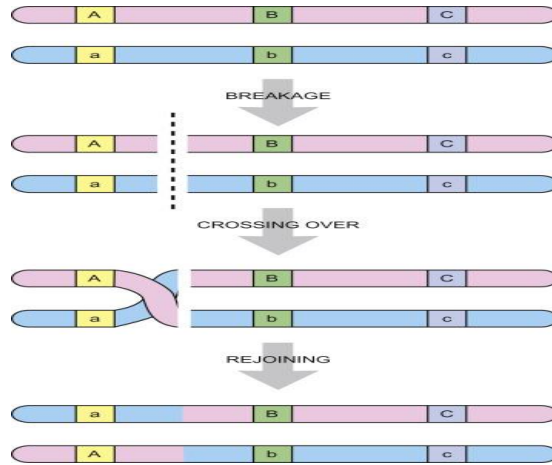
تكريما للعمل الذي قام به مورغان Morgan ، ويسمى سينتيمورجان واحد (one m.u. is also called one centimorgan (cM).

ان اهمية الخريطة الجينية ووظيفتها إذ انها تخبرنا عن موقع كل جين على الكروموسوم. إنه يشبه وجود عنوان كل منزل على طول الشارع. يساعدنا ذلك على تقدير كيفية وراثته الواسمات الجينية الموجودة على طول الكروموسوم معًا. من المرجح أن يتم توريث العلامات الأقرب معًا. يشير رسم الخرائط الجينية إلى عملية تحديد موقع الجينات على الكروموسومات. اليوم ، النهج الأكثر فعالية لرسم خرائط الجينات يتضمن تسلسل الجينوم ثم استخدام برامج الكمبيوتر لتحليل التسلسل لتحديد موقع الجينات يمكن تحديد وحدات الخريطة عن طريق حساب النسبة المئوية لإعادة التركيب (نبة او تردد إعادة التركيب) بين الجينين على الكروموسوم. إعادة التركيب بنسبة واحد بالمائة تساوي وحدة خريطة واحدة ، وإعادة التركيب بنسبة اثنين بالمائة تساوي وحدتي خريطة ، وهكذا. هناك نوعان من خرائط الجينوم - رسم الخرائط المادية ورسم خرائط الارتباط الجيني - حيث يتم قياس المسافات من حيث أزواج القواعد وتكرار إعادة التركيب ، على التوالي.

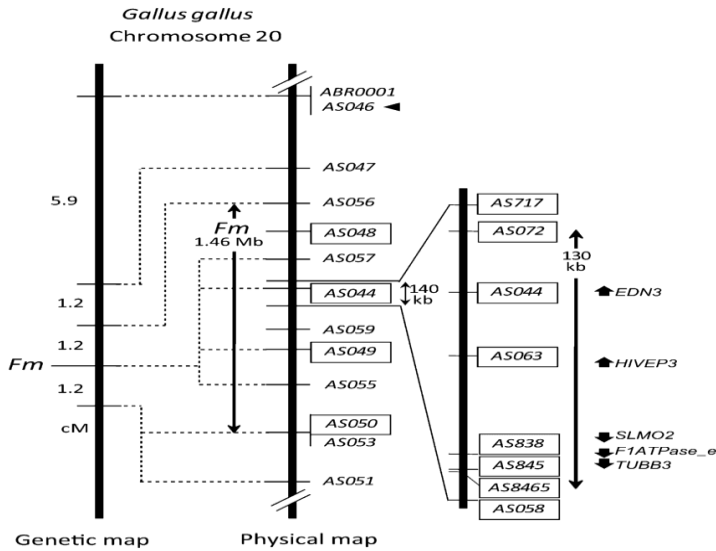
لذلك فإن الارتباط موجود ولرسم الخريطة الجينية يتم اتباع الخطوات التالية

1. إجراء التضريب الاختباري .
2. تصنيف الأبناء الناتجة .
3. تحديد العبور المزدوج إذا كان لدينا ثلاث صفات .
4. حساب المسافات الخرائطية من خلال هذا القانون :
5. المسافة = (مجموع حالات العبور \ المجموع الكلي للأبناء) X 100

ولايضاح اكثر لعملية العبور، يظهر في الشكل(3-4) زوج كروموسوم ، يحمل كل منهما أليلات مختلفة. نظرًا لأن الأليلات الثلاثة A و B و C موجودة على نفس جزيء الحمض النووي ، فإنها تميل إلى البقاء معًا. لذلك إذا ورث النسل الأليل A من أحد الوالدين ، فسيحصل عادةً على الأليلين B و C بدلاً من b و c. في حالة حدوث إعادة التركيب أثناء الانقسام الاختزالي ، ينكسر الحمض النووي وتعاود الكروموسومات الانضمام بحيث يتم تبادل جزء من كروموسوم واحد مع الشريك المتماثل. الآن ، يمكن للنسل أن يتلقى الأليل A مع الأليلين b and c Alleles من أحد الوالدين. وفي العبور المزدوج تنكسر الكروموسومات عند نقطة واحدة فقط بطولها بالكامل. بينما ، يحدث التقاطع عند نقطتين في نفس زوج الكروموسوم ، أي أن الكروماتيدات تنفصل وتتضمن مرة أخرى عند نقطتين.



الشكل 4-3. عملية العبور والكروموسومات الأبوية وتكوين الكروموسومات المؤتلفة (المتراصة). Parental and recombinant chromosomes.



الشكل 4-4. الخارطة الجينية في احد كروموسومات الدجاج.

أما بالنسبة للحيوانات الحقلية فلم تدرس بشكل واسع باستثناء الطيور الداجنة لهذا فإن الشكل (4-4) يظهر الخارطة الجينية في احد كروموسومات الدجاج . إن احتمال حصول العبور بين موقعين على الكروموسوم تزداد عندما تكون المسافات الفاصلة بينها تزيد عن 50 وحدة خارطة وتصبح قريبة من التوزيع الحر .

الارتباط بالجنس

Sex linkage

لوحظ ان هناك استثناء لقاعدة الارتباط في الحيوانات الحقلية وهي ارتباط بعض الصفات مع الجنس . وإن وراثة تحديد الجنس تتحدد بكروموسوم وليس بجين مفرد (الفصل الثالث) . إن أي صفة يتم التحكم بها بواسطة موقع على الكروموسوم X تعتبر صفة مرتبطة بالجنس. أما الكروموسوم Y فإنه يحتوي على عدد قليل من المواقع المخصصة للسيطرة على الصفات غير مرتبطة بجنس الفرد ، بينما الكروموسوم X يحمل جينات لعدد من الصفات. لهذا فإن الارتباط بالجنس يتحكم به أليالات محمولة على الكروموسوم X (في الطيور الداجنة كروموسوم Z) كمثال على الارتباط بالجنس في الأنواع الأليفة من الحيوانات هي وراثة صفة اللون لدى القطط . إن المواقع المسؤولة عن التلون يحمل الأليل المسؤول عن اللون الأسود B وأليل آخر مسؤول عن اللون البرتقالي b (ويسمى اللون الأحمر أو الوردي). إن اللون الأسود المرتبط بالكروموسوم X يكون نقياً عندما يأتي من تزاوج أفراد سوداء اللون. وكذلك بالنسبة للون البرتقالي . عندما يحدث تزاوج أفراد سوداء اللون مع أفراد برتقالية اللون فإن النسل الناتج سيكون أفراد برتقالية اللون وكذلك سوداء اللون ولون آخر يسمى Tortoise shell (لون صدفة السلحفاة) . وهذا اللون هو خليط بين اللون الأسود والبرتقالي ويشير إلى السيادة المشتركة بين أليالات اللونين (الجدول 2 - 4) .

إن النسل الناتج يكون بالشكل الآتي : جميع الأفراد التي تحمل لون صدفة السلحفاة كانت إناثاً ، أما الذكور فكانت إما سوداء أو برتقالية اعتماداً على لون الأم . إن النتيجة تقدم الدليل بأن الصفة يتحكم بها موقع محمول على الكروموسوم X . إذ أن الملاحظ أن الألوان تظهر جميعاً عند الإناث فقط . في حين لا يظهر لون صدفة السلحفاة لدى الذكور وذلك لأن الذكر يملك كروموسوم X مفرد لهذا فإنه سيستلم أليل مفرد مسؤول عن لون واحد فقط .

جدول 4-2. وراثة صفة لون صدفة السلحفاة لدى القطط والمرتبطة بالجنس

النسل الناتج		التزاوجات	
إناث	ذكور	إناث	ذكور
$X^B X^B$ سوداء	$X^B Y$ سوداء	$X^B X^B$ سوداء	$X^B Y$ سوداء
$X^b X^b$ برتقالية	$X^b Y$ برتقالية	$X^b X^b$ برتقالية	$X^b Y$ برتقالية
$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^b Y$ برتقالي	$X^b X^b$ برتقالية	$X^B Y$ سوداء
$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^B Y$ سوداء	$X^B X^B$ سوداء	$X^b Y$ برتقالية
$X^B X^B$ سوداء	$X^B Y$ سوداء	$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^B Y$ سوداء
$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^b Y$ برتقالي		
$X^b X^b$ برتقالية	$X^b Y$ برتقالية	$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^b Y$ برتقالي
$X^B X^b$ لون صدفة السلحفاة	$X^B Y$ سوداء		

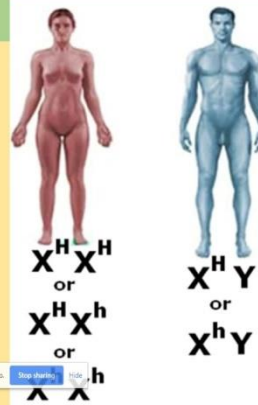
يرمز إلى اللون البرتقالي X^b يرمز للون الأسود في حين X^B

من الصفات المرتبطة بالجنس صفة مرض النزيف الدموي (Hemophilia). إن تخثر الدم يعتمد على عوامل معينة في الدم غيابها يؤدي إلى الإصابة بمرض عدم تخثر الدم أو ما يسمى بمرض النزيف الدموي. في هذه الحالة فإن ميكانيكية تخثر الدم لا تحدث، لهذا فإن أي إصابة شديدة ستؤدي إلى نزف كميات كبيرة من الدم. إن المصاب بهذا المرض نادراً ما يعيش إلى سن التزاوج، لهذا فإن هذه الصفة تعتبر شبه مميتة لأن الفرد لا يموت بعمر مبكر ولكن في ذات الوقت فإن جيناته لا تنتقل إلى الجيل التالي ومن الجدير بالذكر إن هذا المرض يصيب الإنسان والكلاب وسجلت إصابات في الخيول والخنازير.

إن المظهر المتنحي لهذه الصفة لا يظهر في الإناث وإنما يظهر في الذكور فقط ويكون عند ذلك إما مميت أو شبه مميت. إن سبب عدم ظهور الشكل المتنحي لهذه الصفة في الإناث هو موت الفرد الذكر الذي يحمل الشكل المتنحي للصفة قبل أن يصل إلى سن التزاوج، لهذا فإن الإناث تكون متباينة التركيب الوراثي لهذه الصفة ولا تكون متماثلة التركيب الوراثي المتنحي لهذه الصفة.

Sex-linkage – genetic disorders

- Females: XX chromosomes
 $X^H X^H$ = healthy
 $X^H X^h$ = healthy carrier
 $X^h X^h$ = disease
- Males: XY chromosomes
 $X^H Y$ = healthy
 $X^h Y$ = disease



من الممكن استخدام ظاهرة الارتباط بالجنس استخدامات اقتصادية في الحيوانات الأليفة وخصوصاً الطيور الداجنة . إذ تبرز أهمية التجنيس في فترة تفقيس الأفراخ (بعمر يوم) إذ أن التجنيس على أساس فحص الأعضاء التناسلية في الأفراخ عملية صعبة ، كما أن نسبة الخطأ واردة فيما لهذا تستخدم بعض الصفات المرتبطة بالجنس في عملية التجنيس ومنها استخدام صفة اللون كطريقة سريعة وسهلة في التجنيس. إن صفة الريش المخطط Barrings استخدمت لهذا الغرض. إن الطيور التي تحمل الأليل المسؤول عن هذه الصفة تظهر بريش مخطط . أما الأفراخ بعمر يوم واحد والتي تحمل الأليل السائد فتمتاز بوجود بقعة بداية تكون الريشة أولاً تتوفر في حالة وجود الأليل المتنحي . كما أن الجينات المتنحية للون الذهبي والجينات السائدة للون الفضي ممكن أن تستعمل لنفس الغرض ، في كلا الحالتين فإن الجنس متماثل الكميات (وهي الذكور في الطيور الداجنة) يجب أن تعطي أليل متنحي لكي تتمكن من تجنيس الأفراخ. إن طريقة التجنيس هذه لا تستخدم في كل سلالات الدواجن وذلك لأن بعض السلالات تكتسي أجسامها بريش ذو لون واحد (كدجاج الكهرون الأبيض). لهذا تستخدم طريقة أخرى في التجنيس وهي استخدام صفة أخرى مرتبطة بالجنس وهي صفة سرعة التريش. إذ أن الأليل السائد لهذه الصفة يسرع من عملية التريش في حين أن الأليل المتنحي لها يبطئ من عملية التريش. إن الطيور الحاملة للأليل السائد ينمو لديها ريش الجناح والذيل بشكل سريع خلال الأسبوع الأول من العمر. في حين الطيور التي تحمل الشكل المتنحي للأليل لا ينمو لديها الريش بنفس السرعة خلال الأسبوع الأول من العمر لهذا فإن عملية التجنيس يجب أن تتم في الأسبوع الأول من عمر الأفراخ إذ أن الأفراخ بعد هذا العمر ينمو لديها الريش بشكل أسرع مما يجعل عملية التجنيس أكثر صعوبة. ويمكن توضيح توارث التريش في الدجاج كالآتي :

K- ♀	KK ♂	بطيء التريش
k ♀	♂ kk	سريع التريش

مثلاً : K- ♀ × ♂ kk



♂ Kk بطيء K- ♀ سريع

الصفات المتأثرة بالجنس Sex-influenced traits

إن بعض الصفات التي تورث بشكل مختلف لدى الجنسين لا يمكن تفسيرها وفق ما ذكر عن وراثة الصفات المرتبطة بالجنس. مثال على ذلك وراثة القرون في الأغنام إذ أن بعض السلالات كسلالة السفولك (Suffolk) تكون عديمة القرون بينما سلالات أخرى تكون مقرنة لدى الجنسين كسلالة دورست هورن (Dorset horn). إن التضريب بين السلالتين سينتج إنثاً بلا قرون وذكوراً مقرنة. إن هذه النتيجة غير متوقعة في الجيل الأول وذلك لأن كل أبناء الجيل الأول الناتج يكون متباين التركيب الوراثي وبالتالي فإن النسل الناتج يتوقع أن يكون متشابه المظهر الخارجي. إذ أن الأليل المسؤول عن عدم التقرن سائد على الأليل المتنحي المسؤول عن ظهور القرون. ولتفسير ذلك نقول أن الأليل المسؤول عن عدم التقرن سائد فقط في الإناث وهو ليس كذلك لدى الذكور رغم أن كل من الذكور والإناث متماثلة التركيب الوراثي. السؤال هنا هو بماذا تختلف هذه الحالة عن حالة الارتباط بالجنس؟ من الشكل 4.4 يتضح أنه في حالة التأثير بالجنس فإن التضريب بين ذكور دورست هورن مقرنة وإناث سفولك عديمة القرون يفترض أن يعطي ذكوراً مقرنة وإناث عديمة القرون وإن التضريب التبادلي Reciprocal يفترض أن يعطي نفس النتيجة أما في حالة الارتباط بالجنس فإن التضريب بين ذكور دورست هورن مقرنة مع إناث سفولك عديمة القرون يعطي نسلًا عديم القرون لدى الجنسين أما التضريب التبادلي فإنه يعطي ذكوراً مقرنة وإناثاً عديمة القرون.

في حالة الصفة متأثرة بالجنس :

ذكور دورست هورن
HH عديمة القرون

ذكور سفولك
hh بقرون

ذكور بقرون Hh
إناث سفولك عديمة القرون HH

ذكور بقرون Hh
إناث دورست هورن بقرون hh

في حالة الصفات المرتبطة بالجنس :

إناث دورست هورن بقرون X^hX^h إناث سفولك عديمة القرون X^HX^H

ذكور عديمة القرون X^HY
إناث عديمة القرون X^HX^h

X^hY ذكور بقرون
 X^HX^h إناث عديمة القرون

ذكور دورست هورن
بقرون X^hY

ذكور سفولك
عديمة القرون X^HY

الشكل 4-4 . تأثير الارتباط بالجنس – القرون في الأغنام .

في هذا المثال يكون للإفراز الهرموني دور في نمو القرون إذ أن الهرمونات الذكرية تؤدي إلى نمو القرون حتى في حالة التركيب الوراثي المختلط المتباين للصفة بينما يجب أن تكون الإناث متماثلة التركيب الوراثي Homozygous لصفة التقرن لكي تنمو القرون لديها . ومن الجدير بالذكر إنه حتى في سلالة الدورست هورن النقية لا تكون للإناث قرون كبيرة وواضحة كتلك التي لدى ذكور هذه السلالة .

مثال آخر على الصفات المتأثرة بالجنس وهي صفة لون الجلد لدى ماشية الايرشاير (Ayrshire) إذ أن لون الجلد لدى هذه الماشية هو عبارة عن بقع بيضاء وحمراء . إن اللون الأحمر لدى هذه الماشية يكون متباين حيث يتراوح من اللون البراق إلى اللون البني الغامق (Mahogany) إذ أن اللون الغامق يخضع لتأثير جين سائد ، كما أن صفة اللون متأثرة بجنس الحيوان . إذ أن اللون لدى الذكور يكون غامقاً أكثر مما هو لدى الإناث ، وإن الإناث لا تستطيع أن تظهر اللون الغامق إلا في حالة التركيب

الوراثي المتماثل الجين في حين أن الذكور المتباينة التركيب الوراثي (Heterozygous) تظهر اللون الغامق . إن عملية الخصي (Castration) للذكور في كلا المثالين السليقين سوف يمنع التطور لدى الذكور وبالتالي يمنع الذكور من التعبير عن تركيبهم الوراثي فتظهر الذكور المخصية قريبة الشبه بالإناث . إن عملية الخصي هي الطريقة الاعتيادية المستخدمة لإزالة تأثير الهرمون الجنسي في الصفات . إن التأثير الهرموني يعتبر تأثيراً بيئياً ، لهذا فإن الصفتين المذكورة هنا وهي صفة النقرن وصفة اللون في الجلد يعتبران متأثران بالبيئة .

الصفات المحددة بالجنس Sex-limited traits

وهي شكل آخر من الصفات المحددة بالجنس ، إذ أن الصفات المرتبطة بالجنس Sex-linked تتأثر بجينات محمولة على الكروموسومات الجنسية في حين إن الصفات المتأثرة بالجنس مسيطر عليها من قبل مواقع على كروموسومات جسمية ، ولكن هناك تعبير آخر للتراكيب الوراثية المتباينة أو الهجينة (Heterozygote) يعتمد على جنس الفرد . إن التعبير المظهري للصفات المحددة بالجنس يقتصر على جنس واحد دون الآخر إذ أن هذه الصفات لا يمكن أن تظهر لدى الجنسين . من هذه الصفات إنتاج الحليب والقدرة على وضع البيض .

إن الصفات المحددة بالجنس ذات أهمية تجارية أكبر من الصفات المرتبطة بالجنس والمتأثرة بالجنس . كما أن الصفات الاقتصادية المتعلقة بإنتاج الحليب وإنتاج البيض مقتصرة على الإناث . ولكن في نفس الوقت فإن الذكور يجب أن تقيم وراثياً لهذه الصفات إذ أن هذه الذكور ستستخدم للتلقيح وهي ستخلف العديد من الأبناء . لذلك ينبغي وضع برامج لتقييم هذه الذكور بالاستناد إلى نسبها أو إلى إنتاجية نسلها (كما سيتم مناقشتها في الفصول القادمة) لذلك فإن تصحيح برامج التقييم يشير إلى حقائق أن هذه الصفات تورث بشكل كمي وإن التعبير عن هذه الصفات محددة بالجنس. إن صفة اختفاء الخصية Cryptorchidism هي صفة تورث للذكور فقط وتكون على شكلين إما تختفي في كلا الخصيتين Bilateral أو إحداها Nilateral . إن هذه الصفة لها أهمية اقتصادية إذ أن ظهورها لدى الذكور المخصصة لبرامج التحسين سوف يؤثر في خصوبة هذه الذكور . إن المعلومات عن هذه الصفة تشير إلى أن هذه الصفة محددة بأليل على كروموسوم جسي متنحي ، كما أن أبحاثاً أخرى أشارت إلى أن حدوث هذه الصفة بسبب جينات محورة مع تأثيرات بيئية يلعب دوراً في التعبير عن هذه الصفة .

الخلاصة

إن الجينات الواقعة على نفس الكروموسوم قد تكون مرتبطة وبالتالي فإنها لا تتوزع بشكل حر . وبالتالي حدوث عملية العبور Cross over للمواد الوراثية في الأزواج الكروموسومية يُظهر اتحادات جديدة من الجينات . في عملية التضريب الاختباري بين أفراد متباينة التركيب الوراثي وأفراد متماثلة التركيب الوراثي المتنحي للارتباط بالجنس نلاحظ أن الاتحادات المشابهة للأباء للمواقع المرتبطة فيما بينها تكون أكثر تكراراً بين أبناء الجيل الناتج .

- إن النسبة بين عدد مرات حدوث العبور إلى العدد الكلي للأبناء الناتجة مضروباً في 100 يمثل المسافة الخرائطية Map distance .

- إن كل وحدة خرائطية تعادل نسبة 1 من حدوث العبور .
- إن المواقع التي تزداد المسافة بينها عن 50 وحدة تعتبر مواقع خاضعة للتوزيع الحر للكُميات .

- خطوات تحديد المسافات الخرائطية :

1. تزاوج أفراد متباينة التركيب الوراثي معروفة لموقع واحد أو موقعين مع أفراد متماثلة التركيب الوراثي المتنحي لهذه المواقع .

2. إذا اشتركت ثلاث مواقع وراثية فسيتم تحديد الموقع المركزي Center locus (الموقع الجيني الذي يتوسط الموقعين الآخرين) وذلك من خلال معرفة الاتحادات الأبوية الأكثر تكراراً بين أبناء الجيل الناتج ومعرفة الاتحاد الأقل تكراراً بين أبناء الجيل .

3. حساب المسافات الخرائطية بشكل مستقل لكل زوج من المواقع الجينية .
- إن الصفات المرتبطة بالجنس تكون محمولة على الكروموسومات الجنسية (X أو Z) .
- إن المظهر المتنحي للصفة المرتبطة بالجنس تكون شائعة بين الذكور أكثر من الإناث.
- إن التضريب التبادلي يعطي نتائج مختلفة .
- الصفات المتأثرة بالجنس تتميز بالآتي :

1- إن التعبير عن التركيب الوراثي للصفة يعتمد على جنس الفرد .
2- إن التضريب التبادلي يعطي نفس النتائج .
- الصفات المحددة بالجنس فهي الصفات التي تظهر لدى جنس واحد فقط كصفة إنتاج الحليب .

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الرابع.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arab ic Text Focused on Chapter 4.

Linkage: Is the close location of genes or other DNA markers to each other on chromosome. The closer the genes are to each other on a chromosome, the more likely they are linked or inherited together from parents to offspring.

Tobiano: is a spotted color pattern commonly seen in pinto horses, produced by a dominant gene. The tobiano gene produces white-haired, pink-skinned patches on a base coat color.

Himalayan rabbits: are known for having a double copy of the ch gene and a mutated albinism gene, which causes the differences in eumelanin and pheomelanin production. The mutation is what creates the specific markings.

Himalayan rabbits have 4 phenotypes, Black, Blue, Chocolate and Lilac. Black is the original and most dominant color, represented by a "B", Chocolate is a color mutation and is represented as a "b" and Black will always be dominant over Chocolate. These two colors are known as full saturation.

How do you know if genes are coupled?

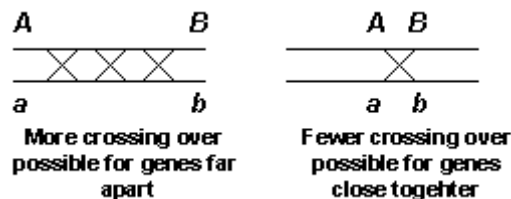
We can see if two genes are linked, and how tightly, by using data from genetic crosses to calculate the recombination frequency. By finding recombination frequencies for many gene pairs, we can make linkage maps that show the order and relative distances of the genes on the chromosome. Coupling refers to the case where dominant alleles are on the same homologue chromosome and both recessive alleles are on the other homologue chromosome. Repulsion refers to the case where each homologous chromosome has one dominant and one recessive allele from the two genes. So, Coupling = AABB, aabb;

Repulsion = AAbb, aaBB.

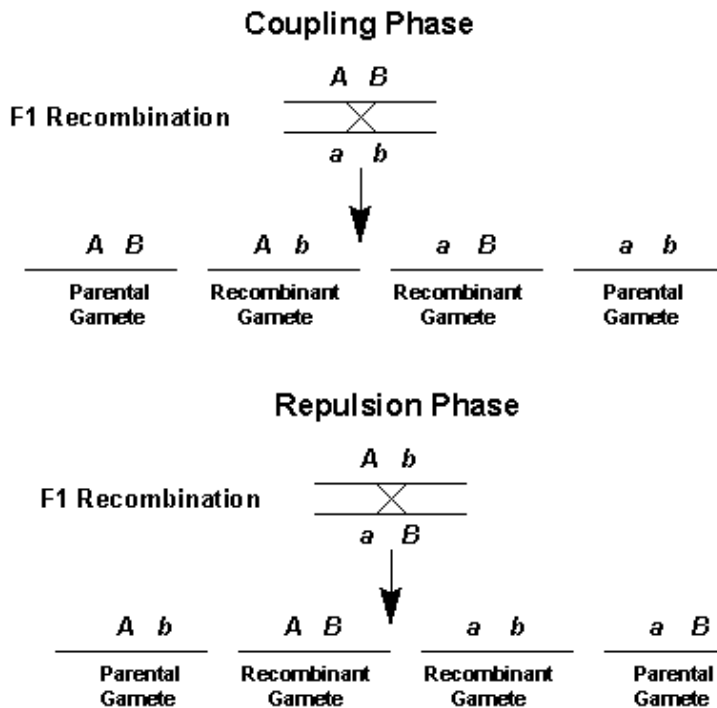
Recombination and Estimating the Distance between Genes

Physical crossing over during meiosis I is a normal event. The effect of this event is to rearrange heterozygous homologous chromosomes into new combinations. The term used for crossing over is **recombination**.

Recombination: can occur between any two genes on a chromosome, the amount of crossing over is a function of how close the genes are to each other on the chromosome. If two genes are far apart, for example at opposite ends of the chromosome, crossover and non-crossover events will occur in equal frequency. Genes that are closer together undergo fewer crossing over events and non-crossover gametes will exceed than the number of crossover gametes. The figure below shows this concept.



Finally, for two genes are right next to each other on the chromosome crossing over will be a very rare event. Two types of gametes are possible when following genes on the same chromosomes. If crossing over does not occur, the products are **parental gametes**. If crossing over occurs, the products are **recombinant gametes**. The allelic composition of parental and recombinant gametes depends upon whether the original cross involved genes in coupling or repulsion phase. The figure below depicts the gamete composition for linked genes from coupling and repulsion crosses.



It is usually a simple matter to determine which of the gametes are recombinant. These are the gametes that are found in the lowest frequency. This is the direct result of the reduced recombination that occurs between two genes that are located close to each other on the same chromosome.

How can we decide how close two genes are on a chromosome? Because fewer crossover events are seen between two genes physically close together on a chromosome, the lower the percentage of recombinant phenotypes will be seen in the testcross data. By definition, one map unit (m.u.) is equal to one percent recombinant phenotypes. In honor of the work performed by Morgan, one m.u. is also called one centimorgan (cM).

What is a genetic map and its function?

Genetic Map: tells us the location of each gene on the chromosome. It is like having the address of each house along a street. It helps us to appreciate how genetic markers along the chromosome may be inherited together. Closer markers are more likely to be inherited together. Gene mapping refers to the process of

determining the location of genes on chromosomes. Today, the most efficient approach for gene mapping involves sequencing a genome and then using computer programs to analyze the sequence to identify the location of genes. Map units can be determined by one percent recombination is equal to one map unit, two percent recombination is equal to two map units, and so forth. There are two types of genome mapping – physical mapping and genetic linkage mapping – in which distances are measured in terms of base pairs and recombination frequency, respectively.

Sex-linked, refers to characteristics (or traits) that are influenced by genes carried on the sex chromosomes. The term often refers to traits or disorders influenced by genes on the X chromosome, as it contains many more genes than the smaller Y chromosome.

Chick sexing is the method of distinguishing the sex of chickens. Chicken sexing is practiced mostly by large commercial hatcheries to separate female chicks or "pullets" (destined to lay eggs for commercial sale) from the males or "cockerels" (most of which are killed within days of hatching because they are irrelevant to egg production). The females and a limited number of males kept for meat production are then put on different feeding programs appropriate for their commercial roles.

Feather sexing: The sex-linked slow-feathering gene can be used for crosses where the sex of the chicks can be determined at hatching time by the length of the wing feathers. A cross between a fast-feathering male and a slow-feathering female results in offspring where the female chicks have primary wing feathers that are significantly longer than the coverts. The male chicks have primary wing feathers that are shorter, about the same length as the coverts.

Sex-Limited, Linked, and Influenced Traits: Some traits are carried on the sex chromosomes, X and Y. Most traits carried are present on only the X-chromosome. The Y-chromosome is smaller, and so, very few genes are located on this chromosome.

Sex traits can be categorized into three types of inheritance: sex-limited, sex-linked, and sex-influenced. Sex-limited traits are traits that are visible only within one sex. For instance, barred coloring in chickens normally is visible only in the roosters. Sex-linked traits would be considered traits like sickle cell anemia and color blindness. They are said to be linked because more males (XY) develop these traits than females (XX). This is because the females have a second X gene to counteract the recessive trait. Thus, the trait is more likely to be visible in the male. Sex-influenced traits are autosomal traits that are influenced by sex. If a male has one recessive allele, he will show that trait, but it will take two recessive for the female to show that same trait. One such gene is baldness.

References

- 1-Bateson, W; Saunders, ER; Punnett, RC (18 May 1904). Reports to the Evolution committee of the Royal Society. London: Harrison and Sons, Printers. Retrieved 21 January 2017.
- 2-Cantor, Rita M. (2013), "Analysis of Genetic Linkage", in Rimoin, David; Pyeritz, Reed; Korf, Bruce (eds.), Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics (6th ed.), Academic Press, pp. 1–9, doi:10.1016/b978-0-12-383834-6.00010-0, ISBN 9780123838346
- 3-Griffiths, AJF; Miller, JH; Suzuki, DT (2000). "Accurate calculation of large map distances, Figure 6-4". An Introduction to Genetic Analysis (7th ed.). New York: W. H. Freeman. ISBN 978-0-7167-3520-8-. Graph of mapping function from compared to idealised 1-1 equivalence of recombination frequency percentage (RF%) to map units.
- 4-Griffiths, AJF; Miller, JH; Suzuki, DT (2000). "Accurate calculation of large map distances, Derivation of a mapping function". An Introduction to Genetic Analysis (7th ed.). New York: W. H. Freeman. ISBN 978-0-7167-3520-5.
- 5-Griffiths AJF; Miller JH; Suzuki DT; Lewontin RC; et al. (1993) . "Chapter 5". An Introduction to Genetic Analysis (5th ed.). New York: W.H. Freeman and Company. ISBN 978-0-7167-2285.
- 6-Griffiths, AJF (2000). An Introduction to Genetic Analysis (7th ed.). W. H. Freeman.
- 7-King R.C; Stansfield W.D. & Mulligan P.K. 2006. A dictionary of genetics. 7th ed, Oxford University Press. ISBN 0-19-530761-5
- 8-Kemsley, Max (3 June 2010). "Chicken sexing". Department of Agriculture, Fisheries and Forestry (Queensland). Archived from the original on 21 January 2013. Retrieved 13 January 2013.
- 9-Lloyd, E.A. "Sexing Baby Chicks". AG Annex. Retrieved 30 August 2015.
- 10-Lobo, Ingrid; Shaw, Kenna. "Discovery and Types of Genetic Linkage". Scitable. Nature Education. Retrieved 21 January 2017.
- 11-Mader, Sylvia (2007). Biology Ninth Edition. New York: McGraw-Hill. p. 209. ISBN 978-0-07-325839-3.
- 12-McKee, Bruce D. (2004-03-15). "Homologous pairing and chromosome dynamics in meiosis and mitosis". Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Structure and Expression. 1677 (1–3): 165–180. doi: 10. 1016/j.bbaexp.2003.11.017. ISSN 0006-3002. PMID 15020057.

Chapter 5 الفصل الخامس

الاحتمالات واختبارات الفرضيات الوراثية Probability and Test of Genetic Hypotheses

خلفية و تعاريف Background and Definitions

يمكن وصف الوراثة المندلية بأنها دراسة الاحتمالات التي تتضمن العدد 0.5 لأن الآباء تنقل نصف جيناتها إلى الأبناء بشكل عشوائي ، وفي الحقيقة ينتقل جين / أليل من كل موقع عشوائياً إلى نسله وإن الغرض من مناقشة الاحتمالات (Probability) ، في هذا الفصل هو فهم الاحتمالات والتوقعات واختبار الفرضيات ، وكذلك تحليل النتائج الوراثية سواء المندلية أو غيرها وخاصة وراثة العشائر بشكل أسهل. المراحل المختلفة المهمة في فهم الاحتمال هي :

1- الوصف لحدث ما بكل دقة .

2- معرفة الفرق ما بين الحدث (Event) والملاحظة (Observed).

في علم الوراثة ، **الاحتمال** هو أداة قياس تساعدنا على التنبؤ بفرصة توارث ذرية محدده لصفة (سمة) معينة من الاهتمام. في الكائنات ثنائية الكروموسومات (الصبغيات) Diploid organisms ، أثناء تكوين الأمشاج Gametes من خلال عملية الانقسام الاختزالي ، هناك فرصة بنسبة 50 ٪ لكل من الكروموسومات لتنتقل إلى الأمشاج . على سبيل المثال ، إذا كان لديك تزاوج حيوانين متغايري الزيجوت Heterozygous لجين (Rr) ، فيمكن استخدام قواعد الاحتمال ومعرفتنا بالوراثة للتنبؤ بأن واحداً من كل 4 نسل سيحصل على نسبة فرد واحد متنحي الأليلات (rr) وتظهر 3 افراد (R-). تتنبأ التوقعات باحتمال حدوث أحداث معينة مثل وراثة سمة معينة في كائن حي، يمكن أن يساعد هذا مربّي النباتات والحيوانات على تطوير المزيد من الخصائص المرغوبة في منتجاتهم. يتم استخدام الاحتمال في علم الوراثة لتحديد احتمالات امتلاك النسل سمة معينة.

1- حساب الاحتمالات - الجزء 1: حساب الاحتمالات مهم للغاية في علم الوراثة. تتنبأ الاحتمالات باحتمال حدوث أحداث معينة مثل وراثة صفة معينة في كائن حي.. يمكن أن يساعد أيضاً في التنبؤ بأنماط وراثة الصفات والأمراض في سلالات العائلة. هناك معلومات أساسية من علم الرياضيات وقواعد الاحتمالات التي يجب تعلمها قبل محاولة

اختبار احتمال الفرضيات ، ومنها 1) يمكن التفكير في احتمال (P) لحدث Event ما على أنه احتمال وقوع الحدث Likelihood (P). لذا ، فإن الاحتمال (P) = عدد المرات التي يتم فيها ملاحظة حدث (s) مقسومًا على العدد الإجمالي للملاحظات Observations (n)

$$P(\text{event}) = s / n$$

على سبيل المثال ، في الشكل 1-5 لمعرف احتمال أن يكون الكلب الذي تم اختياره عشوائيًا من دراسة لون العيون لعدد 30 كلبًا. ان تكون لون العيون زرقاء لعشرة من الكلاب و 20 من الكلاب لديها عيون بنية. لذلك فإن احتمال P الكلب له عيون زرقاء $0.33 = 10/30$ أو $P = 33\%$ واحتمال ان تكون الكلاب لها عيون بنية $0.67 = 20/30$ أو 67% لذلك هناك احتمال 33% أن يكون الكلب الذي يتم اختياره عشوائيًا من ذات عيون زرقاء و 67% احتمال أن تكون عيون بنية.



$$10 + 20 = 30 \text{ dogs}$$

blue eyed brown eyed

$$P(\text{blue eyed}) = \frac{10}{30}$$

$$P(\text{brown eyed}) = \frac{20}{30}$$

$$P(\text{blue eyed}) + P(\text{brown eyed}) = 1$$



الشكل 1-5. احتمال لون العيون في الكلاب.

2- حساب الاحتمالات - الجزء 2: لاحظ أن الاحتمالات لا تكون دقيقة إلا بقدر عدد المشاهدات. كلما زادت الملاحظات ، كلما كان الاحتمال أكثر دقة. أيضًا مجموع احتمالات جميع الأحداث المحتملة المرتبطة بالملاحظة هو 1 أو 100% . باستخدام مثال لون عين الكلب مرة أخرى: إذا علمنا أن احتمال وجود عيون زرقاء لكلب في مجتمع كان 33% ، وأن العيون الزرقاء والعيون البنية هما النمطان الظاهريان الوحيدان المحتملان ، فيمكننا حساب احتمال وجود كلب في أي مجتمع سيكون هناك احتمال

33% أن يكون الكلب الذي يتم اختياره عشوائيًا من ذات عيون زرقاء و 67% احتمال أن تكون عيون بنية. وان مجموع الاحتمالات = 100%
فالاحتمال P لحدث ما يمكن تعريفه :

احتمال الحدث P = عدد مرات الحدث / المجموع الكلي للملاحظات

Probability (P) = the number of times an event is observed (s) divided by the total number of observations (n). $P(\text{event}) = s/n$
حساب الاحتمالات - الجزء 2 ، يمكن أن يصبح حساب الاحتمال مربكًا إذ يتم أخذ المزيد من الصفات / السمات في الاعتبار. الاحتمال المشترك هو احتمال وقوع حدثين أو أكثر معًا. ومع ذلك ، فإن ما إذا كانت هذه الأحداث مستقلة (Independent) أم غير مستقلة يحدد كيفية حساب احتمالاتها. إذا كانت الأحداث مستقلة ، فإن احتمال وقوع حدث واحد لا يتأثر بحدوث حدث ثان. على سبيل المثال ، ضع في الاعتبار الصفات على موقعين مسئولين عن لون الجلد. في الموقع الوراثي "B" يمكن أن يكون الكلب أسود (BB) أو بني (Bb) وفي الموقع الوراثي الثاني "S" يمكن أن يكون الكلب غير مرقط (SS) أو مرقط (Ss) أو مرقط (ss) (الشكل 5-2).



الشكل 5-2. لون الجلد المرقط في الكلاب.

لنفترض أننا نريد معرفة احتمال الحصول على حيوان أسود مرقط من تزاوج Heterozygous $BbSs \times BbSs$. أولاً ، نحتاج إلى حساب الاحتمالات لكل حدث من الحدثين (أسود) أو (مرقط). يمكن حساب احتمالات الأنماط الظاهرية للنسل والأنماط الجينية إذا كانت الأنماط الجينية الأبوية معروفة. على سبيل المثال ، لون الجلد الأسود (B) هو السائد \ المهيمن على اللون البني (b) في الكلاب. إذا زواجنا مع

اثنين من الكلاب السوداء غير المتجانسة Heterozygous، فإن احتمال الحصول على عدد 4 أحداث كما يلي:

جرو أسود (BB) سيكون = 1

جرو أسود (Bb) سيكون = 2

جرو بني (bb) سيكون = 1

لذلك العدد الاجمالي لاحداث او افراد (B -) = ثلاثة ارباع ، (4/3) . باستخدام تحليل مماثل ، فإن احتمال الحصول على جرو مرقط (ss) من تزاوج Ss (heterozygous) $\times$ Ss هو 4/1 أو 0.25 . يتم حساب الاحتمال المشترك للحصول على جرو أسود ومنقط بضرب الاحتمالات الفردية لكل حدث

ولكلاهما P (A و B) $P(A) \times P(B)$ P (A and B both occur) =

لذلك عدد الافراد = $3/4 \times 1/4 = 3/16$ Thus, $P(B_{ss}) = P(B_{-}) \times P(ss) =$

وفي وراثة لون الخيول فهناك تعقيدات التداخل بين جينات لعدد من المواقع الوراثية اضافة الى وجود عدد من الليات ضمن الموقع الوراثي الواحد. ولتبسيط توارث لون الجلد في الخيول ، اذ تشمل ألوان الجلد الأساسية للخيول الكستنائي Chestnut و البني الداكن Bay (الناتج من خلط اللون الاسود والاحمر) والأسود Black (الشكل 3-5 و 4-5 و 5-5). يتم التحكم في هذه من خلال التفاعل بين جينين Melanocortin و Agouti. في الخيول يمكن أن يقال لحدث لون الخيول الملونة يمكن تقسيمها وراثياً إلى خيول سوداء وحمراء، فمربي الخيول أعطوا اسم كستنائي (Chestnut) على الخيول الحمراء (الشكل 3-5). حيث اللون البني متغلب (Dominant) ويرمز له Aa و AA واللون الاسود متنحي (Recessive coat color) ويمز له aa. اضافة الى ذلك فهناك توارث اخر في لون الجلد هو السيادة غير التامة Incomplete dominance او السيادة المتكافئة (Codominant Inheritance) حيث يظهر اللون الطوبي (الشعر الاحمر والابيض معا او الشعر الابيض و الاسود). عند تقدير الاحتمال من عينة من البيانات فمثلاً نفرض أن الحدث هو اللون الكستنائي للخيول وإنه لعينة من 1000 من الخيول . كان 387 منها كستنائية . فإذا احتمال الخيول الملونة الكستنائية = 0.387 (احتمال أن يكون اللون كستنائي) . هذه الدراسة في الوراثة المنديلية تتعامل عادة مع الحالة إذ أن الاحتمالات دقيقة ومعروفة لتغير ما هو متوقع أن يحدث. في

وراثة العشائر أو المجتمعات فالاحتمال المقدر هي مقياس لما يمكن أن يحدث مستقبلاً (وخاصة عند اجراء عمليات الانتخاب للون محدد). إذا تغيرت الظروف فإن الاحتمال المدروس سابقاً لا يمكن تطبيقها . مثلاً إذا أصبح اللون الكستنائي أكثر رغبة للمربين فالانتخاب سوف يعطي نسبة أعلى من اللون الكستنائي. هنالك مظهر للاحتتمالات (للمجتمع أو العينة) هو أن حجم العينة يؤثر في قيمة التقدير. فعينة من 1000 رأساً من الخيول يتوقع منها أن يعطي قيمة أدق لتكرار اللون الكستنائي مما في عينة فيها 10 حيوانات. تكرار الظهور حسابياً مشابه للاحتمال في الحدوث والمثال التالي يوضح الفرق في الاستخدام الطبيعي للمصطلحات للتكرار (Frequency و Probability) ولنفرض إن نسبة الخيول الكستنائية هي بالضبط 0.387 والاحتمال التكرار هو الجزء الكستنائي في عينة الخيول فمثلاً 387 من 1000 بينما الاحتمال هي أن يكون حظ رؤية جواد عشوائياً بلون كستنائي هو 0.384. العدد المتوقع (Expected numbers) هو التنبؤ لعدد الحيوانات التي ستظهر بعض الصفات وتحسب بضرب $N \times P$ ، إذ أن P هي الاحتمال للصفة و N العدد الكلي للحيوانات . لنفرض إن عينة ثانية من 1000 حصان ملون تم فحصها . العدد المتوقع للون الكستنائي $(0.387)(1000) = 387$ وقد يكون العدد الفعلي للكستنائي 400 . فإذا كان العدد الكلي للحيوانات صغير فإن الصدفة (Chance) سوف لن يكون هناك تطابق كبير بين العدد المتوقع والفعلي ولكن إذا فحص عدة عينات كبيرة الحجم فإن العددين يقتربان من بعضهما .



الشكل 4-5 . اللون Bay



الشكل 3-5 . اللون Chestnut



الشكل 5-5 . اللون Black

المفهوم الاساسي للاحتمال Probability basics

الاحتمالات Probabilities هي مقاييس رياضية للاحتمال او التوقعات Likelihood. بعبارة أخرى ، إنها طريقة للقياس الكمي (إعطاء قيمة عددية محددة) لمدى احتمال حدوث شيء ما. يعني احتمال 1 لحدث ما أنه مضمون الحدوث ، بينما يعني احتمال حدوث 0 لحدث أنه مضمون عدم حدوثه. مثال بسيط على الاحتمال هو وجود فرصة بنسبة $2/1$ للحصول على جنس ذكر عند الولادة. يمكن أن تكون الاحتمالات إما تجريبية Empirical ، بمعنى أنه يتم حسابها من ملاحظات الحياة الواقعية ، أو النظرية Theoretical ، مما يعني أنه يتم توقعها باستخدام مجموعة من القواعد أو الافتراضات. • يتم حساب الاحتمال التجريبية لحدث عن طريق حساب عدد مرات حدوث ذلك الحدث وقسمته على العدد الإجمالي لمرات وقوع هذا الحدث. على سبيل المثال ، إذا كان الحدث الذي كنت تبحث عنه عبارة عن جنس كتكوت عند الفقس ذكر ، ورأيتها 1850 مرة من إجمالي 7324 كتكوت تم فحصهم ، فإن الاحتمال التجريبي للحصول على ذكر سيكون $1850 \div 7324 = 0.253$ ، أو قريب جدًا 1 من 4 كتاكيت. يتم احتساب الاحتمال النظري لحدث ما بناءً على معلومات حول القواعد والظروف التي تنتج الحدث. إنه يعكس عدد المرات التي يُتوقع فيها حدوث حدث بالنسبة إلى عدد المرات التي يمكن أن يحدث فيها. على سبيل المثال ، إذا كان لديك تزاوج فردين هجينين متغايرين الزيج لجنس شكل الجلد (Rr) ، فيمكن استخدام قواعد الاحتمال ومعرفتنا بالوراثة للتنبؤ بأن واحدًا من كل 4 نسل سيحصل على فردين اثنين متنحي الأليلات (rr) احتمال 0.25 ($1/4$). سنتحدث أكثر أدناه حول كيفية تطبيق قواعد الاحتمالات في هذه الحالة. بشكل عام ، كلما زاد عدد البيانات المستخدمة لحساب الاحتمال التجريبي ، كلما اقترب من الاحتمال النظري.

قوانين الاحتمالات، معادلة الضرب والجمع

(The product rule and the sum rule)

إحدى قوانين \ معادلات الاحتمالات المفيدة جداً في علم الوراثة هي معادلة الضرب **Product rule** ، والتي تنص على أنه يمكن حساب احتمال وقوع حدثين مستقلين (أو أكثر) معاً بضرب الاحتمالات الفردية للأحداث. على سبيل المثال ، إذا رميت نردًا سداسي الجوانب مرة واحدة ، فلدينا فرصة $1/6$ للحصول على الوجه ذو الرقم ستة. وإذا رميت نردتين في وقت واحد ، فإن الفرص في الحصول على وجهه 6 في النردين هي: (احتمال الوجه ستة عند النرد 1) $\times$ (احتمال الوجه ستة عند النرد 2) $= (1/6) \times (1/6) = 1/36$. بشكل عام ، يمكنك التفكير في قاعدة الضرب على أنها قاعدة يمثلها الحرف "و" "and" إذا كان يجب حدوث كل من الحدث X والحدث Y من أجل الحصول على نتيجة معينة ، وإذا كان كل من X و Y مستقلين عن بعضهما البعض (لا تؤثر احتمال بعضهم على البعض) ، ثم يمكنك استخدام قاعدة الضرب لحساب احتمال النتيجة بضرب احتمال X و Y. يمكننا استخدام قاعدة الضرب للتنبؤ بترددات أحداث الإخصاب. على سبيل المثال ، ضع في الاعتبار تزاوج بين فردين / حيوانين متغاير الزيجوت (Aa) ما هي احتمالات الحصول على فرد aa في الجيل القادم؟ الطريقة الوحيدة للحصول على فرد aa هو إذا ساهمت الأم بأمشاج والأب يساهم في مشيح. كل والد لديه فرصة $1/2$ في تكوين مشيح. وبالتالي ، فإن فرصة النسل aa هي: (احتمال مساهمة الأم) $\times$ (احتمال مساهمة الأب a) $= (1/2) \times (1/2) = 1/4$.

2- قاعدة مجموع الاحتمال The sum rule في بعض مشكلات الوراثة ، قد تحتاج إلى حساب احتمال وقوع أي من الأحداث العديدة. في هذه الحالة ، ستحتاج إلى تطبيق قاعدة أخرى للاحتمال ، وهي قاعدة الجمع. وفقاً لقاعدة المجموع ، فإن احتمال وقوع أي من الأحداث المتنافية العديدة (**Mutually exclusive events**) سيساوي مجموع الاحتمالات الفردية للأحداث. على سبيل المثال ، إذا رميت نردًا سداسي الجوانب ، فهناك فرصة $1/6$ للحصول على أي رقم معين ، ولكن يمكن الحصول على رقم (وجه) واحد فقط لكل رمية. لذلك لا يمكن الحصول على رقم خمسة وستة في نفس الوقت ؛ هذه النتائج متنافية (**Mutually exclusive**). وبالتالي ، فإن فرص الحصول على إما خمسة أو ستة هي: (احتمال الحصول على 5) + (احتمال الحصول على 6) $= (1/6) + (1/6) = 2/6 = 1/3$. ويمكن التفكير في قاعدة الجمع على أنها قاعدة يمثلها الحرف "أو" "or" إذا كانت النتيجة تتطلب حدوث الحدث X أو (or) الحدث Y ، وإذا كان X و Y متنافيان (إذا كان من الممكن حدوث أحدهما أو الآخر في حالة

معينة) ، ثم يمكن حساب احتمال النتيجة عن طريق إضافة احتمال X و Y . وكمثال ، دعنا نستخدم قاعدة الجمع للتنبؤ بنسب النسل من تزاوج $Aa \times Aa$ الذي سيعطي النمط الظاهري السائد AA أو Aa الهجين من هذا التزاوج ، هناك ثلاثة أحداث يمكن أن تؤدي إلى نمط ظاهري سائد: يلتقي اثنان من الأمشاج A (يعطي النمط الجيني AA ، أو يتحد A مشيج من الأم بمشيج a من الأب (يعطي النمط الجيني (Aa) ، أو يتحد مشيج a من الأم مع مشيج A من الأب يعطي النمط الجيني (Aa) في أي حدث (إخصاب) واحد ، يمكن أن يحدث واحد فقط من هذه الاحتمالات الثلاثة (كلاهما متبادل). نظرًا لأن هذه حالة "أو" حيث تكون الأحداث متنافية ، يمكننا تطبيق قاعدة الجمع. يمكننا أن نجد أن كل حدث فردي له احتمال $1/4$. لذا ، فإن احتمال النسل بنمط سائد ظاهري (Dominant phenotype) هو: (احتمال A من الأم و A من الأب) + (احتمال A من الأم و a من الأب) + (احتمال a من الأم و A من الأب) = $4/3 = (4/1) + (4/1) + (4/1)$

قواعد الاحتمال على الحيوانات ثنائية الهجين

Probability rules to dihybrid cross

تطبيق قواعد الاحتمال على الحيوانات ثنائية الهجين dihybrid crosses ، اذ لا يتمتع الحساب المباشر للاحتمالات بميزة كبيرة على حساب توقعات مربع Punnett لسيناريوهات الوراثة أحادية الجين Single-gene inheritance أو Monohybrid cross (شكل 5-6).

		Punnet Square	
		P	P
p		P p	P p
p		P p	P p

شكل 5-6 . مربع Punnett لسيناريو الوراثة أحادية الجين Single-gene Inheritance أو Monohybrid cross ، اذ تظهر فيه أمشاج (كميات) تزاوج فرد PP مع فرد متحي pp ، والتراكيب الوراثية للنسل.

إن الاحتمالات تتعقد نوعاً ما عندما ننظر إلى سلوك اثنين أو أكثر من الجينات. على سبيل المثال ، عند تزاوج كلبين من النوع الجيني BbCc ، حيث يحدد الأليل B السائد لون الجلد الأسود (مقابل b ، لون الجلد الأصفر) والأليل C السائد يحدد الفراء السرح / الناعس (Straight fur) (مقابل c ، الفراء المجعد). بافتراض أن الجينين يصنفان بشكل مستقل (Two genes assort independently) وغير مرتبطين بالجنس ، كيف يمكننا التنبؤ بعدد كلاب BbCc بين النسل؟ ومن استخدام مربع Punnett (شكل 5-7).

ما هو احتمال الحصول على النمط الجيني Bb ؟ و ما هو احتمال الحصول على النمط الجيني Cc genotype ؟ من أجل أن يحصل الجرو على النمط الجيني BbCc ، يجب أن يحدث كلا الحدثين: يجب أن يتلقى الجرو على Bb alleles ، ويجب أن يتلقى على Cc alleles الحدثان مستقلان لأن الجينات تصنف بشكل مستقل (على كروموسومات مختلفة ، لا تؤثر على وراثتها بعضها البعض). لذلك ، بمجرد حساب احتمال كل حدث وراثي ، يمكننا مضاعفة هذه الاحتمالات باستخدام قاعدة الضرب للحصول على احتمال النمط الجيني محل الاهتمام (BbCc) لحساب احتمال الحصول على التركيب الوراثي Bb ، من مربع Punnett باستخدام أليلات الوالدين لجين لون الجلد فقط ، يمكن أن نرى أن احتمال النمط الجيني Bb هو 2\1. (بدلاً من ذلك ، كان بإمكاننا حساب احتمال Bb باستخدام قاعدة الضرب لمساهمات الأمشاج من الوالدين وقاعدة المجموع لمجموعتي الأمشاج اللتين تعطيان (Bb) باستخدام مربع Punnett مماثل لأليلات نسيج الفراء للوالدين ، احتمال الحصول على النمط الجيني Cc هو أيضاً 2\1. للحصول على الاحتمال الإجمالي للنمط الجيني BbCc ، يمكننا ببساطة ضرب الاحتمالين ، مع إعطاء احتمال إجمالي قدره 4\1.

الامشاج	BC	Bc	Bc	Bc
BC	BBCC	BBCc	BbCC	BbCc
Bc	BBCc	BBcc	BbCc	Bbcc
bC	BbCC	BbCc	bbCC	bbCc
bc	BbCc	Bbcc	bbCc	Bbcc

شكل 5-7. مربع Punnett لهجين ثنائي Dihybrid crosses

Punnett square to examine a dihybrid cross: AaBb x AaBb,

اذ تظهر فيه امشاج (كميات) تزاوج فردين هجينه BbCc ، والتراكيب الوراثية للنسل.

التعاريف الأساسية و حساب الاحتمالات في وراثة العشائر Population genetics ، فإذا كان هناك فقط حدثين ممكنين مثلاً الأليل B أو الأليل b باحتمالات p و q فإن ناتج جمع التكرارين لكلا الحدثين تكون واحد $p+q=1$ هذه المعادلة المفتاح الذي نرسي عليه والتي تستخدم في وراثة العشائر. وبهذا يكون $p=1-q$ و $q=1-p$ وهناك علاقة مفيدة تعتمد على حاصل الجمع بين التكرارين وتساوي 1 لأن : $p + q = 1$

فإذاً بتوسيع المعادلة $(p + q)^2 = 1$

نحصل على $1 = q^2 + 2qp + p^2$

قواعد الاحتمال والاحتمالات : توجد ثلاث قواعد لحساب ولاظهار الحدث وترابطه:

1- القاعدة الاولى : وهي احتمال واحد من السلسلة او المجموعة من الاحداث المتناوبة او المتنافسة Mutually exclusive كان يكون A حدث و B حدث او C حدث فان الاحتمال المتوقع لهذا الحدث A او B او C حدث فان الاحتمال المتوقع لهذه الاحداث A و B و C هي حاصل جمع احتمالات هذه الاحداث الثلاث :

$$1 = 3 \setminus 1 + 3 \setminus 1 + 3 \setminus 1$$

$$P(C) + P(B) + P(A) = P(C \text{ او } B \text{ او } A)$$

فمثلاً إن الحدث هو حصان أبيض أو أسود أو كستنائي هو مجموع الاحتمالات. وكان احتمال أن يكون الحصان أبيض أو أسود فقط فهي تساوي $P(A) + P(B)$.

2- القاعدة الثانية هي احتمال وجود حدثين أو أكثر مستقلة فإن وقوع الأحداث يعتمد على احتمالات كل حدث وإن احتمال وقوع الأحداث هو حاصل ضرب احتمالات جميع

الأحداث P (كل العدد الناتج) $(P_n \dots P_2 \times P_1)$ عندما نتوقع عدد P_i وعدد الأحداث i فالحدث الأول A مثلاً جنس المولود كأن يكون ذكر ويكون الحدث الثاني B ذو لون أبيض، أي أن احتمال P (فرد أبيض ذكر) = احتمال P (فرد أبيض) $\times$ احتمال (فرد ذكر). مثال عند تزاوج فردين غير متماثلين التراكيب الوراثية (Heterozygotes) للصفة السائدة ملونة لوناً أسود Bb مع Bb فإن احتمال تكون الصفات المظهرية هي اللون الأسود (BB أو Bb) هي $4/3$ وفي النسل يكون صفة اللون الأحمر bb هو $1/4$.

3- القاعدة الثالثة: تستعمل لحساب التكرار المتوقع من توزيع فتح المعادلة ذات المجهولين أو الحدين (الثنائي) Binomial expansion من التكرار لاثنيين من الأحداث المتبادلة التنافسية أو من التوزيع ذي الحدين حيث يمثل معامل كل كمية احتمال وقوعها:

$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

$$(p + q)^3 = p^3 + 3pq^2 + 3p^2q + q^3 \quad \text{وهكذا عند}$$

وكمثال على القاعده الثالثه نأخذ المثال التقليدي: اذا تم رمي قطعة نقود (عملة ذات وجهين) A two-sided coin عدد 6 مرات ما إمكانية الحصول على رأس (Heads) (H) أو ذيل (Tails) (T). ما هو احتمال الحصول على 4 رؤوس؟ يمكن كتابة الاحتمالين في صورة ذات الحدين $(H + T)^n$ حيث n هو عدد مرات رمي العملة. لذلك إذا تم رمي العملة 6 مرات، فلذلك تكون المعادله ذات الحدين:

$$(H + T)^6$$

وعند توسع (فك) معادلة ذي الحدين Binomial expansion حسب معادله Pascal's triangle الاتيه:

$$\begin{aligned} (a + b)^0 &= 1 \\ (a + b)^1 &= a + b \\ (a + b)^2 &= a^2 + 2ab + b^2 \\ (a + b)^3 &= a^3 + 3a^2b + 3ab^2 + b^3 \\ (a + b)^4 &= a^4 + 4a^3b + 6a^2b^2 + 4ab^3 + b^4 \\ (a + b)^5 &= a^5 + 5a^4b + 10a^3b^2 + 10a^2b^3 + 5ab^4 + b^5 \end{aligned}$$

لذلك فان فتح $(H + T)^6$ هو:

$$1 H^6 T^0 + 6 H^5 T^1 + 15 H^4 T^2 + 20 H^3 T^3 + 15 H^2 T^4 + 6 H^1 T^5 + 1 H^0 T^6$$

تمثل معاملات فتح معادلة ذي الحدين عدد الاحتمالات (أو مجموعات) عدد الرؤوس وذبول (يمثلها الأسس على H و T التي تتبع المعامل. عدد الطرق (الاحتمالات) التي يمكن بها رمي العملة المعدنية والحصول على:

$$6 \text{ Heads (and 0 Tails)} = 1$$

$$5 \text{ Heads (and 1 Tail)} = 6$$

$$4 \text{ Heads (and 2 Tails)} = 15$$

$$3 \text{ Heads (and 3 Tails)} = 20$$

$$2 \text{ Heads (and 4 Tails)} = 15$$

$$1 \text{ Head (and 5 Tails)} = 6$$

$$0 \text{ Heads (and 6 Tails)} = 1$$

يشكل عام ، مجموع معاملات حل المعادلة (Sum of the coefficients) ذي الحدين $(a+b)^n$

ويساوي 2^n هذا المجموع يمثل العدد الإجمالي لـ الاحتمالات عند رمي قطعة نقود 6 مرات. في هذه الحالة مجموع المعاملات =

$$64 = 2^6 = (1 + 6 + 15 + 20 + 15 + 6 + 1)$$

In this case the sum of the coefficients = $(1 + 6 + 15 + 20 + 15 + 6 + 1) = 2^6 = 64$

لذا فإن احتمال الحصول على 4 رؤوس هو $0.2344 = 64 \div 15$

الملاحظة أو الإدراك و الاحتمالات The perception of probability

إن ملاحظة الاحتمالات ربما تتغير اعتماداً على توفير البراهين والملاحظات مثال على ذلك ثور لقح 30 من بناته بواسطة التلقيح الاصطناعي وهو يحمل حالة القدم غير الطبيعية (قدم البغل) (Mule foot) وهو حالة ترجع إلى احتمال جين متنحي . إن احتمال عدم ظهور حالة غير طبيعية في البنات فإن احتمال أن تكون الحيامن تحمل الجينات الطبيعية 100% باحتمال وثقة عالية ولكن عند ظهور وبعد 60000 ولادة من مواليد صفة قدم البغل في أحد المواليد ، وعليه تكون وحسب الفرضية إن نصف

حيامنه حاملة لجين قدم البغل . إن ملاحظة هذه الحالة قد غيرت احتمال أن تكون الجينات طبيعية من 1.00 إلى 0.5 بسبب ظهور حالة واحدة ، عليه تكون في هذه الحالة احتمال وجود الجين المتنحي 0.5 بدلاً من الصفر .

اختبار الفرضيات الوراثية Testing of genetic hypothesis تقاس الاحتمال على أساس إن الفرضية الوراثية هي حقيقية. على سبيل المثال هل تتطابق النتائج مع الواقع ؟ وهل إن النتائج تتطابق مع القيم المتوقعة ؟ هنالك احتمال قليل أو ضعيف كون البيانات قد تظهر عدم التطابق مع الفرضية. ولكن ما هي عملية اختبار الفرضية؟ في اختبار الفرضيات ، يقوم الباحث باختبار عينة إحصائية بهدف تقديم دليل على مقبولية الفرضية العدم (Null hypothesis). يختبر المحللون الإحصائيون فرضية عن طريق قياس وفحص عينة عشوائية من المجتمع. هناك 7 خطوات لاختبار الفرضية الإحصائية:

- 1- تحديد العينة التي سوف تدرس.
- 2- تحديد فرضية العدم والفرضية البديلة Alternative Hypothesis.
- 3- جمع البيانات.
- 4- اجراء الاختبار الاحصائي.
- 5- تحديد مناطق القبول / الرفض من خلال قيم P-value .
- 6- استخلاص الاستنتاج.

في اختبار فرضية العدم ، فإن قيمة p -value هي احتمال الحصول على نتائج اختبار هل هي متطرفة (تحدث بالصدفة) او كما هي ضمن المعقول / متطابقه، على افتراض أن الفرضية العدم صحيحة. تعني قيمة p -value صغيرة جدًا ، أن مثل هذه النتيجة المتطرفة Extreme على عكس النتيجة المرصودة (Actually observed) ستكون غير مرجحة للغاية في ظل فرضية العدم. يعد الإبلاغ عن قيم p للاختبارات الإحصائية ممارسة شائعة في البحوث العلمية والأكاديمية. تُعرّف قيمة P على أنها الاحتمال في ظل افتراض عدم وجود تأثير أو عدم وجود فرق (فرضية العدم) ، للحصول على نتيجة مساوية أو أكثر تطرفًا مما لوحظ بالفعل. يشير P إلى الاحتمال ويقاس مدى احتمال أن أي فرق ملحوظ بين المجموعات يرجع إلى الصدفة $P > 0.05$. هو احتمال صحة الفرضية العدم. ولا بد من الاشارة الى ان 1 ناقص قيمة P ($1 - P$) هو احتمال أن الفرضية البديلة صحيحة. تعني نتيجة الاختبار ذات الدلالة المعنوية الإحصائية ($P \leq 0.05$) أن فرضية الاختبار خاطئة أو ينبغي رفضها. في حين تعني قيمة P أكبر من 0.05 أنه لم يلاحظ أي تأثير. وبعبارة أخرى في حال إن فرضية العدم هي حقيقية True ولكن العينة تقود إلى الرفض للفرضية والأخصائيون يدعون هذه الأخطاء من

النوع الأول بينما يكون الخطأ الثاني هو الذي يحدث عندما تكون الفرضية حقيقية وتقبل . إن القبول أو الرفض للفرضية يكون إما صحيحاً أو خاطئاً وباحتمال محدد . وعلى ضوء هذه الاحتمالات تتم الاختبارات الإحصائية التقليدية وتشمل عادة الاحتمال الخطأ من النوع الأول عند مستوى 0.05 أو 0.01 . فمثلاً تفرض صحة الفرضية من خلال معادلة ذي الحدين وعند رفضها من خلال حساب احتمال النتائج متوافقة أو غير متوافقة مع الفرضية إذا كانت صحيحة . فمثلاً إذا كان اللون الأسود سائد في ماشية اللحم عن اللون الأحمر . فإذا لقح ثور أسود هجين التركيب الوراثي 10 إناث حمراء اللون وقد حصل على 7 أفراد سوداء و 3 أفراد حمراء (بدلاً من النسبة المتوقعة 5 : 5) ، فما هي الصدفة (Chance) أو الاحتمال للحصول على هذه الأعداد استناداً إلى الفرضية ؟ إذ تؤكد الفرضية بأن عدد الأبناء تكون بمعدل 1 أسود إلى 1 أحمر . وعند إجراء الاختبار لابد من حساب احتمال ظهور كل من الأفراد السوداء والحمراء بالتوليفات التي تنتج حسب معادلة ذي الحدين وباحتمال 0.5 لكل من اللون الأسود والأحمر . وإن التوليفات قد تكون :

10 أفراد سوداء بدون أي فرد أحمر أو

9 أفراد سوداء وفرد واحد أحمر أو

8 أفراد سوداء و 2 فرد أحمر أو

7 أفراد سوداء و 3 أفراد أحمر أو

6 أفراد سوداء و 4 أفراد أحمر أو

5 أفراد سوداء و 5 أفراد حمراء أو

4 أفراد سوداء و 6 أفراد حمراء أو

3 أفراد سوداء و 7 أفراد حمراء أو

2 فرد أسود و 8 أفراد حمراء أو

فرد واحد أسود و 9 أفراد حمراء أو

لا فرد أسود و 10 أفراد حمراء . كما في الجدول 5-1:

إن معدل أو نسبة الاختلاف عن 5 : 5 (3 : 7) تقريباً تظهر في 0.117 من المرات (أي احتمال 0.117) ، وهذه النتيجة لا تحقق الرفض للفرضية في ظهور الأسود والأحمر . أي يستنتج بأن نسبة 7 : 3 لا تختلف إحصائياً عن نسبة 5 : 5 ($P > 0.05$) (على الرغم من وجود فرق حسابي). ولكن عند ظهور أي من النسب 8 : 2 أو 9 : 1 أو حتى 10 : 0 فإن الاحتمالات ستكون أقل من 0.044 ، وفي أي من هذه الحالات سيكون هناك فرق إحصائي معنوي ($P \leq 0.05$) بين هذه النسب والنسبة 5 : 5 .

ويستنتج برفض فرضية العدم Null hypothesis (والتي تشير بعدم وجود فرق بين النسب).

إن الاحتمالات ليست متشابهة عندما تكون الاحتمالات للأحداث ليست نصف وكمثال على ذلك في الكلاب ومنها Collie التي تستعمل في رعي الأغنام .

الجدول 5-1. احتمالات ظهور الأفراد السوداء والحمراء بالتوليفات التي تنتج حسب معادلة ذي الحدين وباحتمال 0.5 لكل من اللون الأسود والاحمر.

عدد الأسود	عدد اللون الاحمر	احتمال النتائج (P)
10	0	$1/1024 = 0.001$
9	1	$10/1024 = 0.010$
8	2	$45/1024 = 0.044$
7	3	$120/1024 = 0.117$
6	4	$210/1024 = 0.205$
5	5	$252/1024 = 0.246$
4	6	$210/1024 = 0.205$
3	7	$120/1024 = 0.117$
2	8	$45/1024 = 0.044$
1	9	$10/1024 = 0.010$
0	10	$1/1024 = 0.001$
		Total = 1.000

* عدد المعاملات = $2^{10} = 1024$ = Sum of the coefficients

ويكون الأليل لنوع أسود قاتم sable متغلب على الأليل الأسمر والأسود الفاتح . هنالك فرضية إذا تزاوجت هجن سوف يكون Phenotype لجراء (جمع جرو) 75% أسود قاتم و 25% أسود فاتح ويشير الجدول 5-2 للإحتمالات الممكنة لمجموع 10 أبناء بالاعتماد على معادلة ذي الحدين (0.75 أسود قاتم + 0.25 أسود فاتح) 10 ويبين الجدول أن يكون احتمال ظهور 5 أسود قاتم و 5 أسود فاتح هو 0.058 ولكن سيكون التوقع تقريباً واحد لكل 20 للحصول على أقل من 5 أفراد سوداء قاتمة وكذلك للحصول على 10 أفراد سوداء فاتحة تكون واحد من كل مليون .

جدول 5-2 . يبين احتمالات لكل 10 مواليد عندما يكون 0.75 أسود قاتم و 0.25 أسود فاتح

احتمال	عدد الأبناء اسود فاتح	عدد الأبناء أسود قاتم
0.056	0	10
0.188	1	9
0.282	2	8
0.290	3	7
0.146	4	6
0.058	5	5
0.016	6	4
0.003	7	3
0.0004	8	2
0.00003	9	1
0.000001	10	0

اختبار مربع كاي Chi-square

ما هو اختبار مربع كاي؟ لمقارنة البيانات المرصودة المصنفة كعدد من الاحداث Count data والمتوقعة Expected يقارن اختبار مربع كاي بيانات العد في مجموعات مختلفة مع الأعداد المتوقعة داخل كل مجموعة. يمكن أن تكون المواضيع في التجربة أفراداً أو أحداثاً أو عناصر أو أي شيء آخر طالما أنه يمكن عدّها. إنها طريقة مرنة حيث يجب على الباحث تحديد الأعداد المتوقعة لكل مجموعة. يمكن أن تكون الأعداد المتوقعة تتبع بعض التوزيع الإحصائي ، أو أي شيء آخر تماماً. لتحليل المعدلات أو النسب المئوية Rates or percentages ، فإن مربع كاي هو الأداة المناسبة. يجب إدخال الترددات المتوقعة كأعداد. مثال على إعداد التجربة افترض أن لديك 605 دجاجة موزعة على خمس فئات وكان انتاج البيض في كل كما أدناه:

- المجموعة أ: 200
- المجموعة ب: 102
- المجموعة ج: 50
- المجموعة د: 153
- المجموعة هـ: 100

يمكننا المقارنة الأعداد التي نلاحظها للتوزيع المتوقع لمعرفة ما إذا كان هناك دليل على أن عينتنا ككل مختلفة عن التوزيع المفترض (وهو ان كل مجموعه تنتج نفس عدد البيض). كيف أجد النسب او الاعداد المتوقعة؟ تتطلب عمليات حاسب Chi-square إدخال النسب المتوقعة في كل مجموعة حتى تعرف ما الذي تقارن به. فيما يلي مثال

على كيفية حساب الترددات المتوقعة. أحد الافتراضات الشائعة هو أن جميع المجموعات متساوية (على سبيل المثال $121 = 5/605$ بيضه متوقع لكل مجموعة). وتكون الكسور العشرية مقبولة طالما أن الترددات المتوقعة تضيف ما يصل إلى العدد الإجمالي للملاحظات. كيفية حساب مربع كاي يدويًا لا يعد مربع كاي معقدًا مثل بعض الاختبارات الإحصائية ويتم إجراؤه يدويًا في بعض الأحيان. يمكنك استخدام الصيغة أدناه ، وإدخال الترددات الملحوظة أو المسجلة (O) Observed والمتوقعة (E) Expected لكل مجموعة. من خلال تلخيص القيم المحسوبة لكل فئة من الفئات ، يمكننا حساب إحصائية اختبار مربع كاي كما هو موضح أدناه: يتطلب التحليل الآتي:

- تحليل الأعداد
 - عدد كبير من الأعداد / الموضوعات في كل فئة (عادة أكبر من 5)
 - المقارنة مع التوزيع النظري للبيانات.
- الاختبارات والآلات الحاسبة ذات الصلة اختبار Chi-Square لجداول المصادفة Contingency tables تستخدم اختبارات Chi-Square أيضًا لتحليل جداول المصادفة. إذا كان لديك جدول 2×2 ، الفرق هو أنه مع جداول المصادفة ، يتم حساب الأعداد المتوقعة مع افتراض أن المتغيرات غير مرتبطة. تفسير لنتائج اختبارات قيمة Chi-square p إذا كانت الأعداد الملحوظة متوافقة مع الأعداد المتوقعة. يمكنك تفسير أرقام قيمة مربع كاي التي تقل عن (غالبًا 0.05) على أنها "دليل على أن البيانات لم يتم أخذ عينات منها من التوزيع الذي توقعته". إذا كانت قيمة P أكبر من 0.05 ، فلا يوجد دليل على أن القيم الملحوظة كانت مختلفة عن التوزيع النظري المتوقع. عند استخدام مربع كاي ممكن استخدام درجات الحرية لاختبار الفرضية وتحديد ما إذا كانت النتائج قد تحدث بالصدفة في حالة كون الفرضية صحيحة . وبعبارة أخرى إذا كانت قيمة مربع كاي المحسوبة أعلى من القيمة الحرجة (الجدولية) بمستوى احتمال الخطأ من النوع الأول أقل من 0.05 أو 0.01 تكون الملاحظات والبيانات غير متطابقة مع الفرضية أما عندما تكون قيمة مربع كاي أقل من القيمة الحرجة تفقدنا للاستنتاج بقبول الفرضية باحتمال الخطأ P value على من 0.05 . يكون عدد درجات حرية عادة واحد أقل من عدد المجاميع التي استخدمت في حالة استخدام مجموعتين . وكمثال على ذلك الأسود والبنّي في مثال الخيول تكون درجات الحرية $1 - 2 = 1$.

اختبار المطابقة / الجودة Chi-square goodness-of-fit test

لاختبار المطابقة نأخذ المثال البسيط الآتي: لنفترض أن نسبة الذكور إلى الإناث في الولادات هي بالضبط 1:1 ، (أي فرضية العدم) ولكن في إحدى الفقسات كان هناك 80 أنثى و 40 ذكرًا. هل هذا خروج كبير عن التوقعات؟ نمضي على النحو التالي. ضع جدولاً كما هو موضح أدناه (جدول 5 – 3)، مع الأرقام "الملاحظة" Observed counts والأرقام "المتوقعة" Expected. ثم اطرح كل قيمة "متوقعة" من القيمة "الملاحظة" المقابلة (O-E) ، ثم قم بتربيع قيم "O-E" ، وقسم كل منها على القيمة "المتوقعة" ذات الصلة لإعطاء $\{(O-E)^2 / E\}$ أضف جميع / كل $(O-E)^2 / E$ فيكون المجموع هو قيمة كاي " X^2 " (جدول 5 – 3).

جدول 5 – 3. خطوات اختبار كاي لمطابقة القيم الملاحظة و المتوقعة.

المجموع Total	ذكور Male	إناث Female	
120	40	80	الاعداد الملاحظة Observed numbers (O)
$120 * 1$	$60 * 3$	$60 * 3$	الاعداد المتوقعة Expected numbers (E)
$0 * 2$	-20	20	O – E
	400	400	$(O-E)^2$
$13.34 = X^2$	6.67	6.67	$(O-E)^2 / E$

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{observed} - \text{expected})^2}{\text{expected}}$$

ملاحظات: * يجب أن يكون المجموع دائماً هو نفسه المجموع للملاحظات المتوقعة

* كانت فرضية العدم واضحة هنا: أن هناك أعداداً متساوية من الذكور والإناث ، لذلك قد نتوقع أن يكون هناك أعداد متساوية من الذكور والإناث. لذلك نقسم إجمالي عدد لدينا (120) بنسبة 1:1 للحصول على القيم "المتوقعة". الآن يجب أن نقارن قيمة X^2 الخاصة بنا بقيمة (مربع كاي) في جدول الخاص بقيم كاي. مع $n-1$ درجة من الحرية (حيث n هو عدد الفئات ، أي 2 في حالة - ذكور وإناث). لدينا درجة واحدة فقط من الحرية (ن - 1). من الجدول 5 – 4 نجد القيمة الحرجة 3.84 لاحتمال $p = 0.05$ إذا تجاوزت القيمة المحسوبة لـ X^2 القيمة الحرجة لقيمة الجدول 5 – 2 فسيكون لدينا فرق كبير عن التوقع. في الواقع ، تتجاوز X^2 المحسوبة لدينا (13.34) حتى قيمة الجدولة (10.83) باحتمال $p = 0.001$. هذا يدل على خروج شديد عن التوقعات. لا يزال من الممكن أن نحصل على هذه النتيجة عن طريق الصدفة (احتمال أقل من 1 في

1000). ولكن يمكننا أن نكون واثقين بنسبة 99.9٪ أن بعض العوامل البايولوجية تؤدي إلى "تحيز" عن تساوي عدد الإناث والذكور. الجدول 5 – 4. قيم كاي الجدولية.

0.001	0.01	0.02	0.05	0.10	0.5	Df
10.827	6.635	5.412	3.841	2.706	0.455	1
13.815	9.210	7.824	5.991	4.605	1.386	2
16.268	11.345	9.837	7.815	6.251	2.366	3
18.465	13.277	11.668	9.488	7.779	3.357	4
20.517	15.086	13.388	11.070	9.236	4.351	5

يمكن اختبار مربع Chi مع التهجين الجيني بين فردين من النمط AaBb الناتج من تزاوج النمط الجيني AAbb و aabb حيث يمثل A و a الأليلات السائدة والمتنحية لجين في الموقع الوراثي الأول ، ويمثل B و b الأليلات السائدة والمتنحية لجين آخر في موقع وراثي مستقل. نحن نعلم أن كل جيل F1 الجيل الأول من ذرية هؤلاء الآباء سيكون لديهم النمط الجيني AaBb وأن النمط الظاهري الخاص بهم سيعرض كلا من الأليلات السائدة. سينتج الهجين من الجيل الأول F1 هذا 4 أنواع من الأمشاج AB و Ab و aB و ab ، وسنتهي بمجموعة متنوعة من الأنماط الجينية في الجيل الثاني F2 (الجدول 5 - 5).

الجدول 5 – 5. الكميات \ الأمشاج الناتجة من تزاوج فردين هجين الجيني الثنائي والأنماط الجينية للجيل الثاني.

Gametes				Gametes
Ab	aB	Ab	AB	
AABb	AaBB	AABb	AABB	AB
AAbb	AaBb	AAbb	AABb	Ab
AaBb	aaBB	AaBb	AaBB	aB

الجدول 5 – 6. الكميات \ الامشاج الناتجة من تزاوج فردين هجين الجيني الثنائي ، والانماط الجينية للجيل الثاني.

Phenotype					
Total	aabb	aaB-	A-bb	AABB	
80	4	16	20	40	Observed numbers (O) الاعداد الملاحظة
80	5	15	15	45	Expected numbers (E) الاعداد المتوقعة
0	-1	1	5	-5	O – E
	1	1	25	25	(O-E)2
$2.50 = X^2$	0.20	0.07	1.67	0.56	(O-E)2 / E

الأنماط الجينية لافراد الجيل الثاني تنقسم إلى 4 أنماط ظاهرية ، النسبة المتوقعة من هذه الأنماط الظاهرية هي 9: 3: 3: 1 (كما تم شرحه سابقا). وإذا كانت نتائج التوزيع observed counts كما في الجدول (5 - 6). مع ثلاث درجات الحرية (3 df) نجد قيمة X^2 من الجدول البالغة 7.82 وبناءا على ذلك فان قيمة X^2 المحسوبه اقل من قيمة X^2 من الجدول لذلك لا ترفض فرضية العدم. وإن البيانات المتحصل عليها متوافقة (Consistent) مع النسبة المتوقعة بان النسبة المتوقعة 9: 3: 3: 1. اي ان لا يوجد فرق احصائي بين النسب المتحصل عليها و النسب المتوقعة.

اختبار مربع كاي للتصنيفات المزدوجة Chi-squared: double classifications

يمكن أيضا استخدام اختبار Chi-square لاختبار الاستقلالية بين تصنيفات مزدوجة Contingency table او Chi Square Test of Independence

جدول التصنيف المزدوج contingency table والذي يحتوي على صفوف وأعمدة للبيانات . وكمثال لجدول 2 X 2 اي فيه صفين وعمودين كالتالي:

هناك عدة أنواع من اختبارات مربع كاي اعتمادًا على طريقة جمع البيانات واختبار الفرضية. سنبدأ بأبسط حالة: جدول التصنيف المزدوج 2 × 2. إذا قمنا بعمل جدول 2 × 2 على الترميز العام الموضح أدناه في الجدول 5 - 7 ، باستخدام الأحرف a و b و c و d للإشارة إلى محتويات الخلايا ، فسنحصل على الجدول التالي. وإذا فرضنا بان لعدد من الحيوانات اعطيت دواء معين وكانت البيانات مدرجه في الجدول 5 – 8.

الجدول 5 – 7. جدول التصنيفات المزدوجة العام.

Variable 2	Data type 1	Data type 2	Totals
Category 1	a	B	a + b
Category 2	c	D	c + d
Total	a + c	b + d	a + b + c + d = N

بالنسبة لجدول التصنيف المزدوج 2×2 ، يتم حساب إحصائية Chi Square بواسطة الصيغة: ملاحظة: لاحظ أن المكونات الأربعة للمقام هي الإجماليات الأربعة من أعمدة الجدول وصفوفه. لنفترض أنك أجريت تجربة مخدرات على مجموعة من الحيوانات وافترضت أن الحيوانات التي تتلقى الدواء ستعيش بشكل أفضل من تلك التي لم تتلق الدواء. وبعد إجراء الدراسة وتجمع البيانات التالية. هل ان بقاء او هلاك الحيوانات مستقل عن العلاج بالعقاقير

جدول 5 – 8. نتائج تجربة اعطاء الدواء لعدد من الحيوانات

Total المجموع	Dead التي هلكت	Alive التي عاشت	
50	36	14	Treated التي تم معاملتها
55	30	25	Not treated لم تعامل
105	66	39	Total المجموع

بتطبيق الصيغة أعلاه نحصل على

$$\text{Chi square} = 105 [(36) (25) - (14) (30)]^2 / (50) (55) (39) (66) = 3.418$$

قبل أن نتمكن من المتابعة يجب أن نعرف كم درجة الحرية لدينا. عند إجراء مقارنة بين عينة وأخرى ، فإن القاعدة البسيطة هي أن درجات الحرية متساوية (عدد الأعمدة مطروحاً منه واحداً) $\times$ (عدد الصفوف ناقص واحد). بالنسبة للبيانات أعلاه ، فإن هذا يعطي درجة الحرية = 1

لدينا الآن قيمة مربع كاي ($x^2 = 3.418$) ، ومستوى دلالة ألفا () والتي تعني احتمال الخطأ من الدرجة الأولى) وتمثل (α of Type I error Probability) مسبقاً (0.05) ، ودرجات الحرية (df = 1) عند دخول جدول توزيع مربع Chi بدرجة واحدة من الحرية ، نجد أن قيمة ($x^2 = 3.418$) تقع بين 2.706 و 3.841. الاحتمال المقابل هو 0.10. هذا أقل من مستوى الأهمية المقبول تقليدياً وهو 0.05 أو

5% ، لذلك تم التحقق من فرضية العدم بأن التوزيعين متماثلان. بمعنى آخر ، عندما تتجاوز قيمة χ^2 المحسوبة القيمة الحرجة في الجدول لمستوى احتمال 0.05 ، يمكننا حينئذٍ رفض فرضية العدم للتوزيعات المتساوية. نظرًا لأن قيمة χ^2 الخاصة بهذه التجربة (3.418) لم تتجاوز القيمة الحرجة لمستوى احتمال 0.05 (3.841) ، يمكننا قبول الفرضية العدم القائلة بأن بقاء الحيوانات مستقل عن العلاج بالعقاقير ، أي أن الدواء لم يكن له أي تأثير على البقاء على حياة الحيوانات أو هلاكها، وكذلك يمكن الاستنتاج بان لا يوجد علاقة بين الدواء المستعمل وبقاء او علاج او هلاك الحيوانات حية.

الخلاصة والاستنتاج:

العلاقة بين مربع كاي احصائيا ووراثيا				
قيمة χ^2 المحسوبة	التوافق بين الاعداد الملاحظة والمتوقعة	احتمال الصدفة	النتيجة	الاستنتاج
كبيرة	ضعيف	قليل	رفض فرضية العدم	وجود فرق معنوي
صغيرة	جيد	كبير	قبول فرضية العدم	عدم وجود فرق معنوي

ولذلك فإن اختبار مربع كاي (Chi square) هو المطابقة للقيم المستحصل عليها بالتجارب العلمية (القيم المشاهدة أو الملاحظة أو الفعلية) مع القيم المتوقعة أو النظرية والتعرف على احتمال انحرافات القيم المستحصل عليها مع القيم المتوقعة ، فإذا كان الاحتمال أقل من 5% (0.05) فيعتبر الانحراف كان بسبب بيولوجي وليس بسبب الصدفة. وكمثال إذا توارث اللون الأحمر السائد على الأبيض في الدجاج فإن تزاوج ديك أحمر خليط (Heterozygote) مع دجاج أبيض اللون فإن الفرضية تشير إلى توقع اللون الأحمر بنسبة 3 : 1 أبيض ، فإذا تم الحصول على 310 فرخ أحمر و 90 فرخ أبيض من هذا التزاوج فهل إن الأعداد الفعلية المستحصل عليها تتفق مع فرضية التوارث.

مع العلم إن النسب المتوقعة لعدد 400 فرخ هي 300 أحمر و 100 أبيض .

$$1.33 = 100 / \{^2(90 - 100)\} + 300 / \{^2(300 - 310)\} = \chi^2$$

من جدول 4-5 نجد إن احتمال الصدفة أن تؤدي إلى انحراف القيم الفعلية عن القيم المتوقعة و بدرجة حرية = 1 هي بين 0.1 و 0.5 مما يستدل على قبول فرضية العدم ، اي إن النسب المستحصل عليها هي نفس القيم المتوقعة.

القاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الخامس

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 5.

Probability: In genetics, probability is a measurement tool that helps us predict the chances of an offspring being inherited with a particular trait of interest. In diploid organisms, during the formation of gametes by the process of meiosis there is a 50% chance for each of the chromosomes to get passed on to the gamete. Calculating probabilities is extremely important in genetics. There are a few basic math rules of probability :1) The probability (P) of an event can be thought of as the likelihood that an event will occur. So, probability (P) = the number of times an event is observed (s) divided by the total number of observations (n). $P(\text{event}) = s/n$

Probabilities can be either empirical, meaning that they are calculated from real-life observations, or theoretical, meaning that they are predicted using a set of rules or assumptions.

- The **empirical probability** of an event is calculated by counting the number of times that event occurs and dividing it by the total number of times that event could have occurred.

- The **theoretical probability** of an event is calculated based on information about the rules and circumstances that produce the event. It reflects the number of times an event is *expected* to occur relative to the number of times it could possibly occur. For instance, if you had a mating 2 heterozygous (Rr), you could use the rules of probability and your knowledge of genetics to predict that 1 out of every 4 offspring would get two recessive alleles (rr), corresponding to a 0.25 (1/4) probability.

The product rule: One probability rule that's very useful in genetics is the **product rule**, which states that the probability of

two (or more) independent events occurring together can be calculated by multiplying the individual probabilities of the events. For example, if you roll a six-sided die once, you have a $1/6$ chance of getting a six. If you roll two dice at once, your chance of getting two sixes is: (probability of a six on die 1) $\times$ (probability of a six on die 2) = $(1/6) \cdot (1/6) = 1/36$.

For instance, consider a cross between two heterozygous (Aa) individuals. What are the odds of getting an " aa " individual in the next generation? The only way to get an " aa " individual is if the mother contributes an a gamete and the father contributes an a gamete. Each parent has a $1/2$ chance of making an a gamete. Thus, the chance of an " aa " offspring is: (probability of mother contributing a) $\times$ (probability of father contributing a) = $(1/2) \cdot (1/2) = 1/4$.

The sum rule of probability: In some genetics problems, you may need to calculate the probability that any one of several events will occur. In this case, you'll need to apply another rule of probability, the sum rule. According to the sum rule, the probability that any of several mutually exclusive events will occur is equal to the sum of the events' individual probabilities. For example, if you roll a six-sided die, you have a $1/6$ chance of getting any given number, but you can only get one number per roll. You could never get both a one and a six at the same time; these outcomes are mutually exclusive. Thus, the chances of getting either a one *or* a six are: (probability of getting a 1) + (probability of getting a 6) = $(1/6) + (1/6) = 1/3$. As an example, let's use the sum rule to predict the fraction of offspring from an $Aa \times Aa$ cross that will have the dominant phenotype (AA or Aa genotype). In this cross, there are three events that can lead to a dominant phenotype:

- Two A gametes meet (giving AA genotype), *or*

- A gamete from Mom meets *a* gamete from Dad (giving *Aa* genotype), or
- *a* gamete from Mom meets *A* gamete from Dad (giving *Aa* genotype)

In any one fertilization event, only one of these three possibilities can occur (they are mutually exclusive). Since this is an “or” situation where the events are mutually exclusive, we can apply the sum rule. Using the product rule as we did above, we can find that each individual event has a probability of $1/4$. So, the probability of offspring with a dominant phenotype is: (probability of *A* from Mom and *A* from Dad) + (probability of *A* from Mom and *a* from Dad) + (probability of *a* from Mom and *A* from Dad) = $(1/4) + (1/4) + (1/4) = 3/4$.

Applying probability rules to dihybrid crosses

For instance, let's imagine that we breed two dogs with the genotype *BbCc*, where dominant allele *B* specifies black coat color (versus *b*, yellow coat color) and dominant allele *C* specifies straight fur (versus *c*, curly fur). Assuming that the two genes assort independently and are not sex-linked, how can we predict the number of *BbCc* puppies among the offspring?

- 1-What's the probability of getting a *Bb* genotype?
- 2-What's the probability of getting an *Cc* genotype?

In order for a puppy to have a *BbCc* genotype, both of these events must take place: the puppy must receive *Bb* alleles, *and* it must receive *Cc* alleles. The two events are independent because the genes assort independently (don't affect one another's inheritance). So, once we calculate the probability of each genetic event, we can multiply these probabilities using the product rule to get the probability of the genotype of interest (*BbCc*). To calculate the probability of getting a *Bb* genotype, we can draw a 4-square Punnett square using the parents' alleles for the coat color gene

only, as shown above. Using the Punnett square, you can see that the probability of the Bb genotype is $1/2$. (Alternatively, we could have calculated the probability of Bb using the product rule for gamete contributions from the two parents and the sum rule for the two gamete combinations that give Bb .) Using a similar Punnett square for the parents' fur texture alleles, the probability of getting an Cc genotype is also $1/2$. To get the overall probability of the $BbCc$ genotype, we can simply multiply the two probabilities, giving an overall probability of $1/4$.

Hypothesis test: In hypothesis testing, an analyst tests a statistical sample, with the goal of providing evidence on the plausibility of the null hypothesis. Statistical analysts test a hypothesis by measuring and examining a random sample of the population being analyzed. The 7 Step Process of Statistical Hypothesis Testing are:

- Step 1: State the Null Hypothesis. ...
- Step 2: State the Alternative Hypothesis. ...
- Step 3: Set. ...
- Step 4: Collect Data. ...
- Step 5: Calculate a test statistic. ...
- Step 6: Construct Acceptance / Rejection regions. ...
- Step 7: Based on steps 5 and 6, draw a conclusion.

The P stands for probability and measures how likely it is that any observed difference between groups is due to chance. A statistically significant test result ($P \leq 0.05$) means that the test hypothesis is false or should be rejected. A P value greater than 0.05 means that no effect was observed.

Chi-square:

A chi-square test compares count data in different groups to their expected counts within each group. "Subjects" in the experiment can be individuals, events, items, or anything else so long as it can be counted. A chi-square test compare observed and expected frequencies. Chi-square is not as complicated as some statistical tests and is sometimes done by hand. You can use the formula below, entering the observed (O) and expected (E) frequencies for each group. By summing up the calculated values for each of the categories.

Chi-square test for contingency tables: Chi-square tests are also used to analyze contingency tables. If you have a 2x2 contingency table, use this calculator. The difference is that with contingency tables, the expected counts are calculated behind the scenes with the assumption that the variables are not associated.

Interpreting results: The chi-square p value tests if the observed counts are consistent with the expected counts. You would interpret chi-square value figures below your significance threshold (often 0.05) as "evidence that the data were not sampled from the distribution you expected". If a P value is greater than your significance threshold, there is no evidence that the observed values were different from the expected, theoretical distribution. Note that P values are easy to misinterpret, but large P values are not evidence that no difference exists; it could be that you don't have enough data to detect a difference. The results page also includes the chi-squared statistic and its degrees of freedom. Notice the category names are not involved at all in the interpretation.

Significance level of a test (α): For simple hypotheses, this is the test's probability of incorrectly rejecting the null hypothesis. The false positive rate. For composite hypotheses this is the upper

bound of the probability of rejecting the null hypothesis over all cases covered by the null hypothesis.

p-value. The probability, assuming the null hypothesis is true, of observing a result at least as extreme as the test statistic. A statistical hypothesis test is a method of making statistical decisions using experimental data. In statistics, a result is called statistically significant if it is unlikely to have occurred by chance. The critical region of a hypothesis test is the set of all outcomes which, if they occur, will lead us to decide that there is a difference. That is, cause the null hypothesis to be rejected in favor of the alternative hypothesis.

Hypothesis testing is defined by the following general procedure:

1-The first step in any hypothesis testing is to state the relevant null hypotheses to be tested.

2-The second step is to consider the assumptions being made in doing the test; for example, assumptions about the statistical independence or about the form of the distributions of the observations. This is equally important as invalid assumptions will mean that the results of the test are invalid.

1-Compute the relevant test statistic. The distribution of such a statistic under the null hypothesis can be derived from the assumptions. In standard cases this will be a well-known result.

2-Decide to either fail to reject the null hypothesis or reject it in favor of the alternative. The decision rule is to reject the null hypothesis (H_0).

What do we mean by $p < 0.05$ or $p, 0.01$?

Probability to reject null hypothesis when it is in fact true. This called α , the probability of Type I error (rejecting a null hypothesis when it is in fact true). α , the probability of Type I error (rejecting a null hypothesis when it is in fact true) .

References:

- 1-Khan Academy (CC BY-NC-SA 3.0; All Khan Academy content is available for free at www.khanacademy.org). Probabilities in genetics . 2021.
- 2-Rendo F, Iriondo M, Manzano C, Estonba A (16 December 2009). "Identification of horse chestnut coat color genotype using SNaPshot". BMC Research Notes. 2: 255. doi:10.1186/1756-0500-2-255. PMC 2805676. PMID 20015355.
- 3-Wagner; Reissmann (2000). "New polymorphism detected in the horse MC1R gene". Animal Genetics. 31 (4): 289–290. doi:10.1046/j.1365-2052.2000.00655.x. PMID 11086549.

Chapter 6 الفصل السادس

القوى التي تغير تكرار الجين والتراكيب الوراثية Forces that change Gene and Genotypic Frequencies

مبادئ و قانون هاردي – وينبرج Hardy-Weinberg Principle
تميل تكرارات الجينات او الآليات إلى البقاء ثابتة من جيل إلى جيل عند عدم وجود عوامل تشوش / تبعثر هذه التكرارات.

Gene frequencies tend to remain constant from generation to generation when disturbing factors are not present.

إن مناقشة قانون هاردي – وينبرج الذي أثبت حقيقة إن تكرار الجين والتراكيب الوراثية تبقى ثابتة في المجتمع الذي تتوفر له الظروف والشروط المحددة بقانون هاردي واينبرج وهي حجم المجتمع / القطيع الكبير وعدم وجود الطفرة الوراثية أو الهجرة أو الانتخاب . وفي هذا الفصل فإن التغيرات في تكرار الجين والتراكيب الوراثية قد اختبرت في حالة عدم توفر أي من هذه الشروط وعلى النحو الآتي :

التزاوج غير العشوائي Nonrandom Mating :

التزاوج العشوائي هو التزاوج الذي يكون فيه لكل حيوان نفس الفرصة للتزاوج مع أي حيوان من الجنس الآخر. وعند وضع قواعد تحدد ستراتيجية التزاوج فقد يكون التزاوج غير عشوائي . وكمثال على ذلك :

- 1- تزاوج الأفراد المتشابهة بالمظهر الخارجي (Phenotypes) .
- 2 - تزاوج الأفراد المختلفة بالمظهر الخارجي .

هذه الستراتيجيتين تدعى التزاوج المظهري أو الشكلي المتماثل (Assortative mating) ويكون التزاوج المظهري موجب (Positive assortative mating) عند تزاوج الأفراد المتشابهة بالمظهر الخارجي يكون التزاوج المظهري سالب (Negative assortative mating) عندما تكون الأفراد مختلفة بالمظهر الخارجي. لذلك فإن التزاوج غير العشوائي يؤثر على تكرار الجين والتراكيب الوراثية للنسل. إن

التزاوج غير العشوائي حتى بغياب الانتخاب يغير تكرار التركيب الوراثي . ولكن قد لا يغير تكرار الجين من جيل إلى آخر دائماً .

إن التكرار المتوقع للتركيب الوراثي للنسل في حالة التزاوج العشوائي يعتمد على التكرارات المشيحية للذكر والأنثى (Gamete frequencies) . إن التحكم بطرق التزاوج تؤثر على تكرار التزاوج في القطيع . فعلى سبيل المثال نفترض إن قطع من الأبقار ذات قرون وعديمة القرون تتزاوج عشوائياً فإن تكرار الذكور ذات القرون هو q^2 والإناث ذات القرون هو كذلك q^2 واحتمالية التزاوج بين الذكور ذات القرون والإناث ذات القرون تكون احتمالات التزاوج :

احتمال (الذكر ذو قرون × أنثى ذات قرون)

$$= \text{احتمال الذكر ذو القرون} \times \text{احتمال الأنثى ذات قرون} = q^2 \times q^2 = q^4$$

يختلف الاحتمال هذه مع احتمال التزاوج المظهري الموجب (تزاوج المتشابهين Positive assortative mating) فاحتمال الأنثى ذات القرون تبقى q^2 وإن احتمال كونها ستتزاوج مع ذكر ذو قرون هو 1 وليس q^2 لأن قاعدة التزاوج تشير إلى أنها تتزاوج مع ذكر ذو قرون (أي الذكر محدد وهو ذو قرون ، أي 100% ذو قرون). فاحتمال تزاوج اثنين من الماشية ذات قرون هو $q^2 = (q^2 \times 1)$ بدلاً من q^4 . هذه الاستراتيجية تزيد من تكرار التزاوج بين الماشية ذات القرون . إن تأثير التزاوج غير العشوائي على تكرار التركيب الوراثي في النسل سوف يوضح في المثال لحاليتين :

كل تركيب وراثي له مظهر متميز (مثال 6-1) .

عند وجود السيادة التامة (مثال 6-2) .

مثال 6-1 . نفترض ستراتيكية تزاوج مظهري موجب للون الجلد في ماشية الشورت هورن كانت :

المظهر الخارجي (Phenotyp)	التكرار (Frequency)	التركيب الوراثي (Genotype)
احمر Red	p^2	RR
طوبي Roan	$2pq$	Rr
ابيض white	q^2	rr

مع ستراتيكية التزاوج بين المتشابهين فإن ثلاث أنواع من الزيجات يمكن أن تحدث .
 $Red \times Red$ و $Roan \times Roan$ و $White \times White$. إن التكرار لإناث RR هو p^2 . وعلى أية حال فإن اختيار أنثى مثلاً RR للتزاوج يبقى تكرارها q^2 ولكن سيتحدد

لون للذكر (أي أحمر) ثابتاً . لعدم وجود عناصر اختيار زيجتها وبذلك يكون احتمال الذكر الأحمر هو (1).

يبين مشروع التزاوج (Mating scheme) في هذا المثال ولغرض التناسل توضع الأبقار في حظيرة. إن التكرار مع تلك الإناث التي أدخلت الخطة مساوية لتكرار التركيب الوراثي في القطيع. تعتمد الحظيرة التي وضعت فيها الأنثى لغرض التناسل على مظهرها الخارجي لهذا فإن الإناث الحمراء توضع في حظيرة الثيران الحمراء وهذا يسهل المشاهدة. إن احتمالية تزاوج الأنثى الحمراء مع ثور أحمر هو 1 لأن الحظيرة التي وضعت فيها الأنثى تحتوي على ثيران حمراء فقط. ولهذا فإن التكرار للتزاوج بين $RR \times RR$ هو p^2 ، كذلك احتمال تزاوج الطوبي مع الطوبي ($Rr \times Rr$) $2pq = f$ وتزاوج الأبيض مع الأبيض ($rr \times rr$) $q^2 = f$.

إن المساهمات المتوقعة للتكرارات الجينية للنسل قد استخرجت بواسطة احتمال (تزاوج) واحتمال (النمط الجيني في النسل من احتمالات التزاوج) كما يأتي : التراكيب الوراثية RR في النسل تحسب من كل عمود كما يأتي :

$$f(RR \text{ in progeny}) = p^2 + (1/2) pq$$

$$f(Rr \text{ in progeny}) = pq$$

$$f(rr \text{ in progeny}) = q^2 + (1/2) pq$$

ملاحظة : (1) التكرار للخليط (Heterozygote) تنصف في كل جيل (لان نسبة ربع الناتج RR وربع الناتج rr ونصف الناتج Rr) ، والتكرار لأي من الأفراد النقية المتماثلة تزداد ، لذلك تكرارات التراكيب الوراثية تتغير .

(2) التكرارات الجينية تبقى نفسها في الآباء والأبناء وكمثال تكرار الجين R يكون

$$f(R \text{ in progeny}) = f(RR) + (1/2)f(Rr) \text{ كالآتي.}$$

$$= [p^2 + (1/2)pq] + (1/2) pq$$

$$= p^2 + pq$$

$$= p(p + q)$$

$$= p$$

أي يبقى تكراره p كما كان في جيل الآباء .

مثال 7-2 حالة السيادة التامة .

افترض تزاوج مظهري موجب Positive assortative mating (التزاوج بين المتشابهين مظهرياً) على أساس لون الجلد في ماشية الانكس (Angus cattle) كانت في قطيع الآباء في حالة توازن $f(b) = 1/3$ و $f(B) = 2/3$ لذلك فإن قاعدة التزاوج

هي نفسها في المثال 6-1 . وعلى أية حال فالمثال أكثر تعقيداً من المثال 7-1 بسبب السيادة .

على ضوء تكرار الجين الموضح أعلاه يكون تكرار التراكيب الوراثية كالآتي.

المظهر الخارجي (Phenotyp)	التكرار (Frequency)	التركيب الوراثي (Genotype)
اسود Black	$p^2 = 4/9$	BB
اسود Black	$2pq = 4/9$	Bb
احمر Red	$q^2 = 1/9$	Bb

إن الإناث السوداء قد تكون ذات تركيب وراثي BB أو Bb وكذلك المظهر للذكور السوداء يمكن أن يكون تركيبها الوراثي BB أو Bb لأن قطيع الآباء في حالة توازن $f(BB) = p^2$ ، في الإناث ولكن ما هي نسب الذكور السوداء BB ، Bb ؟ الجواب يتضمن الاحتمالات الشرطية Conditional . إن الاحتمالية للذكور ذات التركيب الوراثي BB الذي يكون مظهره لون أسود هو :

احتمال ذكر أسود بتركيب وراثي BB هو احتمال أن يكون BB وأسود مقسوم على احتمال جميع الافراد السود (BB ، Bb) وهو $8/9$.

$$p(BB \text{ male}) = (4/9) / (8/9) = 1/2$$

(على اعتبار انه فقط اللون الاحمر يشكل $1/9$ واللون الاسود $8/9$)
وعلى نفس الشاكلة بالنسبة لهذا المثال :

احتمال ذكر أسود بتركيب وراثي Bb هو احتمال أن يكون Bb وأسود مقسوم على احتمال جميع الافراد السود (BB ، Bb) وهو $8/9$.

$$p(Bb) = (4/9) / (8/9) = 1/2$$

لذلك فإن تكرار أنثى بتركيب وراثي BB × ذكر بتركيب وراثي BB هو تكرار وجود التركيب الوراثي BB في الإناث × تكرار التركيب الوراثي BB مقسوم على تكرار جميع الافراد ذات اللون الأسود .

$$= (4/9) \times (1/2) = 2/9$$

ويكون الذكور قد وضعت في حظائر على أساس المظهر الخارجي . الحظيرة رقم 1 تحتوي ذكور تركيبيين وراثيين مختلفين حيث يتزوج التركيب الوراثي الأسود للذكر بشكل عشوائي مع الأنثى في تلك الحظيرة .

جدول المساهمات للأنماط الجينية المتوقعة للنسل هي:

التركيب الوراثي للذكور والإناث الأباء Mating genotypic		f احتمال التزاوج (mating)	المساهمة في نسب التراكيب الوراثية للنسل Expected contribution to progeny genotypic frequencies		
Male ذكور	اناث Female		BB	Bb	bb
BB	BB	$(1/2) (4/9) = 2$	2/9		
BB	Bb	$(1/2) (4/9) = 2$	1/9	1/9	
Bb	Bb	$(1/2) (4/9) = 2$	1/9	1/9	
Bb	Bb	$(1/2) (4/9) = 2$	1/18	1/9	1/18
Bb	bb	$(1) (1/9) = 1$	--	--	1/9
Overall expected progeny frequencies			1/2	1/3	1/6

وكما في المثال 1-6 فإن التكرار للأفراد الخليطة (Heterozygout) في النسل تنخفض والتكرار للأفراد المتماثلة النقية تزداد مع التزاوج المظهري الموجب . في حين التكرارات الجينية لا تتغير .

$$f(B) = f(BB) + (1/2) f(Bb)$$

$$= 1/2 + (1/2) (1/3)$$

$$= 2/3$$

في كلا المثالين فإن التكرارات للأفراد اختلفت عن تلك المتوقعة مع التزاوج العشوائي . وعند التزاوج المظهري الموجب فإن تكرارات التراكيب الوراثية في النسل يختلف عن آبائها ولكن التكرار الجيني يبقى نفسه . في كلا المثالين تكرار الأفراد الخليط انخفضت وكل نوع من التراكيب الوراثية النقية ازدادت . فإذا استمر التزاوج المظهري الموجب لعدة أجيال فسوف تكون جميع الحيوانات متجانسة وراثياً وذلك لاختفاء جميع الأفراد الخليطة في القطيع . وبالرغم من أن التزاوج المظهري الموجب بغياب الانتخاب لا يحدث تغير في التكرار الجيني فإن التزاوج المظهري السالب عموماً يحدث تغيير في التكرار الجيني . وكما مبين في المثال 3-6 .

مثال 3-6 . افترض نفس القطيع كما في المثال 2-6 عن لون الجلد في ماشية الأنكس

$$f(b) = 1/3 \text{ و } f(B) = 2/3 \text{ مع احتمال الجين}$$

التركيب الوراثي (Genotype)	التكرار (Frequency)	المظهر الخارجي (Phenotype)
BB	$p^2 = 4/9$	أسود Black
Bb	$2pq = 4/9$	أسود Black
Bb	$q^2 = 1/9$	أحمر Red

ونظام التزاوج هو تزاوج مظهري سالب negative assortative mating (تزاوج الأفراد غير المتشابهة مظهريا) ، لهذا فإن الإناث السوداء ستتزاوج مع ذكور حمراء والإناث الحمراء مع ذكور سوداء. ويمكن الاعتماد على حظائر التزاوج اذ يسمح للإناث السوداء تتزاوج من ذكور حمراء والإناث الحمراء تتزاوج من الذكور. والجدول لتوزيع الأنماط الجينية للنسل المتوقع هو :

التركيب الوراثي للذكور والإناث الآباء		احتمال التزاوج f (mating)	المساهمة في نسب التراكيب الوراثية للنسل Expected contribution to progeny genotypic frequencies		
Male ذكور	إناث female		BB	Bb	bb
BB	bb	$18/1/9 = 1(1/2)$	-	1/18	-
Bb	bb	$/9 = 1/181(1/2)$	-	1/36	1/36
bb	Bb	$(1) (4/9) = 4/9$	-	4/9	-
bb	Bb	$(1) (4/9) = 4/9$	-	2/9	2/9
تكرار التراكيب الوراثية للنسل			0	$3/4$	$1/4$
Overall expected progeny frequencies					

لاحظ ليس هناك نتائج أفراد نقية (BB) في النسل لذلك فإن تكرارات التراكيب الوراثية في النسل يكون معظمها مختلفة عن التكرارات في الآباء . ولكن ماذا عن التكرارات الجينية ؟ التكرارات الجينية في النسل هي :

$$f(B) = f(BB) + (1/2) f(Bb)$$

$$= 0 + (1/2) (3/4)$$

$$= 3/8$$

$$f(b) = 1 - f(B)$$

$$= 5/8$$

وعليه فإن التكرارات الجينية قد تغيرت عن $f(B) = 2/3$ و $f(b) = 1/3$ في قطيع الآباء .

يستدل في المثال 3-6 إن أنظمة التزاوج تغير التكرارات الجينية مع التزاوج المظهري السالب وإن سبب التغير بالتكرار الجيني هو الاستعمال غير المتساوي أو المتناسب Disproportionate للذكور مقارنة بالتزاوج العشوائي .

في المثال 3-6 الذكور الحمراء (bb) كانت

$$\frac{1}{9}$$

$$\frac{8}{9}$$

$$\frac{8}{9}$$

$$\frac{8}{9}$$

بنسبة (1/9) من مجموع ثيران القطيع في حين نسبة الإناث كانت من قطيع الإناث وتنتج من النسل .

وبالعكس فإن الذكور السوداء تمثل من ذكور القطيع ولكن تتزاوج فقط مع من الإناث . وفي التزاوج العشوائي فإن الذكور bb قد تشارك بـ 1/9 من التزاوجات وذكور B- في 8/9 من التزاوجات . إن الاستخدام غير المتناسب لذكور bb تؤدي للزيادة في التكرار للأليل b . وكخلاصة فإن التزاوج غير العشوائي يغير تكرارات التركيب الوراثي من جيل لآخر . وإن التكرار الجيني قد يبقى أو لا يبقى ثابتاً .

الهجرة Migration

الهجرة هي حركة الأفراد من قطيع تربية أو عشيرة إلى أخرى وقد يكون استيراد حيوانات من بلدان بعيدة إلى بلد آخر كاستيراد قطيع من الأبقار وثيران الهولشتاين أو الفريزيان من أوروبا إلى العراق لأغراض التربية نفترض هناك قطيعين في موقع وراثي خاص في القطيع الأول $f(a) = q_1$ وفي القطيع الثاني $f(a) = q_2$. الآن نفترض إن الحيوانات من القطيع الثاني هاجرت إلى القطيع الأول. الافتراض أن تكون هجرة الأفراد عشوائياً ، حيث التكرارات الجينية في الحيوانات المهاجرة تساوي التكرارات الجينية للقطيع الذي تمت الهجرة منه وهو q_2 في حين نفترض إن تكرار الجين في القطيع المضيف هو q_1 وبعد الهجرة فإن القطيع الأول تزداد نسبته في الحجم مع عدد الحيوانات ، m ، التي هاجرت من القطيع الثاني :

$$m = n_2 / (n_1 + n_2)$$

إن n_1 هو عدد الحيوانات الأصلية في القطيع الأول .
وإن n_2 هو عدد الحيوانات المهاجرة من القطيع الثاني إلى القطيع الأول .
فإن النسبة المتبقية $1-m$ هي الحيوانات الأصلية في القطيع الأول .

ما هي التكرارات الجينية في القطيع الأول بعد الهجرة ؟ اجعل q_1 تمثل $f(a)$ بعد الهجرة ، فيكون :

$$q'_1 = (1-m) q_1 + m q_2$$

ويمكن كتابة المعادلة كما يأتي :

$$q'_1 = q_1 + m (q_2 - q_1)$$

إن التغير في التكرار الجيني نتجت بواسطة الهجرة . $m(q_2 - q_1)$ ، تعتمد على الاختلاف في التكرارات الجينية الابتدائية بين قطيعين $(q_2 - q_1)$ وفي نسبة الحيوانات المهاجرة m إذا كان التكرار الجيني الابتدائي في كلا القطيعين يساوي $(q_1 = q_2)$ عندها فإن الهجرة العشوائية سوف لن تغير التكرار .
إن الاختلاف في التكرارات الجينية بين قطيعين تقل بعد الهجرة .

$$(q'_1 - q_2) = q_1 + m (q_2 - q_1) - q_2$$

$$= (q_1 - q_2) - m (q_1 - q_2)$$

$$= (q_1 - q_2) (1-m)$$

عندما $q_1 - q_2$ هو الاختلاف الأولي في تكرار الجين بين القطيعين فإن الفرق ينخفض على m . وإن أي هجرة اضافية قد تؤدي إلى استمرار خفض الفرق .
مثال 4-6 يوضح تأثير الهجرة على التكرارات الجينية .

مثال 4-6 :

نفترض قطيعين حيث $f(a) = q_1 = 0.2$ في القطيع الأول و $f(a) = q_2 = 0.6$ في القطيع الثاني ونفترض إن عدد الحيوانات في القطيع الأول كان 8000 وقد هاجر 2000 حيوان من القطيع الثاني إلى القطيع الأول .
لذلك فإن :

$$m = 2000 / (8000 + 2000) = 0.2$$

التكرار للجين a بعد الهجرة ، q'_1 ، هو

$$q'_1 = q_1 + m (q_2 - q_1)$$

$$q'_1 = 0.2 + 0.2 (0.6 - 0.2)$$

$$= 0.2 + 0.08 = 0.28$$

الفرق أو الاختلاف في التكرار الجيني الابتدائي كان :

$$q_1 - q_2 = 0.2 - 0.6$$

$$= - 0.4$$

وبعد الهجرة :

$$q_1 - q_2 = 0.28 - 0.6$$

$$= - 0.32$$

الطفرة الوراثية Mutation

الطفرة هي تغير مفاجئ متوارث في المادة الوراثية ، إن هذه الظاهرة قد تخلق أليل أو تغير أحد الأليلات إلى أليل آخر . الطفرة هي مصدر آخر للمادة الوراثية الجديدة لعمليات التطور والانتخاب . في هذا الموضوع سيتم إهمال دراسة التأثير على التكرار الجيني لطفرات تحدث مرة واحدة (طفرات غير متكررة) Non recurrent mutation هذا النوع من الطفرات هو قليلة الفعالية إذ لا تحقق فائدة للفرد ذو الأليل الجديد . إن الطفرات المتكررة Recurrent mutation تعرف على إنها طفرات تحدث بنسب واضحة وهي مهمة جداً . ولتبسيط الحالة فإن الطفرات المتكررة لأحد أشكال الأليلات إلى أليل آخر يفترض إنها تحدث بنسبة ثابتة . إن معدل حدوث الطفرات Mutation rate عادة تكون قليلة وتتراوح من 4-10 إلى 8-10 من كل الطفرات المسجلة . في أي جيل معين لا تكون للطفرات تأثير ملموس على التكرار

الجيني ولكن بعد عدة أجيال فإن معدل الطفرات قد تؤثر على التكرار الجيني . إن معدل حدوث الطفرات ، U هو احتمال تغير الأليل B الطافر إلى الأليل b هو $P(B \rightarrow b)$. وللقطيع فإن معدل الطفرات ينتج من حاصل ضرب معدل الطفرة في تكرار الجين :

$$P(B \rightarrow b) = UP_0 \rightarrow P_0$$

وإن حاصل الضرب UP_0 هو مقدار الفقدان في نسبة تكرار الجين B من المجتمع وبإهمال عودة طفرة الجين b إلى B لذلك فإن نسبة تكرار الجين B ستكون :

$$\begin{aligned} f(B) &= P_1 = P_0 - UP_0 \\ &= P_0 (1-U) \end{aligned}$$

و

$$f(b) = q_1 = q_0 + UP_0$$

واستناداً للطفرات فإن احتمال تكرار الجين B سينخفض (B) . إن تكرار تغير B للجيل التالي هو UP_1 لذلك فإن معدل الطفرات U_1 يبقى ثابتاً وإن تكرار الطفرات الحقيقية في القطعان تزداد بانخفاض P في الجيل الثاني :

$$P_2 = P_1 - UP_1 = P_1 (1 - U)$$

لأن

$$P_1 = P_0 (1 - U)$$

كذلك

$$P_2 = P_0 (1 - U)^2$$

والتغير لعدة أجيال سيكون

$$P_n = P_0 (1 - U)^n$$

الطفرات في اتجاه واحد وضحت في المثال 5-6 .

مثال 5-6 :

نفترض $f(B) = 0.8$ على الموقع 1 و $f(C) = 0.8$ على الموقع 2 ونفترض أيضاً إن سرعة الطفرة هو 10^{-4} على الموقع 1 لتغيير الجين B و b و 10^{-8} على الموقع

2 لتغيير الجين C . c

الخطوات المتتالية التي تم توقعها لتكرار B ، C بعد عدة أجيال هي :

الجيل	Generation	f (B)	f (C)
0	0	0.8	0.8
10	10	0.7992	0.7999
100	100	0.7920	0.7999
1000	1000	0.7239	0.7999
1000	1000	0.2942	0.7999
10000	10000	0.0000	0.7992

كلا الجينين B ، C سوف تختفي نهائياً من القطيع بالرغم من أن العملية تتم ببطء شديد حتى مع معدل عالي من الطفرات .

الطفرات المتكررة (Recurrent mutation) يمكن أن تحدث في كلا الاتجاهين من B ← b ومن B ← b نفرض u تمثل معدل الطفرة من B ← b و V و تمثل معدل الطفرة من B ← b هذه المعدلين يتطلب أن لا تتساوى .
فإذا كان $f(B) = p_0$ في القطيع الابتدائي عندما

$$P_1 = P_0 - vP_0 + uq_0$$

عندما uP_0 هو التكرار لطفرة B إلى b الذي يؤدي إلى اختفاء أليلات B و vq_0 هو تكرار الطفرة من b إلى B والذي يؤدي إلى إعادة ظهور أليلات B فان النتائج الممكنة الحدوث هي :

- 1 - إذا كان uP_0 أكبر من vq_0 فان تكرار B يقل
 - 2 - إذا كان uP_0 أصغر من vq_0 فان تكرار B يزداد
 - 3 - إذا كان uP_0 يساوي vq_0 فان تكرار B يبقى ثابتاً سواء كان u أكبر أو أقل من v فهو لا يحدد فيما إذا كان تكرار B يقل أو يزداد . ان التغيرات في تكرار B يعتمد على معدل الطفرات و uP_0 و vq_0 .
- ان ظهور الاحتمال الثالث يشير الى إمكانية حدوث التوازن ، بالحقيقة في حالة غياب بقية القوى التي تؤثر على التكرارات الجينية (الانتخاب والهجرة) فان $f(B)$ سوف يقل أو يزداد حتى يصل القطيع إلى حالة التوازن لهذا فان قيمة $f(B) = 0$ في التوازن تكون مفيدة .

إذا فرضت حالة الاتزان $P_E = f(B)$ و $q_E = f(b)$ وإذا أعطي u ، v ثوابت ويحدث هذا التوازن عندما يتساوى عدد الأليلات المتغيرة من $B \leftarrow b$ وعندما يكون up يساوي vq لذلك يمكن إيجاد حالة استقرار B أو b (p_E أو q_E) كما يلي:

$$vq_E = up_E$$

$$vq_E = u(1-p_E)$$

$$vq_E + uq_E = u \quad \text{لذلك}$$

$$q_E = u / (u-v) \quad \text{عندما}$$

$$p_E = 1 - q_E = (v/u + v) \quad \text{و}$$

الطفرات المتكررة التي تحدث باتجاهين موضحة في المثال 6-6 .
مثال 6-6 :

افترض ان تغير B إلى b هو :

$$P_O = 0.8 \times u = 4.2 \times 10^{-5} \quad \text{for } B \rightarrow b$$

وان تغير b إلى B هو :

$$v = 2.1 \times 10^{-5} \quad \text{for } b \rightarrow B$$

كم هو تكرار P_1 وتكرار P_E عند الاتزان (Equilibrium)

$$p_1 = p_0 - up_0 = vq_0$$

$$= 0.8 - (0.336 \times 10^{-4}) + (0.42 \times 10^{-4})$$

$$= 0.8 (0.294 \times 10^{-4})$$

لذلك ان التغير في التكرار الجيني غير ملموس أو ظاهري بشكل جوهري كذلك تكرار B قد انخفض عند حالة الاتزان .

الانتخاب Selection

إذا كان لكل فرد من أفراد القطيع لديه نفس الفرصة في التناسل بغض النظر عن تراكيبه الوراثي ، وإن كل تركيب وراثي له نفس القدرة التكاثرية Reproductive capacity ، وإذا كانت التراكيب الوراثية تمتلك قدرات مختلفة للحياة والعيش أو إمكانية التكاثر فإن التكرارات الجينية سوف لن تتغير من جيل إلى آخر . ولكن إذا كان وجود جين متنحي الذي يسبب الحالة المميتة في الأفراد المتمثلة التركيب الوراثي Homozygote . لذلك فإن الفرد ذو تركيبة وراثية نقية متنحية يهلك ، وجيناته تفقد

من القطيع والتكرار لهذا الجين ينقص. إن الانتخاب هو القوة الفعالة التي تسبب التغير في التكرارات الجينية. يشار إلى إن الانتخاب الطبيعي Natural selection وتأثير البيئة على احتمال قابلية للعيش والتكاثر فإنه ليست كل الأفراد متساوية في الاستعداد لمواجهة الظروف البيئية القاسية و إن قابلية العيش Fitness للكائن الحي (تركيبه الوراثي) للعيش والتكاثر تحت ظروف بيئية معينة قد تختلف من فرد الى اخر. أما الانتخاب الاصطناعي Artificial selection يشير إلى قواعد وقوانين للسيطرة على احتمال التحكم والعيش والإنتاج والتكاثر لأي فرد .

على الرغم بأن فرد ما له القدرة على التكاثر إلا أنه وتحت شروط الانتخاب وفقاً لأداء محدد قد لا يسمح له بالتكاثر . وسيتم مناقشة الانتخاب الطبيعي Natural selection في هذه الفقرة كما سوف يتم تأجيل مناقشة الانتخاب الاصطناعي (Artificial selection) في الفصول القادمة . إن تأثير الانتخاب الطبيعي على التكرارات الجينية ستناقش باستعمال موقع مفرد مع أليلين A ، a . الأمثلة في هذه الفقرة يمكن تصنيفها بالاعتماد على قابلية العيش الموائمة (Fitness) النسبية للخليط Heterozygote حيث قد تكون قابلية عيش الخليط مساوية لأحد التراكيب الوراثية النقية في حالة وجود السيادة (Dominance) . إذ أن Aa له قابلية عيش وتكاثر مشابهة للفرد AA لذلك فإن الانتخاب قد يكون للجين A. او قد يكون الخليط قد يكون وسط في قابلية العيش للأفراد النقية كما في حالة السيادة الناقصة (Incomplete dominance) وكما في السيادة المتكافئة. وأخيراً فإن الأفراد الخليطة قد تكون هي الأكثر ملائمة كما في حالة السيادة التفوقية (Overdominance). المواضيع التالية تقدم البراهين التي تسمح بدراسة التغير في التكرارات الجينية لكل حالة .

السيادة التامة: الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية -A

Complete dominance, selection favoring A-

افترض إن قطع فيه تكرار بجين A هو $f(A) = p_0$ و تكرار الجين a هو $f(a) = q_0$ لأليلين على أحد مواقع الكروموسومات الجسمية . إن تكرارات التركيب الوراثي الابتدائي كانت $f(aa) = q_0^2$ و $f(Aa) = 2p_0q_0$ و $f(AA) = p_0^2$. إن الأفراد التي تحمل على الأقل جين واحد من نوع A لها قابلية عيش وتكاثر أفضل . Aa تساوي وتطابق التركيب الوراثي AA في حين قابلية العيش للحيوانات التي تحمل التركيب الوراثي aa تكون أقل قابلية للعيش بمقدار S . هذه الحالة يمكن توضيحها كما يلي :

قابلية العيش النسبية Relative fitness	تكرار الجين الابتدائي Initial frequency	التركيب الوراثي Genotype
1	p_o^2	AA
1	$2p_oq_o$	Aa
1-s	q_o^2	aa

إن قابلية العيش لـ 1 قد لا يعني بأن كل الحيوانات ذات التركيب الوراثي AA أو Aa تعيش وتتكاثر فالموت المفاجي والافتراس والمرض قد يسبب اختفاء عدد من تلك التركيب الوراثية (ولكن سوف تهمل هذه العوامل). إن قيمة قابلية العيش أعلى قابلية عيش بين الحيوانات . ومن ثم فإن قيم الأفراد الأخرى قد وجدت لها قابلية عيش أقل . وفي هذه الحالة في السيادة التامة فإن قابلية العيش لـ AA و Aa هو 1 لكليهما . هذان التركيبان الوراثيان يكونان متساويان بقابليتهما على العيش .

إن القابلية على العيش (Fitness) للتركيب الوراثي aa هو $1 - S$ ، S يمكن أن يكون لها أي قيمة من صفر إلى 1 . عندما تقترب S من الصفر فإن الانتخاب ضد التركيب الوراثي aa هو محدود ولكن عندما يكون فيها aa مميت فإن الانتخاب ضد aa يكون كامل و $S = 1$.

إن توضيح تأثير الانتخاب الطبيعي على التكرار الجيني يحتاج إلى حساب التكرارات الجينية في الأجيال المنتجة من الحيوانات التي ستتكاثر (والتي ستكون الآباء للأجيال القادمة) عند الميلاد فإن التكرار للتركيب الوراثي AA هو P_o^2 وإن التكرار للحيوانات AA التي ستتكاثر هي أعلى في القطيع إذ ستكون الآباء للأجيال القادمة بسبب اختفاء نسبة من الحيوانات aa . إن نسبة القطيع الابتدائي الذي ينتج أمشاج هو مجموع تكرارات التركيب الوراثي وقابلية العيش .

نسبة إنتاج الأمشاج يساوي :

$$p_o^2 + (1) 2p_oq_o + (1-S) q_o^2$$

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

فإن نسبة الحيوانات التي **وان** تنجح في إنتاج أمشاج يمكن أن تكتب كما يلي :

$$1 - Sq_o^2$$

بالنسبة للحيوانات الباقية على قيد الحياة :-

تكرار AA في الحيوانات الباقية يساوي

$$\frac{p_o^2}{1 - Sq_o^2}$$

$$f(Aa \text{ in survivors}) = \frac{2p_o q_o}{1 - S q_o^2} = \text{وتكرار } Aa \text{ في الحيوانات الباقية يساوي}$$

$$f(aa \text{ in survivors}) = \frac{(1 - S) q_o^2}{1 - S q_o^2} = \text{وتكرار } aa \text{ في الحيوانات الباقية يساوي}$$

ان تكرار الجين A في الحيوانات الباقية على قيد الحياة ، P_1 هو
تكرار AA في الحيوانات الباقية + $\frac{1}{2}$ تكرار Aa للحيوانات الباقية

$$P_1 = \frac{p_o^2}{1 - S q_o^2} + \frac{2p_o q_o}{1 - S q_o^2}$$

$$P_1 = \frac{p_o}{1 - S q_o^2}$$

و q_1 ، تكرار الجين a في الحيوانات الباقية أحياء هو $1 - P_1$. يلاحظ بأن تكرار الجين A P_1 أكبر من p_o لأن $1 - S q_o^2$ اصغر من 1 . هذه الزيادة في تكرار الأليل A هو متوقع لأن الأفراد التي لا تنتج أمشاج هي التي عواملها الوراثية aa فقط . إذا تزاوجت الحيوانات الباقية بشكل

عشوائي لإنتاج الجيل القادم عندها فان تكرار AA في النسل سوف يكون p_1^2 ، وتكرار Aa في النسل سوف يكون $2p_1 q_1$ وتكرار aa سوف يكون q_1^2 . والعملية تتكرر حتى يثبت (Fixed) الأليل A أخيراً في العشيرة (سيكون فقط الأليل A متواجد في العشيرة) . إن الثبات (Fixation) يعرف على أساس تكرار أحد الأليلين يكون 1 . في هذه الحالة عندما يكون تكرار A يساوي 1 . المثالان التاليان يوضحان قابلية العيش ومساهمة هذه القابلية على تكرارات التراكيب الوراثية . لمثال 6-7 يظهر تساوي قابلية العيش لثلاث تراكيب وراثية لا تؤثر على الجين أو تكرارات التراكيب الوراثية . في حين يوضح المثال 6-8 التغير المتوقع بالتكرارات الجينية عندما يتم عزل التركيب الوراثي aa (الانتخاب ضد aa) . مثال 6-7 : تساوي قابلية العيش في التراكيب الوراثية .

تتعرض بعض الحيوانات لقسوة البيئة والأمراض فإذا حيوان ما فريسة لمرض أم لم يقع فإن ذلك سوف لن يعتمد على تركيبه الوراثي كما جاء في فرضية قانون هاردي – واينبرغ . لذلك تفرض نسبة متساوية من فقدان للعوامل الوراثية بسبب الأمراض . ولتوضيح هذا نفترض ان 10% من القطيع من الحيوانات قد تفقد وتهلك وان ذلك ابتداءً $q = 0.4$ و $p = 0.6$. إذا كان حدوث الأمراض عشوائي .

التركيب الوراثي genotype	تكرار الجين الابتدائي Initile frequenye	نسبة الفقد Proportion lost	نسبة الحيوانات الباقية Proportion remaning
AA	0.36	0.036	0.324
Aa	0.48	0.048	0.432
aa	1.0	0.1	0.9

$$0.324 + (1/2) (0.432)$$

$$0.90$$

إن تكرار A بعد الهلاكات هو

$$P =$$

$$P = 0.6$$

$$0.324 / 0.90 = 0.36 \text{ وتكرار AA هو}$$

ان التكرار الجيني سيبقى متوازن وثابت في هذا المكان لان قدرة العيش النسبية لكل تركيب وراثي سيبقى نفسه .

مثال 6-8 : الانتخاب لصالح AA و Aa Selection favoring

افتراض ان الفرد aa في الفأر ينتج لون فراء يختلف عن الفأر البري (AA و aa) ، والفأر المختلف بلون فروته يكون سهل المشاهدة من قبل الحيوانات المفترسة فعندها الفأر ذو التركيب الوراثي aa يقتل بنسبة أعلى من بقية التراكيب الوراثية . ان القابلية

النسبية للعيش تستند على A . نفترض $S = 0.5$ هي القابلية النسبية للعيش للتركيب الوراثي aa وابتداءً مع التكرارات كما في المثال 6-7 :-

قابلية العيش	التكرار الابتدائي (Frequency)	لتركيب الوراثي (Genotype)
1.0	0.36	AA
1.0	0.48	Aa
0.5	0.16	aa

إذا استخدم الصيغة تكرار A — للحيوانات الناجية من الافتراض

$$P = \frac{P_0}{1 - S q_0^2} = \frac{0.6}{1 - (0.5)(0.16)}$$

$$P1 = 0.652$$

$$q1 = 1 - p1 = 0.348 \quad \text{وان :}$$

ان التزاوج العشوائي للحيوانات الأحياء الناجية من الافتراض تكون كالاتي :

التركيب الوراثي للنسل (Progeny genotype)	التكرار الجيني في الجيل الأول (Frequency in first generation)
AA	$P_1 = 0.425$
Aa	$2p_1q_1 = 0.454$
aa	$q_1^2 = 0.121$

لاحظ الانخفاض في الأرقام المتوقعة للأفراد النقية aa في النسل . وقد أُشرت سابقاً حالة خاصة للانتخاب ضد الأفراد aa هو عندما يكون $S=1$ ، الذي حدث عندما كل الأفراد aa اما تهلك قبل التزاوج أو قد تكون عقيمة . لذلك فان مصدر الأمشاج التي تحتوي على جين a هي من الأفراد غير نقية ، فقط Aa .
ان التكرار الجيني للـ A من خلال نجاتها من الافتراض عندما $S=1$ هو

$$P_1 = \frac{P_o}{1-Sq_o^2} = \frac{P_o}{1-q_o^2}$$

$$1 - q_o^2 = (1 - q_o) (1 + q_o) \text{ و } p_o = 1 - q_o \quad \text{لان}$$

وتكرار الجين الجديد هو

$$P_1 = \frac{1 - q_o}{(1 - q_o) (1 + q_o)} = \frac{1}{1 + q_o}$$

$$q_1 = 1 - p \quad \text{ولأن}$$

$$q_1 = 1 - \{1 / (1 + q_o)\}$$

$$= q_o / (1 + q_o)$$

في كل جيل لاحق فان نسل aa تهلك أو تفشل في التكاثر والتكرار a يستمر بالنقصان .
مثال 7-9 :

في علم الوراثة ان حالة (Achondroplasia) هو خلل وراثي في الماشية والتي فيها يولد العجل وجميع أطرافه الأربعة مبتورة قرب مفصل المرفق والعرقوب. هذا الخلل هو نتيجة عوامل وراثية متنحية وجيناته مميتة .

افرض ان تكرار A = p_o ويساوي 0.8 وتكرار a = q_o ويساوي 0.2 لذلك

التركيب الوراثي (Genotype)	التكرار الابتدائي (Frequency)	قابلية العيش النسبية (Relative fitness)
AA	0.64	1
Aa	0.32	1
aa	0.04	0

ان التكرار للجين A في الحيوانات الناجية (الأحياء والتي ستتكاثر) عندما S=1 هو

$$p_1 = 1 / (1 + q_o)$$

$$q_o = 0.2 \quad \text{وكما كان}$$

$$p_1 = 1 / (1.2) = 0.833 \quad \therefore$$

$$q_1 = 1 - 0.833 = 0.167 \quad \text{و}$$

ومع التزاوج العشوائي للحيوانات الناجية (الأحياء) فإن نسل العشيرة الجديدة يصبح :

التركيب الوراثي (Genotype)	التكرار الابتدائي (Initial frequency)	قابلية العيش النسبية (Relative fitness)
AA	0.694	1
Aa	0.278	1
aa	0.028	0

وبهذا يزداد تكرار الجين A جيل بعد جيل ويقل تكرار الجين a.

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل السادس

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 6.

Hardy-Weinberg equilibrium. One of the conditions of the genetic equilibrium is random mating, meaning that individuals mate randomly without thinking of the genotype or phenotype of their mate. However, there are many species of that do not mate randomly, they do nonrandom mating.

Gene frequencies tend to remain constant from generation to generation when disturbing factors are not present. Factors that disturb the natural equilibrium of gene frequencies include mutation, migration (or gene flow), random genetic drift, and natural selection. Natural selection, genetic drift, and gene flow are the mechanisms that cause changes in allele frequencies over time. When one or more of these forces are acting in a population,

the population violates the Hardy-Weinberg assumptions, and evolution occurs.

Gene frequencies: What are the 5 mechanisms that change the gene frequencies in a population?

They are: mutation, non-random mating, gene flow, finite population size (genetic drift), and natural selection.

Non Random Mating: Mating that has not occurred due to chance, and therefore has had human interference.

ex. people who look alike mate more often than they would under totally random conditions.

1. arranged marriages
2. people who look alike mate together

What is an example of non-random mating biology?

One of the most common forms of non-random mating is inbreeding, where offspring are produced by individuals that are closely related.

What are the 3 types of non-random mating?

Taken to the extreme, positive assortative mating results in only three possible mating patterns with respect to genotypes for traits that are controlled by two autosomal alleles--homozygous dominant with homozygous dominant (AA X AA), heterozygous with heterozygous (Aa X Aa), and homozygous recessive with homozygous ...

Migration (gene flow): Population geneticists usually refer to migration as “gene flow”. Gene flow is simply the transfer of genetic material among populations. The movement from one locality to another. It can alter genetic composition through genetic drift and alter allele frequencies in populations. For example, consider a population of green frogs in one pond and another population of white frogs in another pond. In the pond with green frogs the genotypes are heterozygous (Aa) or homozygous dominant (AA). The pond with white frogs has the

genotype homozygous recessive (aa). If a green frog migrates into the pond with white frogs it will mix in with the population, and the next generation of the pond will have a mix of frogs with genotypes of aa , and Aa . This changes allele frequency of the pond because before all the frogs had the genotype aa , but now in the new generation the frogs in that pond could have aa or Aa . Over time, the allele frequencies change even more with the introduction of the new allele. When individuals migrate between different populations and results in changes in genetic composition of the population, it causes **gene flow**.

Mutation: At any given locus, mutation can cause transitions between alleles (A_1 to A_2 , or vice versa), or introduce a new allele (A_3). Despite the critical importance of mutation to evolutionary processes, mutation by itself is a weak evolutionary force. Because mutations rates are low, mutation at any locus only causes minute changes in allele frequency across generations.

Genetic Drift: When population sizes are finite—and especially when they are small—random chance affects evolutionary dynamics. These changes in allele frequencies across generations caused by random events are called genetic drift. While selection is differential reproductive success caused by differential performance of variants, genetic drift is differential reproductive success that just happens. In contrast to selection, which tends to increase average fitness across generations, genetic drift does not lead to adaptation. Due to the random nature of genetic drift, populations subject to it evolve on distinct trajectories. The total population size (census population size) in natural populations is not the same as the effective population size (N_e), which is the size of the breeding

population. Effective population size takes into consideration that many individuals that reach adulthood never breed in natural populations.

Interactions between Migration and Selection

Similar to mutation, migration can introduce new genetic variants into a population upon which selection can act. Hence, human-facilitated migration is sometimes used as a tool in conservation biology, where new individuals are introduced into populations of endangered species suffering from low genetic diversity and inbreeding. This practice is also known as genetic rescue. In many instances, however, migration actually counteracts the effects of selection. Imagine two adjacent populations that are exposed to different environmental conditions. In every generation, selection favors alleles that mediate adaptation to the local conditions. But if there is migration between the two populations, new maladaptive alleles are continuously introduced from the other population. Hence, migration can prevent local adaptation of populat_____

References:

- 1-Bolnick DI, P Nosil (2007). Natural selection in populations subject to a migration load. *Evolution* 61, 2229–2243.
 - 2-Dyer RJ (2017). *Applied Population Genetics*.
 - 3-Arun & Tomar Sukhvir Tomar. 2015. *Animal Genetic and Breeding*. Daya Publishing House,.
 - 4-Daniel L. Hartl & Andrew G. Clark. 1997. *Principles of Population Genetics*.
 - 5-Van Vleck, L.D., Pollak, E.J. and Oltenacu, E.A.B. (1987) *Genetics for the animal sciences*. W. H. Freeman, New York.
-

Chapter 7 الفصل السابع

القيمة الوراثية والانتخاب الاصطناعي

Genetic Value and Artificial Selection

ان الانتخاب الاصطناعي و الطبيعي يغير تكرار الجين لان التنبؤ في التغيرات لتكرار الجين متماثل في كلا الحالتين (الانتخاب الاصطناعي والطبيعي). على سبيل المثال الاليل الاسود الذي يعطي لون الجلد في ماشية اللحم Angns ومواشي Holstein سائد على الاليل المسبب للون الاحمر. فإذا كان الانتخاب هو الاحتفاظ بالحيوانات السوداء فقط ، فهذا الانتخاب يعطي قيمة عالية (100%) لقابلية العيش للتراكيب الوراثية Homozygous و Hetrozygous اللون الاسود وصفر للتراكيب الوراثية المتنحية الاحمر. وبهذا يزداد تكرار الجين للاليل السائد الاسود بسبب الانتخاب وبعد الجيل الاول من الانتخاب سيكون مساوي الى $\{1 \setminus (q+1)\}$. الانتخاب الاصطناعي هو انتخاب قائم على مجموعة من القواعد والشروط التي بموجبها تنتخب الافراد الذين سيصبحون اباء للجيل القادم من قبل المربي. ان الانتخاب الاصطناعي يختلف عن الانتخاب الطبيعي في كون الحيوانات تنتخب على اساس القدرة على التكيف للظروف البيئية والبقاء على قيد الحياة. يعد الانتخاب الاصطناعي هو الاداة المستخدمة بواسطة الانسان وانه يغير صفات الاداء نحو الافضل. فالانتخاب بواسطة مربي الماشية يؤدي الى زيادة انتاجية الحليب في مواشي الحليب وكذلك زيادة وزن الاغنام والعجول. للعامل الوراثي (الجين) له اهمية في فعالية واطهار المظهر الخارجي التي يهتم المربي بنتيجة الانتخاب الاصطناعي على اداء النسل. يناقش هذا الفصل التراكيب الوراثية ونتائج الانتخاب الاصطناعي وتأثيرها في أداء النسل المقبل وسيستعمل نموذج الموقع الوراثي المنفرد كمقدمة الى دراسة للصفات الكمية التي تتأثر بالعديد من الجينات على مواقع وراثية متعددة.

تكرار الجين و التراكيب الوراثية Gene and genotypic frequencies

كما تم شرح قانون هاردي - واينبرغ (Hardy-Weinberg Law) في الفصل السادس والذي ينص على ان التزاوج العشوائي (لكل فرد فرصة متساوية في التزاوج مع اي فرد آخر من الجنس الآخر) في المجتمع الكبير (Large random mating) (population) ، وفي غياب القوى (الطفرة ، الهجرة ، والانتخاب) التي تغير تكرار الجينات ، يبقى تكرار كل من الجينات والتراكيب الوراثية (Genes and

genotypic frequencies) ثابتة من جيل إلى آخر (في حالة توازن هاردي واينبرغ).

سنطلق التسمية الاتية لتكرار الجينات D و d ، اذ ان مجموع تكرارهما يساوي 1.

$$p = f(D) \quad \bullet$$

$$q = f(d) \quad \bullet$$

$$p + q = 1 \quad \bullet$$

لذلك تكون تكرار التراكيب الوراثية لكل من dd و Dd و DD

$$\bullet (p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

وفي حالة الاتزان مع قانون هاردي – واينبرك تكون تكرارات التراكيب الوراثية كالآتي:

IF equilibrium:

Genotype	Frequency
DD	p^2
Dd	$2pq$
dd	q^2

وكمثال على حساب تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية في حالة فعالية توارث الاليلين لتوارث نوع الدم M ، N متكافئة او السيادة المشاركة (Codominant) . لذا يلاحظ بان عملية حساب التكرارات سهلة بسبب العلاقة بين الطرز الظاهرية والأنماط الجينية

Gene and Genotypic Frequencies (Blood type :M & N, Co-dominant)

# Observed	Phenotype	Genotype
130,000	M	MM
265,000	MN	MN
105,000	N	NN

Total 500,000 people

1,000,000 genes

Genotypic frequencies

$$f(MM) = \#MM / \#total = 130,000 / 500,000 = .26$$

$$f(MN) = .53$$

$$f(NN) = .21$$

Total 1.00

Calculate frequencies. dominance it is easy to-**With co**

وسيتم حساب تكرار الجينات من تكرار التراكيب الوراثي و كما يلي:

$$f(M \text{ gene}) = \# \text{ of } M = [2(\#MM) + (\#MN)] / \text{total genes}$$

Note that total genes = 2 (# of people)

$$\text{Therefore, } f(N \text{ gene}) = 1 - f(M)$$

$$f(M \text{ gene}) = \{2(\#MM) + (\#MN)\} / 2 (\# \text{ of people})$$

$$= \frac{(\#MN)}{2 (\# \text{ of people})} + \frac{2(\#MM)}{2 (\# \text{ of people})}$$

$$= f(MM) + 1/2 f(MN)$$

$$\begin{aligned} f(M) &= f(MM) + 1/2 f(MN) \\ &= .26 + 1/2 (.53) = .525 \\ f(N) &= f(NN) + 1/2 f(MN) = .475 \end{aligned}$$

اما في حالة السيادة Dominance ، لا توجد علاقة مباشرة بين بين الطرز الظاهرية والأنماط الجينية لذا فإن حسابات الجينات والتكرار الوراثة ليست مباشرة. وكمثال نأخذ صفة اللون في الغزلان وكما يلي:

D- = Natural color of deer D > d (D is dominant)
اللون الطبيعي بني
dd = piebald اللون مبقع بني واللون الابيض (الناتج بسبب طفرة وراثيه ، تشبه الالبينو)

Number of natural	9,900 (DD and Dd)
Number of piebald	100 (dd)

Total 10,000

$$f(dd) = 0.01$$

$$f(D-) = 0.99 = f(DD) + f(Dd)$$

اللون الطبيعي اما متغلب نقي او هجين / مختلف الاليلات ، اذ لا يمكن فصل الغزلان النقيه / متماثلة الاليلات عن الهجينة / مختلفة الاليلات.

وفي حالة ان يكون مجتمع الغزلان تحت اتزان هاردي – واينبرك Equilibrium فان تكرار التراكيب الوراثة ستكون:

Frequency	Genotype

p ²	DD

2pq	Dd

dd	q ²

$$f(D_-) = p^2 + 2pq = 0.99$$

$$f(dd) = q^2 = 0.01$$

$$f(d) = 0.1$$

$$dd \sqrt{q} =$$

الجزء التربيعي للتركيب الوراثي

$$p = 1 - q = 0.9$$

$$f(DD) = p^2 = 0.81$$

DD

$$f(Dd)$$

لذلك فإن تكرار

وكذلك فإن تكرار dd

$$= 2pq = 0.18$$

القيم الوراثية ومتوسط المجتمع

Genotypic Values and Population Means

للتعرف على القيم الوراثية ومتوسطات المجتمع سيتم استخدام المثال التالي: نفترض أن الصفة المظهرية هي كمية هرمون النمو مقدرة مليلتر من مصل الدم وهذه الكمية (كقيمة مظهرية Phenotypic value) تتأثر بالقيمة الوراثية (Genotypic) لموقع وراثي واحد وسنفرض أن يكون المجتمع في حالة

توازن مع H-W:

الليل المتمثل بالحرف A1 يمثل الليل المسؤول عن زيادة كمية الهرمون للقيم المظهرية ويستدل من الجدول بأن اليليات تحوي القيم الوراثية والموضحة ادناه تركيب الصفة الوراثية لها

Genotype	Frequency	Phenotype (units)	Genotypic value
A_1A_1	$P^2 = 0.25$	$P_{11} = 16$	$a = 4$
A_1A_2	$2pq = 0.5$	$P_{12} = 14$	$d = 2$
A_2A_2	$q^2 = 0.25$	$P_{22} = 8$	$-a = -4$

متوسط التراكيب الوراثية المتماثلة Homozygous ويرمز لها $(m) = (8 + 16)$
 $12 = 2 \setminus$

القيم الوراثية للتراكيب الوراثية A_1A_1 و A_1A_2 و A_2A_2 هي =
 القيم الوراثية Genotypic values = انحراف كل نمط ظاهري (Phenotype) عن
 " m "

$$A_1A_1 = 16 - 12 = 4 = a$$

$$A_1A_2 = 16 - 12 = 2 = d$$

$$A_2A_2 = 8 - 16 = -4 = -a$$

سيكون متوسط المجتمع (μ) =

$$F(A_1A_1) (P_{11}) + F(A_1A_2) (P_{12}) + F(A_2A_2) (P_{22})$$

$$0.25 \times 16 + 0.5 \times 14 + 0.25 \times 8 = 13 \text{ units}$$

$$\text{Or } (\mu) = m + [a (p - q) + 2pqd] =$$

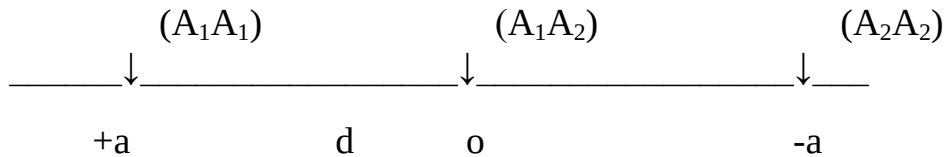
$$12 + [4 (0.5 - 0.5) + 2 (0.5) (0.5) (2)] = 13$$

عرفت القيمة الوراثية للتركيب A_2A_2 هي $(-a)$ في الصورة السالبة وللتركيب
 الوراثي A_1A_1

هي (a) و d هي انحراف السيادة هو الانحراف عن نقطة المنتصف بين التركيبين
 الوراثيين المتماثلة.

العلاقة بين d الى a تعرف بفعل الجين (Gene action) كما موضح في الشكل
 التالي:

التركيب الوراثي:



عندما تكون $0 > d < +a$ فهذا يعني ان Incomplete dominance ، وعندما تكون

$d = 0$ فهذا يعني لا توجد سيادة No-dominance وعندما تكون $d > +a$ فهذا

يعني سيادة متفوقة Over dominance for A_1 وعندما تكون $d = +a$ فهذا يعني سيادة كاملة (Complete dominance).

وبعبارة أخرى تكون قيمة تحديد درجة السيادة (Dominance) من خلال قيمة التركيب الوراثي المتغاير Heterozygote مقارنة بالنوعين المتماثلين Homozygote:

- لا توجد سيادة (No dominance) – عندما يكون التركيب الوراثي المتغاير يساوي متوسط التراكيب الوراثية المتماثلة (في هذا المثال $0 = A_1A_2$)،
- السيادة الكاملة (Complete dominance) – عندما يمتلك التركيب الوراثي المتغاير نفس القيمة الوراثية لأحد الأنماط الجينية المتجانسة / المتماثلة (one of the homozygotes)
- السيادة المتفوقة / المفرطة Over dominance – عندما يكون التركيب الوراثي المتغاير يفوق التراكيب الوراثية المتماثلة.

حساب القيم التربوية وانحراف السيادة

Calculation of breeding value (A) and dominance deviations (D)

لمناقشة مناقشة كيفية حساب القيم التربوية وانحراف السيادة نستعرض فيما يلي نتائج تباين الجين في الموقع الوراثي لصفة نوع "الترانسفيرين" في أبقار جيرسي (الترانسفيرين بروتين ينقل عنصر الحديد في الدم)، إذ تنتج الأبقار ذات التركيب الوراثي tt 2082 كغم حليب. وتنتج الأبقار ذات الأنماط الجينية Tt و TT 1882 كغم حليب. فيما يلي الأرقام الفعلية، ادناه حساب القيمة المتوسطة على تكرار الجينات p و q ، وهما على التوالي 0.67 و 0.33، (وسنفرض أن يكون أبقار القطيع في حالة توازن مع H-W).

Genotype	TT	Tt	tt
Kg Milk	1882	1882	2082
$0.11 = 0.44$	$q^2 = 0.45$	$2pq = \text{frequency}$	p^2 (Genotype)

$$\text{Mean value} = 0.45 \times 1882 + 0.44 \times 1882 + 0.11 \times 2082 = 1904 \text{ kg}$$

يتم حساب القيمة الوراثية (Genotype values) على أنها انحرافات عن القيمة المتوسطة للمجتمع (1095) كغم، كما جاء في المقياس الآتي:

tt	TT and Tt	Mean value	
2082	Original scale	1882	1904
----- --->	Genotype scale, kg	----- ----- -----	
Deviation from mean value	178	-22	0

وتحسب القيمة التربوية Breeding value على انها ضعف انحراف متوسط الابناء عن متوسط المجتمع

$$TT = 2 * [(-22 * 0.67 + -22 * 0.33) - 0] = -44$$

Tt = 22.6 , mean value of the homozygotes $[(89.2 - 44) / 2 = 22.6$

$$tt = 2 * [(-22 * 0.67 + 178 * 0.33) - 0] = 89.2$$

ولايجاد قيمة D لكل تركيب وراثي فتحسب من الفرق حسب العلاقة التالي:

$$\text{Genotype } G = A + D$$

$$TT \quad -22 = -44 + 22$$

$$Tt \quad -22 = 22.6 + -44.6$$

$$tt \quad 178 = 89.2 + 88.8$$

يمكن تقسيم التأثيرات الجينية (G): القيمة التربوية (A) Breeding Value: هي ضعف انحراف النسل عن متوسط المجتمع (حيث أن الفرد يساهم فقط بنصف الأليلات في نسله). يشير أيضًا A إلى التأثيرات التجميعية. وتشير D إلى انحرافات السيادة Dominance deviations: اذ تشير هذه الانحرافات إلى انحراف القيم الوراثية عن مجموع متوسط تأثيرات تلك الأنماط الجينية Genotypic values from the sum of the average effects of those genotypes ، بسبب التفاعل بين الأليلات في نفس الموقع الوراثي Dominance و التفاعل بين جينات المواقع المختلفة Epistasis لتكوين النمط الظاهري Phenotypes.

وبعبارة أخرى فإن التفاعلات الجينية مثل السيادة والتفوق السيادي & Dominance epistasis تؤثر على النمط الظاهري Phenotype. على سبيل المثال ، إذا كان عمل الجين السائد يتحكم في الصفة أو السمة ، فإن التركيب الوراثي المتماثل السائد والمتغاير Homozygous dominant and heterozygote سيكون لهما نفس القيمة المظهرية. لذلك ، فإن عدد الصفات الظاهرية أقل من عدد الصفات الخاصة بعمل الجين التجمعي أو المضاف Additive gene action . علاوة على ذلك ، سيتم تقليل عدد الطرز المظهرية الناتجة عن نمط وراثي معين إذا كانت التفاعلات الجينية بين عدة مواقع وراثية Epistatic effects تؤثر على النمط الظاهري. يمكن أن تساهم التأثيرات التجمعية / الإضافية Additive gene action والتفوقية (Epistatic interactions) في النمط الظاهري للصفة الكمية ، ولكن التفاعلات التجمعية / المضافة بشكل عام هي الأكثر أهمية. جميع العوامل المذكورة أعلاه وراثية بطبيعتها ، لكن البيئة تؤثر أيضاً على السمات الكمية. لذلك ، فإن النمط الظاهري هو مجموع التأثيرات البيئية والجينية. ويغبر عنها بصيغة رياضية:

$$\text{النمط الظاهري} = \text{عوامل وراثية} + \text{عوامل بيئية}$$

$$\text{Phenotype} = \text{Genetic Factors} + \text{Environmental Factors}$$

وأحد أهداف علم الوراثة هو قياس مساهمة العوامل الوراثية والبيئية في نمط ظاهري معين. لذلك ، فإن العلاقة بين قيمة النمط الظاهري ، والقيمة التربوية ، والقيمة الوراثية / النمط الجيني ، وانحراف السيادة ، والتفوق السيادي هي كما يلي:

$$\text{القيمة الوراثية} = \text{القيمة التربوية} + \text{انحراف السيادة} + \text{قيمة التفوق السيادي}$$

$$\text{Genotypic value} = \text{breeding value} + \text{Dominance deviation} + \text{epistasis}$$

ويمكن إيجاز هذه العلاقات بالآتي:

$$\text{Phenotypic value} = \text{Genotypic value} + \text{environmental factors}$$

$$\text{Phenotypic value} = \text{Breeding value} + \text{Dominance deviation} + \text{Epistasis} + \text{Environmental factors}$$

إذا تم استبعاد جميع الأفراد A_2A_2 ، وتم تزاوج الأنماط الجينية المتبقية عشوائياً ، سيكون تكرار التراكيب الوراثية للنسل وسيكون متوسط النسل كما يلي:

$$\text{Freq. of } P_1 = 1/(1+q) = 1/(1+0.5) = 2/3 \quad q_1 = 1/3$$

Therefore, frequency of تكرار التراكيب الوراثية سيكون

$$A_1A_1 = 4/9$$

$$A_1A_2 = 4/9$$

$$A_2A_2 = 1/9$$

$$\text{Mean of the progeny} = (\mu_1) = m + [a(p - q) + 2pqd] = \text{متوسط النسل}$$

$$12 + [4(2/3 - 1/3) + (2)(2/3)(1/3)(2)] = 14.23$$

$$= \text{Selection response} = \text{لذلك فان استجابة الانتخاب}$$

$$14.23 - 13 = 1.23$$

لذلك زاد متوسط القيمة الوراثية (Genotypic value) بسبب الزيادة في تكرار الجين A_1 ، اذ أن "m" يبقى ثابت للمجاميع الأصلية والنسل ، (Original and progeny populations) وسيكون متوسط استبدال الجينات

The average of gene substitution (α).

$$(\alpha) = [a + d(q - p)] = 4 + 2(0.5 - 0.5) = 4$$

The breeding vales of A_1A_1 , A_1A_2 and A_2A_2 of the original?

$$\text{Breeding vales of } A_1A_1 = 2q \alpha = 2(0.50)(4) = 4$$

$$\text{Breeding vales of } A_1A_2 = (q - p) \alpha = 0$$

$$\text{Breeding vales of } A_2A_2 = -2p \alpha = -4$$

وستكون القيم التربوية A_1A_1 و A_1A_2 و A_2A_2 للمجتمع الأصلي كما يلي:

:The breeding vales of A_1A_1 , A_1A_2 and A_2A_2 of the original

$$\text{Breeding vales of } A_1A_1 = 2q \alpha = 2(0.50)(4) = 4$$

$$\text{Breeding vales of } A_1A_2 = (q - p) \alpha = 0$$

$$\text{Breeding vales of } A_2A_2 = -2p \alpha = -4$$

ام بالنسبة الانحراف السيادي لـ A_1A_1 و A_1A_2 و A_2A_2 للمجتمع الأصلي:

The dominance deviation of A_1A_1 , A_1A_2 and A_2A_2 of the original:

$$\text{Dominance deviation of } A_1A_1 = -2q^2d = - (0.25)^2 (2) = -1$$

$$\text{Dominance deviation of } A_1A_2 = 2pqd = (2) (0.25)^2 (2) = 1$$

$$\text{Dominance deviation of } A_2A_2 = -2p^2d = -2 (0.5) (0.5) (2) = -1$$

وللتحقق من أن القيمة المظهرية تساوي =

أو القيمة المظهرية = μ + قيمة التربية + انحراف السيادة أو تساوي =

$$m + a(p-q) + 2pqd + \text{انحراف السيادة}$$

Phenotypic value = μ + breeding value + dominance deviation.

Remember that $(\mu) = m + [a(p-q) + 2pqd] = \mu$ وحيث أن

Verify that the phenotypic value = $m + a[(p-q) + 2pqd] +$ breeding value + dominance deviation.

$$12 + [4(0.5 - 0.5) + 2(0.5)(0.5)(2)] = 13$$

$$P_{11} = 13 + 4 + (-1) = 16 \text{ units}$$

$$P_{12} = 13 + 0 + (1) = 14 \text{ units}$$

$$P_{22} = 13 + (-4) + (-1) = 8 \text{ units}$$



الشكل 7. 1: الابعاء تورث الجينات الى الابعاء وليس التركيب الوراثي.

Parents can only pass on individual genes, not combinations.

مكونات التباين للصفات الكمية: القيمة المظهرية لفرد معين ، هي نتيجة العوامل الوراثية والعوامل البيئية والتفاعل بين العوامل البيئية مع العوامل الوراثية

Is the result of genetic factors, environmental factors, and the environmental factors that interact with the genetic factors.

يساهم مجموع هذه العوامل في تباين الصفة في المجتمع. وبالتالي يمكن تقسيم التباين المظهري الكلي VP الى:

$$VP = VG + VE + VGE$$

التباين الوراثي VG والتباين البيئي VE والتباين بسبب التفاعل بين العوامل الوراثية والبيئية VGE

يمكن تقسيم تباين العوامل الوراثية إلى ثلاثة مكونات. المكون الأول يسمى التباين الجيني التجمعي. قد تساهم بعض الأليلات بقيمة ثابتة في القيمة المظهرية للصفة الكمية. على سبيل المثال ، إذا كانت الجينات A و B تتحكم في إنتاج الحليب (اذ يتم التحكم فيه فعلياً بواسطة العديد من الجينات) ، ويساهم كل أليل بشكل مختلف في الإنتاج بالطريقة التالية: A = 4 كجم ، a = 2 ، كجم ، B = 6 كجم و b = 3 كجم . سيكون انتاج النمط الجيني AABb 20 كجم (4 + 4 + 6 + 6) كجم وسيعطي التركيب الوراثي AaBb انتاج 15 كجم ، (3 + 6 + 2 + 4) .

الجينات التي تعمل بهذه الطريقة تجمعية وتساهم في التباين الجيني التجمعي (VA) . بالإضافة إلى الجينات التي لها تأثير تجمعي على الصفة الكمية ، قد تظهر الجينات تأثيراً جينياً سيادياً. على سبيل المثال ، إذا أظهر الجينان المذكورين اعلاه سياده ، فإن القيمة المظهرية لـ AaBb ستكون ايضاً 20 كجم. هذه القيمة تساوي النمط الوراثي السائد المتمثل AABb . يُعزى مصدر التباين هذا إلى التباين الجيني السائد (VD) . يرتبط النوع الأخير من التباين الجيني بالتفاعلات بين الجينات في عدة مواقع وراثية epistasis. ويسمى التباين الجيني التفاعلي التفوقي (VI) . على سبيل المثال ، إذا أظهر الجينان اللذان تم ذكرهما اعلاه التفوق السيادي ، فإن القيمة المظهرية لـ AaBb Heterozygote ستكون 25 كجم ، هذه القيمة تساوي 5 كجم أكثر من بقية الأنماط الجينية. لذلك يمكن تقسيم التباين الجيني الكلي إلى ثلاثة أشكال من التباين

$$VG = VA + VD + VI$$

وبهذا يمكن كتابة التباين المظهري بالشكل التفصيلي الآتي:

$$VP = VA + VD + VI + VE + VGE$$

$$VG = VA + VD + VI$$

ويمكن إعادة كتابة التباين الظاهري الكلي

$$VP = VA + VD + VI + VE + VGE$$

من خلال إجراء تجارب محددة يمكن لعلماء الوراثة الكميين تقدير نسبة التباين الكلي الذي يعزى إلى التباين الجيني الكلي و التباين الجيني البيئي.

علماء الوراثة يحاولون تحسين الصفات الكمية مثل إنتاج الحليب أو زيادة الوزن للحيوان ، فإذا كانت نسبة تقديرات التباين الوراثي إلى التباين الكلي كبيرة فهذا يرشد اتجاهًا لأبحاثهم (وخاصة ضمان الاستجابة لإجراء عملية الانتخاب). من ناحية أخرى ، إذا كان التباين الجيني منخفضًا ، مما يعني أن التباين البيئي كبير ، فسيتم تحقيق المزيد من النجاح إذا تم تحسين الظروف البيئية التي سينمو الفرد في ظلها. وستشمل الظروف البيئية الآتي:

- التغذية Nutrition
- المناخ Weather
- الموقع الجغرافي (الارتفاع عن سطح البحر) Geographical locations
- الإدارة Management
- الأمراض Disease
- التهوية Ventilation

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل السابع.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 7.

Hardy-Weinberg Law: In a large random mating population, in the absence of forces which change gene frequencies, both genes and genotypic frequencies remain constant from one generation

to the next. Population is said to be in the Hardy- Weinberg equilibrium.

GIVEN:

<u>Genotype</u>	<u>Freq. Of Genotype</u>
RR	0.6
Rr	0.4
rr	0.0

N0. Is the population at H-W Equilibriu

What would be the frequency of (R) and frequency of (r) in the next generation?

$$F(R) \text{ in the initial population} = 0.6 + 1/2 (0.4) = 0.8$$

Frequencies of genotypes in progeny are

$$F(RR) = 0.64$$

$$F(rr) = 0.04$$

$$F(Rr) = 0.32$$

$$F(R) \text{ in the progeny (or next generation) is} = 0.64 + 1/2 (0.32) = 0.8$$

So the original population was not at H-W EQ. Since genotypic frequencies changed between initial population and progenies.

HW equilibrium attained in progeny population (in one generation of random mating).

Remember:

Mating	Frequency	Offspring genotype		
		A_1A_1	A_1A_2	A_2A_1
$A_1A_1 \times A_1A_1$	x_1^2			
$A_1A_1 \times A_2A_1$	$x_{11}x_1$			
$A_1A_1 \times A_2A_2$	$x_{11}x_2$			
$A_1A_2 \times A_1A_1$	$x_{12}x_1$			
$A_1A_2 \times A_2A_1$	$x_{12}x_1$			
$A_1A_2 \times A_2A_2$	$x_{12}x_2$			
$A_2A_1 \times A_1A_1$	$x_{21}x_1$			
$A_2A_1 \times A_2A_1$	$x_{21}x_1$			
$A_2A_1 \times A_2A_2$	$x_{21}x_2$			
$A_2A_2 \times A_1A_1$	x_2^2			
$A_2A_2 \times A_2A_1$	x_2x_1			
$A_2A_2 \times A_2A_2$	x_2^2			

Given: Frequency of A_1 in male and female in parents = 0.6
 What would be the gene genotypic frequencies of offspring under random mating?

Genotypic frequencies in the original or parent population are:

$$F(A_1A_1) = 0.36$$

$$F(A_1A_2) = 0.48$$

$$F(A_2A_2) = 0.16$$

Given a population with the following genotypic frequencies and relative fitness: (50% of aa genotype will survived)

<u>Genotype</u>	<u>Freq. of genotype</u>	<u>Relative fitness</u>
AA	1	0.64
Aa	0.32	1
aa	0.04	0.5

What would be the freq. of (A) in the survivors? What would be the freq. of progeny genotypes after random mating of the survivors?

What is your conclusion ?

$$F(A) = P_o = P_o / 1 - sq_o = 0.8 / 1 - (0.5) (0.04) = 0.816$$

$$q_1 = 1 - 0.816 = 0.184$$

Frequencies of progeny genotypes are:

$$F(AA) = p^2 = (0.816)^2 = 0.665$$

$$F(Aa) = 2pq = 2 \times 0.816 \times 0.184 = 0.3$$

$$F(aa) = q^2 = (0.184)^2 = 0.033$$

Genotypic Value: The average phenotype of those carrying the specified genotype. the genotypic value. 1. the genetic makeup of an organism or group of organisms with reference to a single trait,

set of traits, or an entire complex of traits. 2. the sum total of genes transmitted from parent to offspring. The genotype value (G) of an animal equals the phenotype mean value of individuals with the same genotype.

Breeding Value: The value of an individual, as measured by the average value of its offspring, is called its breeding value. This is twice the deviation of the offspring from the population mean (since the individual only contributes half of the alleles to its offspring). This is also the sum of the average effects of the individual. With random mating, the mean breeding value is zero.

To assess the value of an animal as a parent, we evaluate the value of the genes it will transmit.

Breeding Value (Additive Genetic Value)

Transmitting Ability = $1/2 \text{ BV}$ = average value of gametes produced by an individual

Dominance Deviations: The genetic effects (G) can be further partitioned. Ignoring interactions among loci, $G=A+D$.

equation, the A refers to the additive effects, which is the sum of the breeding values, and the D refers to dominance deviations. These dominance deviations refer to the deviation of diploid genotypic values from the sum of the average effects of those genotypes, due to the interaction between alleles at the same locus.

Interaction

Epistasis: If different loci interact to form the phenotype, then there is epistasis, and this interaction affects the composition of phenotypes in the population.

Variance Components of a Quantitative Trait:

The metric value (or phenotypic value) for a specific individual, is the result of genetic factors, environmental factors, and the environmental factors that interact with the genetic factors. The sum of these factors in a population of individuals segregating for a quantitative trait contributes to the variance of that population.

Thus the total variance can be partitioned in the following manner.

$$VP = VG + VE + VGE$$

VP = total phenotypic variation

G = genetic variation that contributes to the total phenotypic variation

VE = environmental contribution to the total phenotypic variation

VGE = variation associated with the genetic and environmental factor interactions

The total genetic variance can be partitioned into the three forms of variance

The total genetic variance can be partitioned into the three forms of variance

$$VG = VA + VD + VI$$

and the total phenotypic variance can be rewritten as

$$VP = VA + VD + VI + VE + VGE$$

Therefore, the relation between phenotypic value, breeding value, genotypic value, dominance deviation and epistasis is as follows:

Genotypic value = breeding value + Dominance deviation + epistasis

Phenotypic value = Genotypic value + environmental factors

Phenotypic value = breeding value + Dominance deviation + epistasis + environmental factors.

By performing specific experiments quantitative geneticists can estimate the proportion of the total variance that is attributable to the total genetic variance and the environmental genetic variance. If geneticists are trying to improve a specific

quantitative trait (such as milk yield or weight gain of an animal), estimates of the proportion of these variances to the total variance provide direction to their research. If a large portion of the variance is genetic, then gains can be made from selecting individuals with the metric value you wish to obtain. On the other hand if the genetic variance is low, which implies that the environmental variance is high, more success would be obtained if the environmental conditions under which the individual will be grown were optimized.

The environmental Factors Influencing Quantitative Traits in Livestock:

- Nutrition
- Weather
- Geographical locations
- Management
- Disease
- Ventilati

References

- 1- Arun & Tomar Sukhvir Tomar. Animal Genetic and Breeding. Daya Publishing House, 2015.
- 2-Bolnick DI, P Nosil (2007). Natural selection in populations subject to a migration load. *Evolution* 61, 2229–2243.
- 3-Dyer RJ (2017). Applied Population Genetics.
- 4-Daniel L. Hartl & Andrew G. Clark. 1997. Principles of Population Genetics.
- 5--Heather, I., Lawson, A. An Introduction to Quantitative Genetics Advanced Genetics Spring2018.

Chapter 8 الفصل الثامن

اساسيات تربية وتحسين الحيوان

Basics of Animal Breeding

تربية وتحسين الحيوان عبارة عن علم تطبيق لعلوم الوراثة والإحصاء و الفلسفة والكيمياء الحيوية بهدف إنتاج أجيال متتالية تتميز عما سبقها من الاجيال في الانتاجية واقتصاديا ، وتشمل تحسين انتاجية الحيوان الزراعي من الناحية الكمية والنوعية. ولمعرفة كيفية التحسين الوراثي لا بد من معرفة عدة أمور منها اساسيات وطبيعة التوارث (كما تم مناقشتها في الفصول السابقة) ، اضافة الى علوم لها علاقة بطبيعة التحسين الوراثي. كما يعرف علم تربية وتحسين الحيوان على انه احد العلوم البايولوجية التي تهتم بالتحسين الوراثي للحيوان من خلال استعمال الاساليب العلمية المختلفة في زيادة انتاجية الحيوان خاصة الاقتصادية.

ان علم الوراثة (Genetics) هو فرع من فروع علم البايولوجي (الأحياء) يتعامل مع التوارث والتنوع والتباين في الأنواع النباتية والحيوانية. و التوارث (Heredity) هو انتقال الصفات من الأب إلى الأبناء. وان تربية وتحسين الحيوانات (Animal Breeding) هي علم تطبيق مبادئ علوم الوراثة والإحصاء والفلسفة والكيمياء الحيوية لتحسين كفاءة حيوانات المزرعة. وقد يشمل تحسين الحيوانات التلاعب الجيني (Genetic manipulation). من الأمثلة كفاءة تحسين الإنتاج بزيادة: نسبة التوائم litter size ، وزن الفطام ، إنتاج الحليب ، إنتاج البيض ، زيادة قطع الذبيحة المأكول (Carcass cutability) ، كفاءة التحويل الغذائي وبنفس الوقت تقليل العمر عند البلوغ (Age at puberty) . تشمل برامج تربية وتحسين الحيوان عمليتين رئيسيتين هي الانتخاب وطرق التزاوج.

الانتخاب Selection

بالانتخاب يتم تحديد الأفراد الذين يصبحون آباء ، وتحديد عدد النسل (اذ ان فترة بقاء الحيوان في القطيع يجب ان تكون محدودة لتجديد القطيع باسرع وقت ممكن لتقليل فترة مدى الجيل). هناك نوعين من الانتخاب:

- طبيعي (Natural) مستقل عن سيطرة المربي.

- الاصطناعي (Artificial) ويكون تحت سيطرة المربي ، وهناك جانبان: اما اختيار الحيوانات ذات القيم التربوية العالية لاستبدال الحيوانات ذات القيم التربوية القليلة (Replacement selection) ، والاستبعاد (Culling) للحيوانات كبيرة العمر

والتي عادة ما تكون في نهاية عمرها الانتاجي وذات كفاءه انتاجية قليلة ، فضلا عن الحيوانات التي تصاب بعاهاات مرضية دائمة (مثل التهاب الضرع). في عمليات الانتخاب هناك سؤالين تواجه مربى الحيوان وهي:

الاول: ما هو أفضل حيوان للانتخاب؟ (What is the best animal?) فهل أفضل بقرة هي التي تعطي اكبر كمية من الحليب؟ او تلك التي تتمتع بأفضل تكوين هيكلي مثالي و ضرع كبير؟ أو تلك التي تجمع بين الأداء وصفات التكوين الهيكلي؟ وفي الحقيقة ، فإن هذه الاسئلة مهمة ، لأنها تحدد الاتجاه المطلوب للتغير الجيني لنظام التربية. السؤال الثاني هو: كيف تربى وتزاوج هذه الحيوانات بحيث يكون نسلها ، أفضل وراثيا من الالباء؟

How do we breed animals so that their descendants will be better than parental animals?

يستخدم الانتخاب لإجراء تغيير جيني طويل المدى في الحيوانات. إنها العملية التي تحدد الأفراد الذين يصبحون آباء ، وعدد النسل الذي قد ينتجون ، ومدة بقائهم في المجتمع او القطيع. يعرف معظمنا مصطلح الانتخاب الطبيعي التي تؤدي الى التغيير الجيني في جميع الكائنات الحية. نعتقد عموماً أن الانتقاء الطبيعي يؤثر على الحيوانات والنباتات البرية ، لكنه في الواقع يؤثر على كل من الأنواع البرية والداجنة. ولكن نوع الانتخاب الذي يهتم بشكل أساسي بتربية الحيوانات هو الانتخاب الاصطناعي والفكرة وراء الاختيار هي ببساطة: السماح للأفراد الذين لديهم أفضل مجموعة جينات بالتكاثر بحيث يكون للجيل القادم (الحيوانات ذات قيم التربية أفضل) ، في المتوسط ، ذات جينات مرغوبة أكثر من الجيل السابق من الحيوانات. ومن ثم فإن نتيجة الاختيار الناجح هي تحسين الأجيال القادمة من المجتمع وراثيًا عن طريق زيادة نسبة الجينات المرغوبة بمرور الوقت. عندما نفكر في الاختيار ، فإننا نتصور عادة انتخاب الحيوانات داخل سلالة. ومن الممكن أيضًا الاختيار بين السلالات. فعند إنشاء مزرعة أو برنامج تربية ، نحتاج إلى اختيار سلالة للعمل معها. يوفر الانتقاء بين السلالات طريقة لاستخدام الاختلافات في السلالات لإجراء تغيير جيني سريع للغاية (كما تم شرحه في الفصل السابع فقرة الهجرة ، Migration) . بالنسبة للعديد من الصفات ، يمكن أن تكون الاختلافات في السلالات كبيرة جدًا. من خلال الاستفادة من هذه الاختلافات الكبيرة ، يمكن أن ينتج عن الانتقاء بين السلالات تغييرًا جينيًا أسرع بكثير من التغيير التدريجي المحتمل من الانتخاب داخل السلالة. على سبيل المثال ، زاد إنتاج حليب الأبقار البيضاء والسوداء في هولندا بشكل كبير في فترة السبعينيات من القرن

التاسع عشر - ليس من خلال الانتقاء داخل قطيع الفريزيان الهولندي ، ولكن من خلال استيراد السائل المنوي من فريزيان هولشتاين الأكثر إنتاجية في الولايات المتحدة. جدير بالذكر إن الصفات الوراثية اما بسيطة (مثل لون الحيوان او وجود او عدم وجود القرون) وهي صفات نوعيه ، التي يمكن توزيع افراد المجموعة / المجتمع تبعاً لها في اقسام محددة وواضحة (A categorical trait) وتسمى مثل هذه الصفات بالصفات الوصفية او النوعية (Qualitative traits) . او تكون كمية (مثل إنتاج الحليب والنمو وزن الجسم وانتاج البيض) وهي الصفات التي يتبعها معظم الصفات الانتاجية المهمة اقتصاديا في مجال الانتاج الحيواني، وتسمى بالصفات الكمية (Quantitative traits) . يشير الجدول 9-1 الى الفروقات بين الصفات النوعية والكمية .

من الجدول (8 - 1) ، يتبين إن الصفات الكمية لا تختلف عن النوعية الا في طريقة التعبير ، وكلاهما يتأثر بالعوامل الوراثية ، ولكن الصفات النوعية تتأثر بعدد اقل من الجينات ويمكن تتبع عملية الانعزال في هذه الجينات حسب قوانين مندل ووضع كل مجموعة افراد في اقسام محددة. اما الصفات الكمية فانها تتأثر بعدد اكبر من الجينات ولذلك يطلق عليها (Polygenic characters) . وان التغير (التباين) فيها مستمر وتدرجي مما يصعب معه وضع هذه المجموعات في اقسام محددة. وعليه ، فان الوراثة الكمية تهتم بتلك الاختلافات بين الافراد والتي يمكن استغلالها في تربية الحيوان لاغراض التحسين وان الاساس لفهم الوراثة الكمية هو التباين (Variance). وعادة تتوزع الصفات الكمية حول متوسطها وانحرافها المعياري او القياسي (Standard deviation). يمكن أن يكون لتوزيعين نفس المتوسط ، لكنهما يختلفان بشكل كبير في الانحراف المعياري.

يشير التوزيع الواسع (A wide distribution) إلى مدى كبير من القيم (انحراف معياري كبير)، بينما التوزيع الضيق عندما يكون مدى القيم المرصودة صغيراً. التباين هو مقياس التباين للتوزيع. يوضح الرسم البياني التالي توزيعين لهما نفس المتوسط ولكن بتباينات مختلفة (الشكل 1.1). هناك طريقة بسيطة لوصف التوزيع هي من حيث المتوسط والانحراف المعياري. يشمل المتوسط $\pm$ انحراف المعياري واحد 66% من بيانات التوزيع. وبالتالي ، يشير الانحراف المعياري الأكبر إلى أن التوزيع أوسع من التوزيع ذي الانحراف المعياري الأصغر. علاوة على ذلك ، يوجد 95% من بيانات التوزيع ضمن $\pm$ انحرافين معياريين للمتوسط و 99% من بيانات التوزيع موجود ضمن $\pm$ ثلاثة انحرافات معيارية (الشكل 8-1).

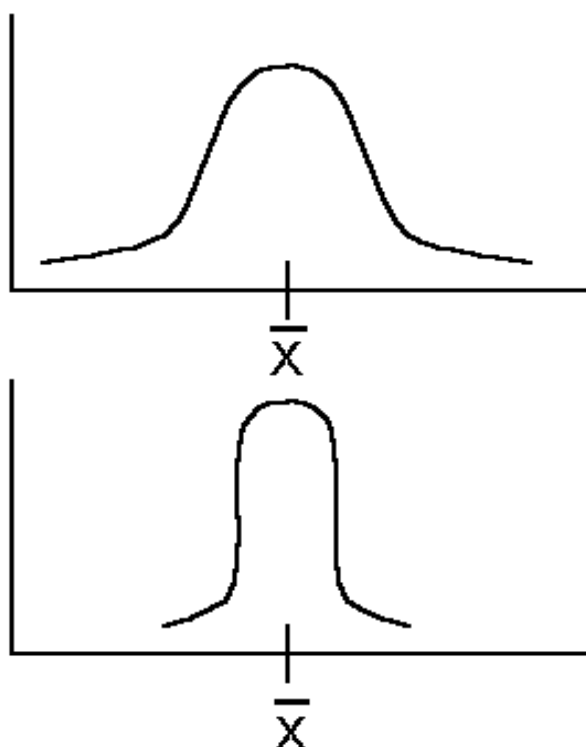
الجدول 8-1. الفروق بين الصفات النوعية والكمية

الصفات النوعية	الصفات الكمية
اهميتها الاقتصادية قليلة تتأثر بزواج واحد او عدد محدود من الجينات لا تقاس بوحدات مثل اللون والشكل صفات منقطعة التباين او صفات فنوية A categorical trait ، discontinuous تتأثر بالبيئة بشكل ضعيف جدا مثل وجود او عدم وجود القرون ، شكل العرف في الدواجن ولون الجلد في الابقار.	ذات اهمية اقتصادية كبيرة تتأثر بعدد كبير من الجينات تقاس بوحدات مثل سم و كغم صفات مستمرة التباين continuous expression (numerical) تتأثر بالبيئة بشكل واضح مثل إنتاج الحليب والنمو ووزن الجسم

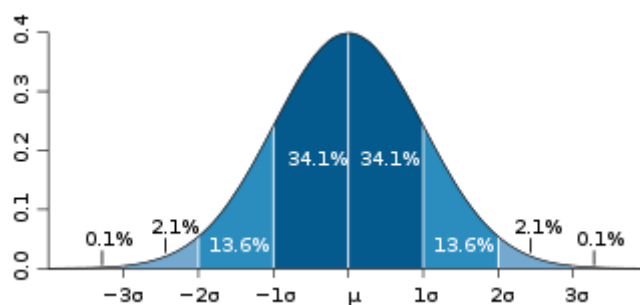
سيتم في هذا الفصل مناقشة العلاقات بين شدة الانتخاب والفارق الانتخابي ومعدل الاستبدال (استبدال الحيوانات المنتخبة بعد استبعاد غير المرغوبه) وتركيبية اعمار حيوانات القطيع ومدى الجيل والاستجابة للانتخاب ، لابد من التعرف على بعض الاصطلاحات قبل مناقشة هذه العلاقات.

الدقة Accuracy : هي مقياس لمدى دقة تقدير BV القيمة التربوية للحيوان = الارتباط بين BV الحقيقية وقيمة تقديرها $estimated\ BV\ (BV,EBV)$ تتراوح الدقة من 0 إلى 1 وكلما زادت القيمة ، زادت دقة التقدير. والدقة تساوي الجذر التربيعي للمكافء الوراثي $\sqrt{h^2}$.

الاستجابة المرتبطة Correlated Response : التغيير في صفة ناتج عن الانتخاب لصفة أخرى • غالبًا ما تكون الاستجابة غير مرغوب فيها . تستند الاستجابة إلى التباين المشترك الوراثي covariance بين الصفتين (BV_x, BV_y) COV.



الشكل 8-2 . توزيعين لهما نفس المتوسط ولكن بتباينات مختلفة



الشكل 8-3 . التوزيع الطبيعي للبيانات حول المتوسط.

العلاقة بين نسبة الحيوانات المنتخبة (شدة الانتخاب) والتباين الوراثي والاستجابة للانتخاب:

The relations among selected animals (selection intensity) , genetic variation, and genetic gain year

الاستجابة للانتخاب Response to Selection: يمكن أن يغير الانتخاب توزيع الأنماط الظاهرية ، وعادةً قياس هذا من خلال التغيرات الايجابية في المتوسط. هذا تغيير داخل الجيل Within-generation change . يمكن الانتخاب أيضًا يغير توزيع القيم التربوية Breeding values ، هذا التغيير في الصفة في الجيل التالي (التغيير بين الاجيال The between-generation change)
يقيس الفارق الانتخابي (S) Selection differential ويمثل التغيير داخل الجيل في متوسط الصفة: (شكل 8.2)

$$= \text{متوسط الابناء } m^* - \text{متوسط الاباء } m = S = m^* - m$$

في حين تكون الاستجابة للانتخاب R هي التغيير في المتوسط بين الاجيال:

$$R(t) = m(t+1) - m(t)$$

الاستجابة الوراثية للانتخاب:

$$h^2 (m^* - m) = h^2 S =$$

الاستجابة للانتخاب: الانتخاب يمكن أن يغير قيم التربية عبر الاجيال. التغيير في الصفة في الجيل القادم. = الفرق في الأداء بين الوالدين والنسل. تساوي الفارق الانتخابي X المكافئ الوراثي (h²) .

$$\frac{\text{التباين الوراثي}}{\text{التباين الكلي}} = \text{اذ ان المكافئ الوراثي}$$

$$= \frac{\text{التباين التجمعي} + \text{التباين السيادي} + \text{التباين التفوقي}}{\text{التباين الكلي}}$$

وكلما كانت قيمة المكافئ الوراثي كبيرة كلما زادت اهمية الوراثة بالنسبة للبيئة والعكس صحيح ، ويطلق على هذه القيمة اسم (المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع او

العريض) (Heritability in the broad sense) . وتسمى قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق ، Heritability in the narrow sense اذا كانت النسبة: التباين التجمعي / التباين الكلي.

وكمثال في قطيع ابقار حليب ، كان متوسط إنتاج الحليب 4000 كغم وبعد التحسين الوراثي اصبح الانتاج 4400 كغم . في هذه الحالة نستطيع حساب مقدار التحسين اذا توفر المكافئ الوراثي ولنفترض إن المكافئ الوراثي للانتاج هو 0.20 ، فان مقدار التحسين الوراثي المتحقق =

الفارق الانتخابي (Selection differential) (S) وكما يلي :

الفارق الانتخابي = 4400 - 4000 = 400 كغم . (يمثل تميز الحيوانات المنتخبة عن متوسط القطيع وهو ناتج عن تفوق الحيوانات المنتخبة وراثيا وبيئيا).

مقدار التحسين الوراثي المتحقق (Response) كما يلي:
التحسين الوراثي = الفارق الانتخابي × المكافئ الوراثي

$$0.20 \times 400 =$$

= 80 كغم وهو مقدار التحسين الوراثي المتحقق من عملية الانتخاب .

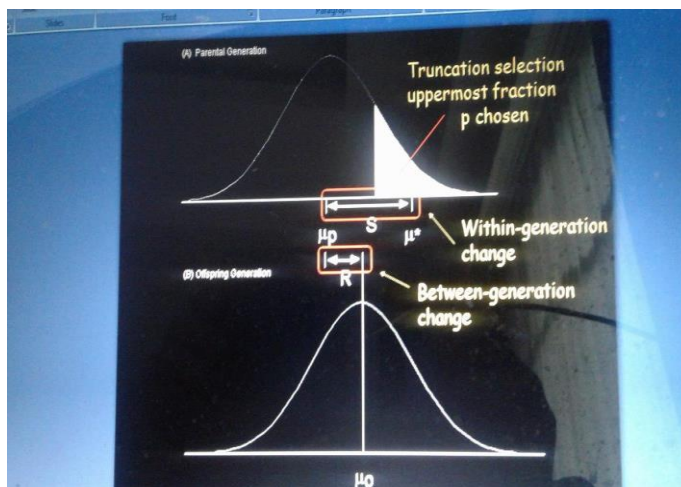
وعادة يحسب التحسين الوراثي بالسنة اذ يتطلب معرفة مدى الجيل (Generation interval) . فاذا كان مدى الجيل خمس سنوات.

$$\frac{\text{الفارق الانتخابي} \times \text{المكافئ الوراثي}}{\text{مدى الجيل}} = \text{التحسين الوراثي السنوي}$$

$$= (0.20 \times 400) / 5 = 16 \text{ كغم حليب}$$

جدير بالذكر انه مهما كان الفارق الانتخابي كبير فاذا كانت قيمة المكافئ الوراثي قليلة سيكون التحسين الوراثي قليلة.

Note that no matter how strong S, if h^2 is small, the response is small ولا بد من الإشارة بان التحسين الوراثي المنجز (الفرق بين متوسط الالباء والابناء) هو نظريا ويتحقق فقط عندما يكون تاثير الظروف البيئية في مجتمع الالباء و الالبناء متشابهة .

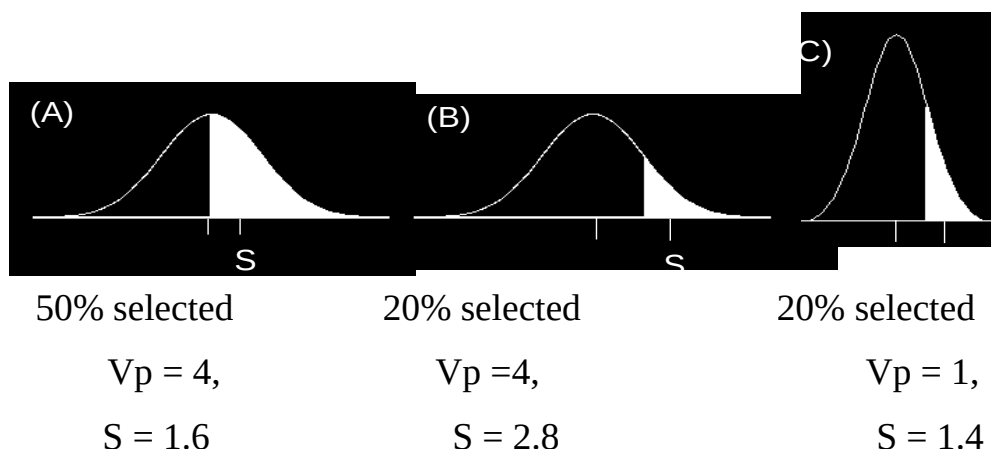


الشكل 8 - 4. الاستجابة بسبب انتخاب الآباء لإنتاج جيل الأبناء.

يعتمد الفارق الانتخابي على التباين المظهري للصفة و نسبة الحيوانات المنتخبة (شكل

The selection differential is a function of both the (5 - 8 phenotypic variance and the fraction selected

اذ ان الفارق الانتخابي يتناسب طرديا مع التباين المظهري للصفة phenotypic variance (Vp) (زيادة التباين المظهري) من 1 الى 4 يزيد من الفارق الانتخابي (S) من 1.4 الى 1.6 ، كما في الشكل 3 - 8 ، A و C وعكسيا مع نسبة الحيوانات المنتخبة (زيادة نسبة الحيوانات المنتخبة من 20 الى 50% يقلل من الفارق الانتخابي (S) ، من 2.8 الى 1.6 كما في الشكل 5-8 ، A و B .



شكل 8 - 5: العلاقة بين الفارق الانتخابي و التباين المظهري للصفة و نسبة الحيوانات المنتخبة.

جدول 8-2 . العلاقة بين نسبة انتخاب الحيوانات وشدة الانتخاب (i)

Selection Intensity Table
of a large sample truncated standard normal distribution, giving the truncation point and the average value of the selected group for a certain selected percentage (theo Falconer & Mackay, 1996)

% selecte	truncatio n point (x)	selection intensity (i)	% selecte	truncatio n point (x)	selection intensity (i)	% selecte	truncatio n point (x)	selection intensity (i)
0.01	3.719	3.950	1.0	2.320	2.665	20	0.842	1.400
0.02	3.540	3.789	1.2	2.257	2.603	21	0.806	1.372
0.03	3.432	3.687	1.4	2.197	2.540	22	0.772	1.346
0.04	3.353	3.613	1.6	2.144	2.502	23	0.739	1.320
0.05	3.291	3.554	1.8	2.097	2.459	24	0.708	1.295
0.06	3.239	3.506	2.0	2.054	2.421	25	0.675	1.271
0.07	3.195	3.465	2.2	2.014	2.386	26	0.643	1.248
0.08	3.155	3.428	2.4	1.977	2.353	27	0.613	1.225
0.09	3.121	3.396	2.6	1.943	2.323	28	0.583	1.202
0.10	3.090	3.367	2.8	1.911	2.296	29	0.553	1.180
0.12	3.036	3.316	3.0	1.881	2.269	30	0.524	1.159
0.14	2.989	3.273	3.2	1.852	2.243	31	0.496	1.138
0.16	2.948	3.235	3.4	1.825	2.219	32	0.468	1.118
0.18	2.911	3.201	3.6	1.799	2.197	33	0.440	1.097
0.20	2.878	3.170	3.8	1.774	2.175	34	0.413	1.078
0.22	2.848	3.142	4.0	1.751	2.154	35	0.385	1.058
0.24	2.820	3.117	4.2	1.728	2.135	36	0.359	1.039
0.26	2.794	3.093	4.4	1.706	2.116	37	0.332	1.021
0.28	2.770	3.071	4.6	1.685	2.097	38	0.306	1.002
0.30	2.748	3.050	4.8	1.665	2.080	39	0.279	0.984
0.32	2.727	3.030	5.0	1.645	2.063	40	0.253	0.965
0.34	2.707	3.012	5.0	1.645	2.063	41	0.228	0.948
0.36	2.687	2.994	5.5	1.598	2.023	42	0.202	0.931
0.38	2.669	2.978	6.0	1.555	1.985	43	0.176	0.914
0.40	2.652	2.962	6.5	1.514	1.951	44	0.151	0.896
0.42	2.636	2.947	7.0	1.475	1.918	45	0.126	0.880
0.44	2.620	2.932	7.5	1.440	1.887	46	0.100	0.863
0.46	2.605	2.918	8.0	1.405	1.858	47	0.075	0.846
0.48	2.590	2.905	8.5	1.372	1.831	48	0.050	0.830
0.50	2.576	2.892	9.0	1.341	1.804	49	0.025	0.814
0.55	2.576	2.892	9.5	1.311	1.779	50	0.000	0.798
0.60	2.543	2.862	10.0	1.282	1.755	60	-0.253	0.644
0.65	2.484	2.808	11	1.227	1.709	70	-0.524	0.467
0.70	2.457	2.784	12	1.175	1.667	80	-0.842	0.350
0.75	2.432	2.761	13	1.126	1.627	90	-1.282	0.195
0.80	2.409	2.740	14	1.080	1.590			
0.85	2.387	2.720	15	1.036	1.554			
0.90	2.365	2.701	16	0.995	1.521			
0.95	2.346	2.683	17	0.954	1.489			
1.00	2.320	2.665	18	0.915	1.458			
			19	0.878	1.428			

*

S% = نسبة الحيوانات المنتخبة % of animal selected

*Truncation point (x) نقطة البتر

* Intensity of selection (i) شدة الانتخاب

العلاقة بين الاستجابة للانتخاب وشدة الانتخاب والانحراف المعياري المظهري و الوراثي

The relations among selection response, selection intensity, genetic and phenotypic standard deviations

كما تم مناقشة وتطبيق معادلة الاستجابة للانتخاب اعتمادا على حاصل ضرب قيمة المكافئ الوراثي والفارق الانتخابي:

$$R = h^2 S$$

وان الفارق الانتخابي يمثل تميز او تفوق الحيوانات المنتخبة مظهريا عن بقية حيوانات القطيع

(الفرق بين القيمة المظهرية للحيوانات المنتخبة عن متوسط القطيع ، $(P_s - P)$)
 Selection differential $(P_s - P) = \text{Average phenotypic superiority}$

وبما ان قيمة المكافئ تساوي نسبة التباين الوراثي الى التباين الكلي (المظهري) ،
 وان شدة الانتخاب (i) تساوي الفارق الانتخابي القياسي (حيث ان i توفر قيمه قياسية
 لمقارنة الفارق الانتخابي لعدة مجتمعات / قطعان. ان شدة الانتخاب =

لذلك $i = (P_s - P) / \sigma_p$ or $S = (P_s - P)$ therefore, $S = i \times \sigma_x$

Standardize superiority expressed in standard deviations

وبما ان $R = h^2 S$

وعند ضرب البسط والمقام بالانحراف القياسي المظهري σ_p

$$R = h^2 \times \frac{\sigma_p}{\sigma_p} S \quad \text{فان}$$

$$R = h^2 i \sigma_p = \text{because } h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_p^2 \quad \text{then } h = \sigma_A / \sigma_p$$

وتمثل h الارتباط بين القيمة التربوية والمظهر الخارجي للصفة وهي تمثل ايضا دقة
 التقدير للقيمة التربوية Accuracy ويرمز لها r_{pA} .

$$R = h i \sigma_A \quad \text{because}$$

لذلك فان الاستجابة الوراثية للانتخاب = دقة تقدير المكافئ $\times$ شدة الانتخاب $\times$
 الانحراف المعياري الوراثي

$$\text{Response} = \text{Intensity} \times \text{Accuracy} \times \sigma_A$$

$$R = i r_{pA} \sigma_A$$

هذه المعادلات تمثل الاستجابة الوراثية لكل جيل ، و يمكن تقدير الاستجابة للانتخاب
 في السنة بعد قسمة الاستجابة على مدى الجيل.

The annual selection gain (response) achieved by selection =
 (Heritability x Selection differential) / Generation interval

مثال تطبيقي لتقدير المؤشرات الخاصة بالانتخاب

ملاحظة: ادرجت امثلة اخرى في نهاية الفصل.

في قطاع ابقار تم تقدير وزن الفطام ، بمتوسط 105 كغم ، والانحراف المعياري المظهري 12 كغم ، والانحراف المعياري التجمعي 6 كغم.

المطلوب: حساب

(1) الاستجابة للانتخاب لجيل واحد اذا تم انتخاب 50% (شدة الانتخاب = 0.798)،

(2) حساب نسبة الافراد المراد انتخابهم اذا اردنا تحقيق استجابة سنوية بمقدار 1% ، على فرض ان مدى الجيل 4 سنوات؟

$$\text{Mean, } \mu = 105 \text{ kg}$$

Phenotypic standard deviation, $\sigma_P = 12 \text{ kg}$

Genetic standard deviation, $\sigma_A = 6 \text{ kg}$

1) The intensity of selection for the best 50% of the population is $i = 0.798$

The heritability = $6^2 / 12^2 = 0.25$

Selection response = heritability x i x phenotypic standard deviation = $0.25 \times 0.798 \times 12 = 2.394 \text{ kg / generation}$

2) Selection gain of 1% per year = $(1 \times 105) / 100 = 1.05 \text{ kg}$

Selection gain of 1% per year =

(Heritability x i x phenotypic standard deviation) / generation interval

$$= 1.05 = (0.25 \times i \times 12) / 4$$

$$i = 1.4$$

So $i = 1.4$ corresponding to 20% to be selected. Percentage of animals we have to select is = 20 %

Example:

قطاع من الابقار متوسط انتاج الحليب 5500 كغم يراد انتخاب 60% من الابقار. الانحراف المعياري المظهري 500 كغم وقيمة المكافئ الوراثي 0.25 . ومدى الجيل 4.5 سنة. يراد ايجاد متوسط الابقار المنتخبة؟ (شدة الانتخاب 0.644) وكذلك الاستجابة السنوية.

متوسط انتاج الابقار المنتخبة =

$$\text{- Selection differential} = S = i \times \sigma_P = 0.644 \times 500 = 322 \text{ kg}$$

The mean for the selected group (μ_s) = $\mu + S = 5500 + 322 = 5822$ kg

الاستجابة السنوية

-The annual selection effect (response) =
(Heritability x Selection differential) / Generation interval
= $(0.25 \times 322) / 4.5 = 17.9$ kg / year

العلاقة بين معدل الاستبدال (شدة الانتخاب) ومدى الجيل والاستجابة للانتخاب

The relations among replacement rate (selection intensity),
generation interval and genetic or gain per year.

ان دراسة التحليل الديموغرافي والتركيب العمري (Age structure, Demographic analysis) لحيوانات القطعان و شدة الانتخاب ومدى الجيل و حجم القطيع (مهم لتقدير نسبة الزيادة في معامل تربية الاقارب) التي تعتبر العوامل الرئيسية لتحسين الحيوانات خاصة الماعز و الاغنام. اذ ان معامل تربية الاقارب غالبا ما يحدث في القطعان الصغيرة. تعتمد معدلات التحسين الوراثي والعائد الوراثي السنوي للصفات الاقتصادية على شدة الانتخاب ودقة تقدير القيم التربوية وكمية التباين الوراثي و مدى الجيل والفارق الانتخابي (شدة الانتخاب). انه من المعروف ان نسبة الحيوانات المنتخبة (البالغة و الصغيرة العمر) تحدد الفارق الانتخابي (Selection differential) و بالتالي تحدد التحسين الوراثي الناتج من تغيير التراكيب الوراثية لأفراد العشيرة الحيوانية. يعرف مدى الجيل بأنه متوسط عمر الآباء عندما يلدون أبناؤهم. وكلما قصر مدى الجيل كلما ازداد العائد الوراثي السنوي. ان الذكور صغيرة العمر لها دقة تقدير للقيم التربوية منخفضة (بسبب قلة البيانات) مما يقلل الاستجابة الوراثية للانتخاب ، على العكس من الذكور كبيرة العمر التي لها دقة تقدير عالية (بسبب وفرة البيانات خاصة بعد اختبار نسلها واثبات كفاءتها الوراثية والتي قد تستغرق عدة سنين Proved sires) ولكن هذا يؤدي الى تقليل العائد الوراثي بسبب زيادة مدى الجيل. تتراوح نسبة الحيوانات المنتخبة في الإناث البالغة 70 الى 80 %. في حين تكون نسبة الانتخاب الفعلية للحملان الذكور اقل من 10 % وللحملان الأنثوية 65-70 % وبهذا تكون مساهمة الذكور في التحسين الوراثي اكبر من الإناث. في معظم قطعان الأغنام والماعز في العراق يكون عدد الإناث البالغة محدود (100 – 300) وان التربية في هذه القطعان مغلق (closed flock) إذ يتم انتخاب الذكور والإناث

الصغيرة للإحلال من نفس القطيع وان عدد الحيوانات في القطيع الواحد محدود قد لا يتجاوز 500 رأسا ، عليه يتوقع زيادة معامل تربية الأقارب جيلا بعد جيل. تؤثر زيادة معامل تربية الأقارب سلبا على العديد من الصفات الكمية وخاصة إنتاج الحليب وقد تؤدي الى خفض قابلية العيش (Fitness) وتقلل من التباين الوراثي (Genetic variation). اعتاد مربو الأغنام والماعز في العراق اختيار ذكور التربية من ضمن قطعانهم وتبقى في القطيع لمدة قد تتجاوز 5 سنوات وقد يكون لهاتين الظاهرتين تأثيرات سلبية في الأداء التناسلي والإنتاجي. على ضوء ذلك لابد التفكير الجدي لإنتاج أعداد من الذكور المحسنة من القطعان النواة لتوزيعها على قطعان المربين ، بسبب تفوق قطعان النواة من الناحية الوراثية مقارنة مقارنة مع قطعان المربين. ولابد من الإشارة الى ان قطعان النواة لابد ان تدار من قبل الجهات الرسمية الحكومية او جمعيات تحسين الحيوان ، بسبب كونها غير ربحية (بسبب الإحلال السريع للحيوانات الكبيره العمر بحيوانات صغيرة العمر ، والتي عادة ما تكون اقل انتاج من الحيوانات الكبيره المستبعدة ، ولكن تكون الحيوانات صغيرة العمر ذات عوامل وراثية افضل (كفاءه انتاجيه افضل) بسبب الانتخاب من الحيوانات الكبيرة المستبعدة.

مثال تطبيقي لتحسين انتاجية الأغنام فى قطيع النواة: يؤثر الهيكل او التوزيع العمري للحيوانات age structure of animals على العائد الوراثي السنوي. ففي قطيع من 100 نعجة. ولنفرض دورة ولادة واحدة في السنة ومعدل الفطام للإناث (عدد المواليد المفطومه لكل 100 نعجة) 80% weaning rate. في كل عام ، يتم استبدال 24 أنثى جديدة إلى القطيع. تبقى النعاج ستة مواسم تكاثر بحد أقصى (حتى عمر سبع سنوات). عدد النعاج لكل كبش هو 25 ، ويتم الاحتفاظ بالكباش لموسمين تكاثر فقط (وذلك لتجديد وتسريع عملية الإحلال وتقليل مدى الجيل). وبهذا يعني يتم استبدال 50% من الكباش سنويا بكباش صغيرة العمر.

التوزيع العمري:

العمر عند ميلاد النسل:	2	3	4	5	6	7	المجموع
عدد الكباش	2	-	-	-	-	-	4
عدد النعاج:	24	21	17	15	13	10	100

Age structure:

Age at drop of progeny:	2	3	4	5	6	7	Total
No. of Rams	2	2	-	-	-	-	4
No. of Ewes:	24	21	17	15	13	10	100

وعندما يحتفظ بكباشين ولموسمين فقط ، سوف تكون شدة الانتخاب للكباش المختارة:
متوسط عمر الكباش = 2.5 سنة حسب من المعادلة التالية: (كباشين بعمر 2 سنة وكباشين بعمر 3 سنوات). ويعبر Lm و Lf عن مدى الجيل لكل من الكباش والنعاك (على التوالي)

Males: $Lm = \text{average age of rams} = (2 \times 2 + 2 \times 3) / 4 = 2.5$
متوسط عمر النعاك = 4.2 سنة (حسب عدد وعمر النعاك في الجدول اعلاه)

Females: $Lf = (24 \times 2 + 21 \times 3 + 17 \times 4 + 15 \times 5 + 13 \times 6 + 10 \times 7) / 100 = 4.2 \text{ years}$

عدد المواليد المفطومة = 80 منها 40 ذكر و 40 انثى.

100 ewes give $0.8 \times 100 = 80$ progeny, 40 male and 40 female.
يتم انتخاب 2 ذكر من 40 اي بنسبة $2 / 40 = 0.05$ وهذه النسبة تعطي شدة انتخاب

2.1 للكباش (im) (جدول 1-8).

Males: Proportion selected: Two young rams selected out of 40 available = $2/40 = 0.05$, giving im = 2.1 = male selection intensity
يتم انتخاب 24 انثى من 40 وبنسبة $24 / 40 = 0.6$ وهذه النسبة تعطي شدة انتخاب
0.644

دقة الانتخاب Selection accuracy: نفرض ان الانتخاب سيعتمد على الاداء المظهري لانتاج الحليب. وان المكافئ الوراثي 0.25. و الانحراف المعياري المظهري 10 كغم ، والانحراف المعياري الوراثي $5 \text{ kg} = \sqrt{0.25} \times 10$ ، اذن دقة الانتخاب بالاعتماد على الاداء المظهري =

$$\sqrt{h^2} = \sqrt{0.25} = 0.5$$

Assume selection is based on own performance of milk yield

Heritability (h^2) of milk yield = 0.25

Phenotypic standard deviation = 10 kg

Genetic standard deviation (σ_A) = $\sigma(0.25) \times 10 = 5 \text{ kg}$

Accuracy of selection (rTI) based on own performance = $\sqrt{h^2}$ = $\sqrt{0.25}$ = 0.5

لذلك ستكون الاستجابة المتوقعة للانتخاب 2.0478 كغم حليب بالسنة وحسب المعادلة
Response =
{ im x accuracy of EBVm + if x accuracy of EBVf} x Genetic St.
Dev.}

L

Where: Accuracy of selection (accuracy of EBV) = rTI

Genetic Standard Deviation = σ_A

The generation interval = L

= $\{ \{ 2.1 \times 0.5 + 0.644 \times 0.5 \} \times 10 \} / (2.5 + 4.2)$

= $\{ (1.05 + 0.322) \times 10 \} / 6.7$

= $\{ 1.372 \times 10 \} / 6.7$

= 13.72 / 6.7

= 2.0478

R / year = 2.0478 kg increase in milk yield predicted per year.

لذلك فان مكونات استجابة الانتخاب هي: التباين الوراثي / الجيني وتمثلها قيمة المكافئ الوراثي h^2 ، شدة الانتخاب، الدقة (فضلا عن مدى الجيل ومعدل الاستبدال). ترتبط الاستجابة للانتخاب في السنه ارتباطاً إيجابياً بشدة الانتخاب ومعدل الاستبدال replacement rate . هذا يعني أن شدة الانتخاب العالية أو معدل الاستبدال سيزيد من الاستجابة للانتخاب. من ناحية أخرى ، يرتبط مدى الجيل سلباً بالاستجابة للانتخاب في السنة ، كلما زاد مدى الجيل ، انخفض الاستجابة السنوية. ويعرف مدى الجيل L_x بأنه متوسط عمر الآباء عند ميلاد الأبناء / النسل. قد تكون الكفاءة التناسلية منخفضة مما يسبب نقص في اعداد الافراد المتاحة للانتخاب وانخفاض شدة الانتخاب و الفارق الانتخابي لذلك ضرورة تحسين الكفاءة التناسلية وزيادة اعداد القطيع من خلال زيادة عدد المواليد من خلال الاهتمام بإنتاج مواليد تؤميه حيوية وتوفير متطلبات التربية المناسبة لتقليل نسبة الهلاك لزيادة العائد الوراثي .

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الثامن.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 8.

How can breeders genetically improve animal populations?

Two things to be considered and focus... **What is the best animal?** The best animal is the one that gives the most milk; the one with the best feet, legs and udder support. **How do breeders breed animals so that their descendants will be, if not “best”, at least better than parental animals?** These questions involves genetic principles and animal breeding technology.

Selection is used to make long-term genetic change in animals. It is the process that determines which individuals become parents, how many offspring they may produce, and how long they remain in the breeding population. **Natural selection** is the great evolutionary force that fuels genetic change in all living organisms. All animals with lethal genetic defects, for example, are naturally selected against- they never live to become parents. The kind of selection of primary interest in animal breeding is **artificial selection**. The idea behind selection is simply this: to let individuals with the best sets of genes reproduce so that the next generation has, on average, more desirable genes than the current generation of animals. The animals with the best sets of genes are said to have the best **breeding values**. Need 2 tools: Selection and Mating

Genetics: branch of biology dealing with heredity and variation in plant and animal species. **Heredity:** transmission of traits from parent to offspring. **Animal Breeding:** Discipline in animal science that utilizes the principles of molecular, quantitative, and

population genetics as well as statistics for improving production efficiency farm animals, including:

- litter size
- Weaning weight
- Milk production
- Age at puberty
- Carcass cutability
- Egg production
- Feed efficiency

Heritability (h^2): Measure of the strength of the relationship between breeding values and phenotypic values for a trait in a population.

- Degree to which quantitative traits are transmitted from parents to offspring.

Qualitative Traits:

- A categorical trait
- Can not be measured – Ex: color, horned/polled

Quantitative:

- Can be measured,
- Traits shows continuous expression (numerical)
- Ex: birth weight, average daily gain, feed efficiency, rib eye area

Predicting Response to Selection: One way to use the heritability is to determine how a population will respond to selection. Typically parents with the phenotypic value of interest are selected from a base population.

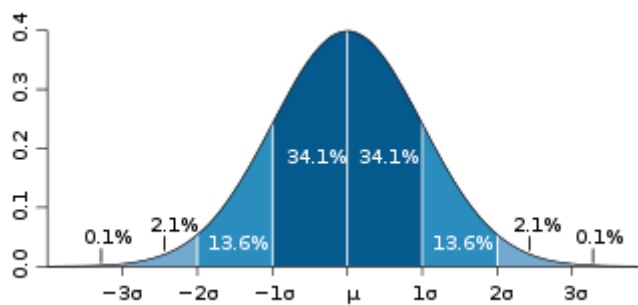
Examples to show the relations among selection response, selection intensity, genetic and phenotypic standard deviations

Consider a population of ewes with an average production of 180 kg of milk per season and a phenotypic standard deviation of 40 kg.

- a) Construct a normal distribution curve that fits these data.
- b) What is the percentage of ewes producing more than 220 kg? (*Please check table of selection intensity*).

- c) Suppose that all ewes producing less than 140 kg are culled.
 (i) What percentage of the ewes is kept for breeding?
 (ii) What will the selection intensity be in this case?
 (iii) How much will the mean of the breeding group exceed the population mean?
 Solutions:

a)



60 100 140 180 220 260 300 Kg milk

- b) The area under the curve of more than 1 standard deviation is 15.9 % = percentage of ewes producing more than 220 kg (50% – 34.1% = 15.9%)

- c) intensity of selection (a) = Percentage of the ewes producing more than 140 kg kept for breeding is 50% + 34.1% = 84.1%

- (b) The selection intensity in this case = 0.29

- (c) The mean of the breeding group exceed the population mean by the (S): selection differential (S) =

Selection intensity x phenotypic standard deviation =

$$S = i \times \sigma_x = 0.29 \times 40 = 11.6 \text{ kg}$$

The mean for the selected animals exceeds the population mean with 11.6 kg.

Then the mean for the selected animals (μ_s) = $11.6 + 180 = 191.6$ kg.

Example:

You have a population with 10 000 cows. Average production for the best 2 000 cows is 5 500 kg. The phenotypic standard deviation for milk yield is 1 000 kg.

a) What is the average milk yield for the whole population?

($i = 1.4$ for the 2000 best cows in the 10000 pop. = 20 %)

b) What is the average milk yield for the 4 000 best cows?

($i = 0.966$).

a) Selection differential (S) =

Selection intensity of the best 2000 cows x phenotypic standard deviation =

$$S = i \times \sigma_x$$

$$S = i \times \sigma_x = 1.4 \times 1000 = 1400$$

The mean for the selected cows (μ_s) =

$$\mu_s = \mu + S$$

$$5500 = \mu + 1400 =$$

Therefore the average milk yield for the whole population is

$$5500 - 1400 = 4100 \text{ kg.}$$

b) The Selection intensity of the best 4 000 cows is 0.966

(40% $\rightarrow i = 0.966$)

$$S = i \times \sigma_x = 0.966 \times 1000 = 966 \text{ kg}$$

Average yield for the 4000 best cows =

$$\mu_s = 4100 + 966 = 5066 \text{ kg}$$

Example:

Cows are selected in a population of dairy cows on the basis of their own milk yield. The population mean is 5 500 kg fat corrected milk and 60% of the cows need to be selected. The phenotypic standard deviation is 500 kg and the heritability 0.25.

The average age of the cows when the next generation of breeding animals is born is 4.5 years.

a) What is the mean for the selected cows group? ($i = 0.644$)

b) What is the annual selection gain achieved by this selection?

$$\text{a-Selection differential} = S = i \times \sigma_p = 0.644 \times 500 = 322 \text{ kg}$$

$$\text{The mean for the selected group } (\mu_s) = \mu + S = 5500 + 322 = 5822 \text{ kg}$$

b) The annual selection gain (response) achieved by this selection

(Heritability x Selection differential) / Generation interval

$$= (0.25 \times 322) / 4.5 = 17.9 \text{ kg / year}$$

References

- 1-Falconer, D.S. 1990. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd Ed. Longman. Harlow.
- 2-Fogarty, N.M. 1994. Response to selection for lamb production in an intensive system. Wool Tech. Sheep Breed., 42:293-297.
- 3-Gama1, L.T. and N. Carolino. 2002. Demographic analysis of the Alentejana breed of cattle . 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Communication N° 23-08
- 4-Heather, I, Lawson, A. An Introduction to Quantitative Genetics. Advanced Genetics. Spring, 2018.
- 5-Jack C.M. Dekkers, John P Gibson, Piter Bijma and Johan A.M. van Arendonk. 2004. Design and Optimisation of Animal Breeding Programs.
- 6-Kawahara, T., Y. Gotoh, K. Hagiya, M. Suzuki and M. Sogabe. 2002. Influence of genetic selection differential and generation interval on actual genetic gain per year for milk production in Hokkaido Holsteins in Japan. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Communication N° 01-65.
- 7-Liesbeth van derWaaij, Ioan Huu. Animal Breeding And Husbandry. Textbook. Faculty of Veterinary Medicine, Timisoara , Kor Oldenbroek,

Center for Genetic Resources, Animal Genomics and Breeding Center, The Netherlands. Agroprint Publishing House, Timisoara, Romania, 2020.

8-Sanna, S. R. ; Carta, A. and Causu, S. 1998 . Comparison between on-farm and nucleus-flock estimated breeding value in Sarda dairy sheep .Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production . 12-16, Jan. Armidale, NSW Australia., 24 : 141-145 .

9-Van der Werf , J. 2000 . Livestock straight - breeding system structures for the sustainable intensification of extensive grazing systems . In: workshop on Developing Breeding Strategies for Lower Input Animal Production Environments . (Eds. S. Galoa, J. 9--Boyazoglu and K. Hammond) ICAR Tech. Series No. 3 . pp. 105 - 177 .

10-الراوي ، عبد الرزاق و شجاع ، طاهر عبد اللطيف و أسوفي ، منذر كوركيس و خطاب ، غازي خزل و محمد ، صالح مهدي . 2002 . أداء خراف العواسي المنتخبة من قطعان تجارية. مجلة إباء للأبحاث الزراعية . 12 (4) : 103 – 113 .

الفصل التاسع Chapter 9

الانتخاب Selection

الانتخاب هو احدى طرق التحسين الوراثي ، ويقصد به اختيار الافراد المتميزة وراثيا (او ربما مظهريا) في القطيع لتكون اباء الجيل القادم ، ولتعطي نسل انتاجه وكفائته الانتاجيه اكثر من الاباء. جدير بالذكر ان معظم الصفات الكمية \ الاقتصادية تتحكم بها العديد من العوامل الوراثية وتفاعلاتها ، والتي يصعب تحديد تركيبها الوراثي ، لذلك علماء التربية والتحسين حاولوا تقدير القيم الوراثية لعشرات السنين. ان التعرف على الحيوانات المتفوقة على أساس الأداء أو النمط الظاهري يمارس منذ زمن بعيد. اذ تم اتباع هذه الممارسة دون معرفة المبادئ الأساسية لعلم الوراثة. فقد أظهر مندل في عام 1866 أن "العوامل" (تسمى الآن الجينات) هي المسؤولة عن وراثة الصفات من الأبوين إلى النسل وان "قانون الوراثة" الذي اقترحه ، أعطى الأسس العلمية للوراثة. يتم تحديد الصفات المندلية بواسطة جين واحد وتم وصفها على أنها صفات نوعية ، والتي تتبع التوزيع المتقطع في المجتمع (Discontinuous distribution). وهي على العكس اذ تُظهر الفئة الأخرى من الصفات تبايناً تدريجياً (Gradual variation) ، Continuous pattern ، على سبيل المثال ، النمو ، وإنتاج الحليب ، وإنتاج البيض ، وما إلى ذلك. تم وصف هذه الصفات / الصفات على أنها صفات كمية. في وقت لاحق ، تم تفسير الوراثة والتباين في الصفات الكمية على أنها فعل متزامن للعديد من العوامل المندلية (تسمى الآن الجينات). تتبع الصفات الكمية لتأثير العديد من الجينات ولكل منها تأثيرات أليلية وإضافية صغيرة مع تأثير بيئي على النمط الظاهري. لذلك ، لتحديد أو اختيار الأفراد المتفوقين ، تم تطوير إجراءات مختلفة تستند إلى نظريات مبادئ الوراثة الكمية والاحصاء. تعتمد النماذج الإحصائية ونظرية الاختيار المستخدمة في تربية الحيوانات على النموذج الوراثي متناهي الصغر لعلم الوراثة الكمي . بالنسبة للصفات الكمية ، لا يمكن ملاحظة التركيب الجيني ، ولا يمكن قياسه إلا من خلال القيمة المظهرية. عليه تطورت تقنيات واساليب التقييم الوراثي للاقتراب من التقدير الدقيق والحقيقي للتركيب الوراثي ، وقد وصل تقدير القيم التربوية الى نحو 99% من القيمة الحقيقية لثيران التلقيح الاصطناعي والتي تقيم استنادا الى المئات من سجلات انتاج الابناء في برنامج اختبار النسل (Progeny test). لذلك تحسنت الاستجابة للانتخاب عبر الزمن من الاعتمادا على قيمة المظهر الخارجي للصفة الى تقدير القيم الوراثة والتربوية (Breeding values) والى تقديرات الجدارة الوراثة او ما يسمى

بتقدير افضل تنبؤ خطي غير منحاز Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) خلال القرن الماضي.

التقييم المظهري والوراثي

Phenotypic and Genetic Evaluation

القيمة المظهرية لاي فرد هي مجموع القيم الوراثية والخطأ الناجم من التأثيرات البيئية او غير الوراثية. منذ اول تدجينة لأكثر من 6000 سنة مضت ، أظهرت الحيوانات تنوعاً وراثياً كبيراً بين انواعها ، نتيجة الأثر التراكمي للطفرات الوراثية التي تؤثر على الصفات الإنتاجية والمظهرية. إن علم الوراثة الجزيئية شهد تقدماً كبيراً في السنوات الأخيرة ، وإن نطاق تطبيقها في الإنتاج الحيواني يوفر فرص افضل في الاختيار الأكفأ للأفراد والسلالات . إن من أكثر الطرق أستعمالاً في تحديد الاختلافات الوراثية ، هي عن طريق الصفات المظهرية والصفات الكيميائية الحيوية والمؤشرات الجزيئية لـ DNA منها مؤشر RAPD ، AFLP ، RFLP و Microsatellites التي تطورت في تحليلات التباين الوراثية. يعد التنوع البيولوجي ضرورياً لإدامة التغييرات للتطور والانتخاب الاصطناعي لتحسين الإنتاج والتكيف لمقاومة الامراض والعوامل البيئية القاسية ويمكن تعريف التنوع البيولوجي بأنه التعدد في أنواع الكائنات الحية وعددها والتباين بين هذه الأنواع وكذلك الاختلاف بين أفراد النوع الواحد. إن التباينات المسجلة على العديد من السلالات الحيوانية كبيرة جداً وخاصة من ناحية المظهر الخارجي الصفات الانتاجية والتناسلية وكفاءة التحويل الغذائي والاستجابة المناعية لمختلف الأمراض.

ان التعرف على الحيوانات المتفوقة على أساس الأداء أو النمط الظاهري يمارس منذ من بعيد. اذ تم اتباع هذه الممارسة دون معرفة المبادئ الأساسية لعلم الوراثة. أظهر مندل في عام 1866 أن "العوامل" (تسمى الآن الجينات) هي المسؤولة عن وراثة الصفات من الأبوين إلى النسل و ان "قانون الوراثة" الذي اقترحه ، أعطى الأسس العلمية للوراثة. يتم تحديد الصفات المنديلية بواسطة جين واحد وتم وصفها على أنها صفات نوعية ، والتي تتبع التوزيع المتقطع في المجتمع. وهي على العكس اذ تُظهر الفئة الأخرى من الصفات تبايناً تدريجياً (Continuous pattern) ، على سبيل المثال ، النمو ، وإنتاج الحليب ، وإنتاج البيض ، وما إلى ذلك. تم وصف هذه الصفات على أنها صفات كمية. في وقت لاحق ، تم تفسير الوراثة والتباين في الصفات الكمية على أنها فعل متزامن للعديد من العوامل المنديلية (تسمى الآن الجينات). تتبع الصفات الكمية لتأثير العديد من الجينات ولكل منها تأثيرات أليلية وإضافية صغيرة مع تأثير بيئي على النمط الظاهري. لذلك ، لتحديد أو اختيار الأفراد المتفوقين ، تم تطوير إجراءات مختلفة

تستند إلى نظريات مبادئ الوراثة الكمية والإحصاء. تعتمد النماذج الإحصائية ونظرية الانتخاب المستخدمة في تربية الحيوانات على النموذج الوراثي متناهي الصغر لعلم الوراثة الكمي. بالنسبة للصفات الكمية ، لا يمكن ملاحظة التركيب الوراثي ، ولا يمكن قياسه إلا من خلال القيمة المظهرية. كان تقدير القيم التربوية المتوقعة Expected Breeding Value (EBV) المقدرة من النمط الظاهري فعالة في تنفيذ برنامج الانتخاب وتحقيق التحسين الوراثي عبر الأجيال. ولكن ، هناك الكثير من القيود التي يتم مواجهتها أيضًا. القدرة على تسجيل الأنماط المظهرية بدقة وفي الوقت المناسب على الافراد والأقارب. يعتبر تقدير المكافئ الوراثي (Heritability) للصفة أمرًا حاسمًا في تحديد طريقة الانتخاب التي يجب ممارستها. في الانتخاب على المدى الطويل ، يستمر التباين الوراثي الإضافي (Additive genetic variation) في الانخفاض على مر الأجيال مما يؤدي إلى تقليل تقدير المكافئ الوراثي ، وبالتالي انخفاض التحسين الوراثي في كل جيل. هذا يستلزم الحاجة إلى تطوير أداة لتقييم التباين الوراثي بشكل أكثر دقة ، مما يساعد في التقييم الدقيق للقيم التربوية للفرد. يمكن استخدام الوراثة الجزيئية الحديثة molecular tools بشكل فعال لتقييم الاختلافات على المستوى الوراثي وتقدير قيم التربية للفرد.

تقنيات الانتخاب التقليدي Traditional Selection Techniques

الانتخاب لصفة واحدة Single-Trait Selection

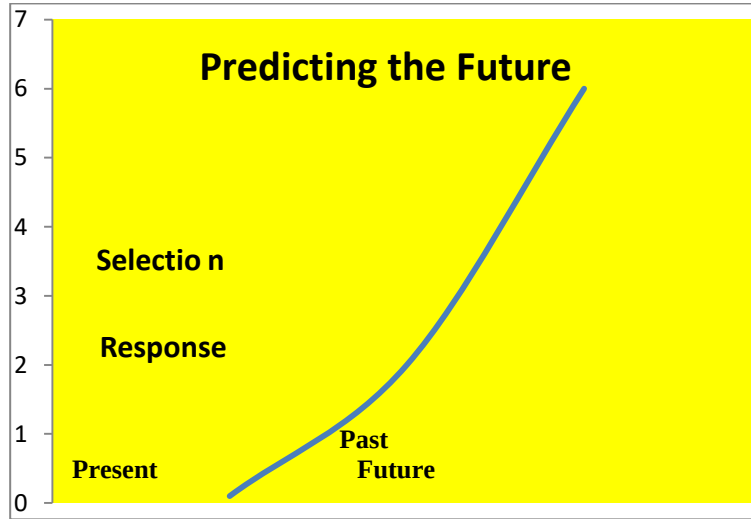
الانتخاب هو عملية السماح للأفراد الذين لديهم أفضل مجموعه من الجينات بالتزاوج والتكاثر بحيث يكون للجيل القادم جينات مرغوبة أكثر من جيل الآباء. الحيوانات التي لديها أفضل مجموعه من الجينات هي تلك التي لديها أفضل قيم التربية (Breeding values). الحيوانات التي ستساهم بأفضل الجينات للجيل القادم فإنها ستساهم في تحسين الأجيال القادمة وراثيًا عن طريق زيادة نسبة الجينات المرغوبة بمرور الوقت. ان أبسط أشكال الانتخاب هو الانتخاب المعتمد على المظهر الخارجي (Phenotypic selection)، اذ إن أداء الفرد (Performance) هو المعلومات الوحيدة المستخدمة في اتخاذ قرارات الانتخاب ، اذ لا يتم الاهتمام بنمطه الوراثي ولا إلى نسب الحيوان (الأجداد) أو أداء إخوته (الإخوة والأخوات) أو أي من ذريته. على سبيل المثال ، إذا كان المربون يستخدمون انتخاب النمط الظاهري لوزن الفطام لتحديد ما إذا كان سيتم الاحتفاظ بحمل ذكر معين للتكاثر ، فإنهم سيبنون قرارهم بشكل صارم على وزن الفطام. و توجد علاقة ضعيفة بين النمط الظاهري والقيمة التربوية وهي قضية مهمة

للغاية ، اذ تنعكس هذه العلاقة من خلال المكافئ الوراثي اوقابلية التوريث Heritability (نسبة التباين الوراثي او الجيني إلى التباين الظاهري). عندما تكون قابلية التوريث في الصفة عالية ، فإن الأنماط الظاهرية هي مؤشرات جيدة بشكل عام للقيم التربوية ، وسيكون انتخاب النمط الظاهري (اعتمادا على المظهر الخارجي للصفة (Phenotype)) فعالاً في تغيير مستوى الصفة. في حين عندما يكون المكافئ الوراثي منخفضة ، فإن النمط الظاهري غير فعال. يتضمن تقدير المكافئ الوراثي تقنيات إحصائية لتقدير مدى تشابه الأقارب مع بعضهم البعض في الصفة محل الاهتمام ، مقارنةً بالحيوانات غير ذات الصلة. من غير المحتمل أن يقتصر معظم مربّي الحيوانات على معلومات أداء الفرد فقط عند اتخاذ قرارات الانتخاب. غالباً يستخدمون معلومات عن الأقارب أيضاً. فمثلاً مربو الكباش يقيمون الكباش لاستخدامها في التلقيح الاصطناعي ، إلى أبعد من أداء الكباش في معدل النمو وذلك يتحرون عن أداء الأقارب عن نمو ذرياتهم. تقاس قوة العلاقة بين القيم التربوية الحقيقية true breeding value والتنبؤ بها its prediction بالدقة accuracy (معامل الارتباط بين القيمة التربوية وقيمة النمط الظاهري

The strength of the relationship between the true breeding value and its prediction is measured by the accuracy (correlation coefficient between breeding value and phenotypic value).

عندما تكون الدقة عالية ، تكون التنبؤات بالقيم التربوية جيدة بشكل طبيعي وستعكس عن كثر الاختلافات في القيم التربوية الحقيقية للحيوانات التي يتم تقييمها. وإذا كانت تنبؤات القيم التربوية دقيقة ، يمكن للمربين الحصول على استجابة جيدة عند الانتخاب. الصفات المذكورة حتى الآن مثل وزن الفطام في الأغنام ، والخصوبة ، والتكوين الجسمي Conformation ، وإنتاج الحليب كلها صفات كمية متعددة الجينات (تؤثر العديد من الجينات على النمط المظهري / الصفات (Phenotype, or Traits)). يرجع الاختلاف الوراثي (Genetic variation) في هذه الصفات إلى انعزال العديد من المواقع الوراثية / الجينية. وطالما لم يتمكن المربون من تحديد جينات معينة ، يتعين على المربين الاعتماد على الأداء المظهري والتنبؤ بالقيمة التربوية (من خلال التقنيات الإحصائية) لتوصيف التركيب الوراثي (Genotypes) للحيوانات. هناك أسباب وجيهة للاعتقاد بأن هناك عدد قليل / محدود من الجينات ذات حجم تأثيرات كبيرة على صفة كمية / صفة ، وصولاً إلى عدد كبير من الجينات لها تأثيرات صغيرة جداً. قد تجعل التطورات في علم الأحياء الجزيئي (Molecular biology) الآن من الممكن تحديد عدد من الجينات التي تؤثر على الصفات الكمية. ومع ذلك ، فإن بعض الصفات

الأخرى (مثل فصائل الدم وصفة وجود أو عدم وجود القرون) تتأثر بجين واحد أو بضع جينات). كذلك من خلال تطبيق البيوتكنولوجيا الحديثة ، منها تقنيات الوراثة الجزيئية ورسم الخرائط الجينية المؤثره للعديد من الصفات الكمية (Quantitative Traits Loci) (QTL) ، و الوصفات Marker Assisted Selection (MAS) ويتم ذلك بتحليل DNA واستخدامها خلال القرن الحالي (الحادي والعشرون) كما موضح في الرسم البياني (شكل 9 - 1) ، اذ يتوقع ان تكون الاستجابة للانتخاب على وتيرة اسرع مما كانت عليه خلال القرن الماضي وبحيث تشمل تحسين انتاج وإنتاجية الحيوانات وكفاءة التحويل الغذائي وزيادة قدرة الحيوانات على مقاومة المرض وزيادة القدرة على التأقلم للظروف البيئية.



الشكل 9 - 1 . الاستجابة المستقبلية للانتخاب

والانتخاب الاصطناعي يشمل:

- الانتخاب الفردي أو الكتلي (Individual or mass selectio): وفي هذا النوع يتم الانتخاب للأفراد أو المجموعة مظهريا لصفة معينة كأن تكون وزن عند الفكam وهو أبسط انواع الانتخاب وهو مفيد اذا كانت الصفة ذات مكافيء وراثي مرتفع ، اما اذا كان المكافيء الوراثي منخفض فان المظهر الخارجي لا يعكس قابلية توريث الصفة .

- الانتخاب حسب النسل (Progeny test): وفيه يتم انتخاب الثيران اعتمادا على انتاجية نسله او بناته من الحليب. ويعد هذا النوع من اهم انواع الانتخاب ، اذ تكون دقة التقييم عالية جدا قد تصل الى 99%.

- الانتخاب حسب النسب (Pedigree): وهنا يتم انتخاب الافراد اعتمادا على اداء الالباء او الاقارب

وتقليديا هناك 3 طرق لانتخاب الحيوانات لاكثر من صفة:

مستوى الاستبعاد المستقل (Independent culling selection): ويستعمل في حالة شمول اكثر من صفة في الانتخاب وهنا نحدد مستويات الصفات التي نرغب بتحسينها.

الانتخاب المرحلي (Tandem selection): ويطبق في حالة الرغبة في تحسين اكثر من صفة وهنا يتم الانتخاب لاحد هذه الصفات وبعد الوصول الى مستوى مقبول من الاداء تترك ونتحول الى الصفة الاخرى لتحسينها وهكذا ، ولكنه يحتاج الى وقت طويل.

الانتخاب لاكثر من صفة \ انتخاب الصفات المتعددة

Selection: Multiple Trait

إن انتخاب صفة واحدة يوفر إطارًا بسيطًا يمكن من خلاله تعلم مبادئ تربية الحيوانات. ومع ذلك ، في تربية الحيوانات العملية ، يكون انتخاب صفة واحدة محدودًا. يهتم المربون عادةً بتحسين عدد من الصفات. اذ يختار العديد من المزارعين الصفات المتعلقة بإنتاج الحليب والتكاثر. قد يؤثر انتخاب صفة محددة على عدة صفات أخرى.

يُطلق على التعبير الجيني في صفة ناتجة عن الانتخاب على صفة أخرى الاستجابة المترابطة للانتخاب (Correlated response) من المحتمل أن تكون الاستجابة المترابطة للانتخاب ناتجة عن عدد من الآليات الجينية وتؤدي إلى ما يسمى الارتباط الجيني بين الصفات (Genetic correlation between traits). يمكن أن تكون الارتباطات الجينية بين الصفات والاستجابة المترابطة بالانتخاب الناتج عنها مفيدة. ومع ذلك ، إذا كان المربون غير مدركين أو اختاروا تجاهل الارتباطات الجينية غير المواتية (السلبية) ، فإن انتخاب صفة واحدة يمكن أن يؤدي إلى استجابة غير مرغوب فيها في الآخرين. في الأغنام ، على سبيل المثال ، يؤدي انتخاب معدل النمو إلى زيادة أوزان المواليد وزيادة عسر الولادة Dystocia . إذا كان المربون يريدون نموًا أسرع ، لكن لا يمكنهم تحمل زيادة عسر الولادة. لذلك ، يحتاج المربون إلى طريقة لانتخاب معدل النمو بحيث لا تؤثر سلبًا على عسر الولادة.

هناك 3 طرق رئيسة للانتخاب لاكثر من صفة في نفس الوقت (شكل 9.2):

الجدارة الوراثية للصفات الاقتصادية باستخدام BLUP
 يمكن استخدام الجدارة الوراثية للصفات الاقتصادية باستخدام BLUP وهو أفضل تنبؤ خطي غير متحيز (BLUP) مع نماذج مختلفة للتنبؤ بالقيم التربوية (Breeding values) للأفراد. خصائص BLUP هي كما يلي:
 الأفضل Best: تعظيم الارتباط بين القيمة التربوية الحقيقية والقيمة التربوية المتوقعة.
 الخطي Linear: القيمة التربوية المتوقعة هي دالة خطية للملاحظات.
 غير متحيزة Unbiased: تقديرات التأثيرات الثابتة fixed effects غير متحيزة والقيمة التربوية الحقيقية غير المعروفة موزعة حول القيمة التربوية المتوقعة.

التنبؤ Prediction : يتنبأ بالقيمة التربوية الحقيقية.
 يستخدم BLUP عموماً للتنبؤ بالقيمة التربوية للاباء اعتماداً على اداء الابناء ، أو للتنبؤ بالقيمة التربوية للحيوانات ذات السجلات المتكررة ، أو للتنبؤ بالقيمة التربوية لجميع الحيوانات في النسب.
الانتخاب الترادفي Tandem selection هو طريقة انتخاب اصطناعي يتم فيها اختيار الصفات المفيدة بالتتابع Sequentially . على سبيل المثال ، يمكن للمربي الي يرغب بزيادة انتاج الحليب والدهن. أن يختار كلاً من صفة إنتاج الحليب ومحتوى دهن الحليب في الأبقار من خلال الاختيار الترادفي عن طريق اختيار أولاً تلك التي تتمتع بأفضل صفة واحدة ، والتي تنتج أعلى إنتاج من الحليب ، ثم عندما تكون هذه الصفة عند مستوى مرضٍ (Satisfactory level)، يبدأ في اختيار الأبقار التي تنتج حليباً يحتوي على أكبر محتوى من الدهن في الحليب. وقد يحدث ميل لخفض الصفة الاولى عند اختيار الصفة التالية وخاصة إذا كان الارتباط الوراثي بين الصفتين سالب.

انتخاب الاقتطاع Truncation selection او (Independent culling levels)

يعد اختيار الاقتطاع طريقة قياسية في التربية في اختيار الحيوانات المراد تربيتها لانتاج الجيل القادم. يتم تصنيف / تسلسل الحيوانات حسب قيمتها المظهرية Animals are ranked على بعض الصفات مثل إنتاج الحليب ونسبة الدهن، ويتم إنتخاب اعلى إنتاج للحليب واعى نسبة دهن (قمة تسلسل للحيوانات). تعتبر طريقة سهلة وفعالة للتربية ، في ظل اختيار الاقتطاع (فقط الحيوانات فوق العتبة المحددة من قبل المربي يتركون نسلًا) ، تكون شدة الانتخاب دالة لنسبة الحيوانات المنتخبة ، التي يتم اختيارها كأباء للجيل القادم.

الدليل الانتخابي Index Selection : هو طريقة للاختيار الاصطناعي يتم فيها اختيار العديد من الصفات المفيدة في وقت واحد. يتم أولاً تحديد وزن لكل صفة حسب أهمية الصفة. على سبيل المثال ، إذا كنت تختار لكل من انتاج الحليب ووزن الفطام ، إذا كان انتاج الحليب هو الأهم من بين الاثنين ، فسيحدد ذلك ترجيحاً أعلى. على سبيل المثال ، يمكن أن يكون انتاج الحليب عشرة ويمكن أن يكون وزن الفطام واحداً. ثم يتم ضرب قيمة الترجيح هذه بالقيمة المظهرية في كل حيوان على حدة ، ثم يتم جمع درجة كل خاصية من الخصائص لكل فرد. هذه النتيجة هي درجة الدليل ويمكن استخدامها لمقارنة قيمة كل كائن حي يتم اختياره. لذلك ، يتم اختيار فقط أولئك الحاصلين على أعلى درجة في المؤشر للتربية عن طريق الانتخاب الاصطناعي. تتمتع هذه الطريقة بمزايا مقارنة بالطرق الأخرى للانتخاب الاصطناعي ، مثل الاختيار الترادفي ، إذ يمكنك تحديد الصفات في وقت واحد بدلاً من تحديدها بالتسلسل. وبالتالي ، لا يتم استبعاد أي صفة مفيدة من الاختيار في أي وقت ، وبالتالي لن يتراجع أي منها أو ينعكس أثناء التركيز على تحسين خاصية أخرى للكائن الحي. في تقنية الدليل الانتخابي يستتيط المربي مؤشر (صفة جديدة) واحدة تسمى "index" ، وهي دالة لعدة صفات التي تخضع للانتخاب. اختيار المؤشر هو في الأساس طريقة لقياس جميع الصفات الفردية بناءً على أهميتها الاقتصادية وفرصة التحسين. يعتبر استنباط المؤشر من الناحية النظرية الطريقة الأكثر فعالية لتحسين الأداء ، بالنظر إلى مفهوم القيمة التربوية الإجمالية (Aggregate genetic value) وهذه القيمة الإجمالية للنمط الجيني هي أدائه بناءً على صفات متعددة. تُعطى هذه القيمة التربوية الإجمالية (H) تستنبط على النحو التالي:

$$H = \sum a_i G_i$$

اذ ان a_i تمثل القيمة الاقتصادية (Economic value) للصفة i ، و G_i تمثل القيمة التربوية للصفة i (Breeding value).

النموذج المختلط A mixed model : نموذج التأثيرات المختلطة أو نموذج مكونات الخطأ المختلط هو نموذج إحصائي يحتوي على كل من التأثيرات الثابتة والتأثيرات العشوائية. هذه النماذج مفيدة في علم تربية وتحسين الحيوان. وهي مفيدة بشكل خاص في الإعدادات التي يتم فيها إجراء قياسات متكررة على نفس الحيوان ، كذلك التعامل مع القيم المفقودة ، غالباً ما تُفضل نماذج التأثيرات المختلطة على الأساليب التقليدية تحليل التباين.

النموذج المختلط لتحليل بيانات تقييم الحيوانات **Animal model**: ان تقنية النموذج المختلط لتحليل بيانات تقييم الحيوانات وراثيا (BLUP-Animal model) هي تقنية لاجراء التقييم الوراثي للحيوانات اذ تتطلب تقدير دقيق للمتغيرات الوراثية العشوائية والمتغيرات البيئية الثابتة. أفضل تنبؤ خطي غير متحيز هو أحد الأساليب الحالية المختارة للتقييم الوراثي للصفات الكمية. تتمثل المزايا الرئيسية للنموذج الحيواني (BLUP-AM) في المستوى العالي من الدقة في تقييم القيم التربوية وتعدد استخداماته عند مقارنتها بما يسمى بالدليل الانتخابي الكلاسيكي Selection Index ، والذي يتضمن بيانات القيم المظهرية لبعض الأقارب وتنتج تقديرات أقل دقة للتأثيرات البيئية الثابتة. تعتمد دقة انتخاب الحيوانات بشكل كبير على التقنية الإحصائية في النماذج الإحصائية المختلطة التي استنبطها هندرسون والمستخدم لتقدير القيمة التربوية Henderson's mixed model . لذلك يوصى عمومًا بالانتخاب على أفضل تنبؤ خطي غير متحيز (BLUP) للقيم التربوية التي تم الحصول عليها بواسطة منهجية نموذج هندرسون المختلط لتحسين الثروة الحيوانية حيث تم تحسين الارتباط بين قيم التربوية المتوقعة والحقيقية. لتقييم الكباش والنعاج (كمتغير عشوائي) لمختلف صفات الأداء ، يمكن تطبيق إجراء أفضل التنبؤ الخطي غير المتحيز (BLUP) الذي وصفه هندرسون (1984) لضبط وتصحيح أو تعديل التأثيرات الثابتة والتي تشمل: تأثيرات القطيع ، السنة ، عمر النعجة ، نوع الجنس من المولود وشهر الولاده وتسلسل الولاده. كما يمكن أن تشمل المتغيرات التابعة (Fixed effects) عوامل / متغيرات معتمدة (Dependent variables) مثل وزن الحملان عند الفطام ، ومعدل الزيادة في الوزن وذلك لازالة هذه التأثيرات من قيم الصفات المظهرية (ان تعديل العوامل الثابتة يعني نظريا جعل الحيوانات كأنها تعيش تحت ظروف بيئية متشابهة / او واحدة ، وان اي تباين في الصفة يعود لفعل العوامل الوراثية). ميزة إضافية هي أنه يمكن تحديد الاستجابة للانتخاب دون استخدام مجموعة التحكم / السيطرة (Control population).

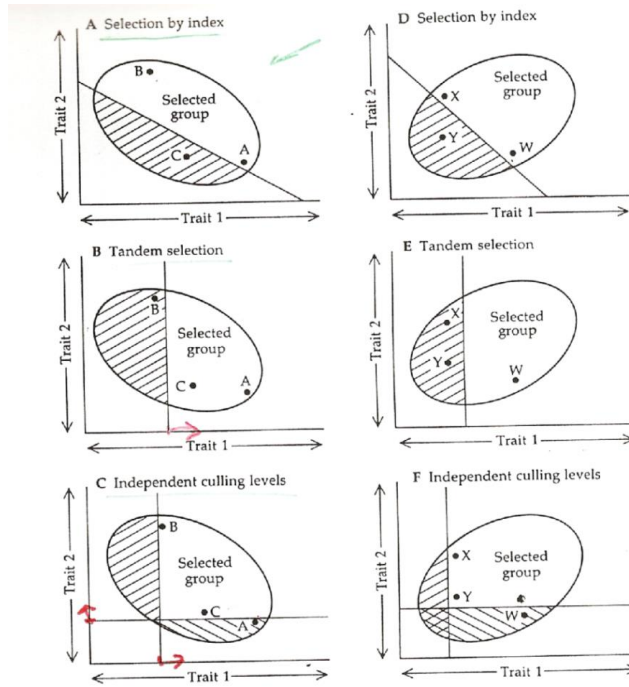


Figure 14-4 Plots of joint occurrences of traits 1 and 2. (A and D) Selection by index considers records of all traits depending on economic values, heritabilities, correlations and variances. (B and E) Tandem selection considers record of only one trait at a time no matter how good other traits are. (C and F) Selection by independent culling levels considers records of each trait independently so that a poor record on any trait will lead to culling.

شكل 9-2. مخطط توضيحي لانتخاب اكثر من صفة.

يلاحظ من الشكل 9 – 2 (A ، B ، C) بان الصفتين 1 و 2 ترتبطان وراثيا بشكل سالب.

في حين يلاحظ في الشكل 9 – 2 (D ، E ، F) ترتبط الصفتين وراثيا بشكل موجب. جدير بالذكر ان الانتخاب بتقنية الدليل الانتخابي تعتمد على القيم الاقتصادية و المكافيء الوراثي و الارتباط الوراثي و التباين. يلاحظ التباين في تحديد الحيوانات التي سوف تنتخب باختلاف طريقة الانتخاب. فمثلا تنتخب الحيوانات A و B بسبب تفوقهما لكلا الصفتين (9 – 2 ، A). في حين تنتخب الحيوانات A و C بسبب تفوقهما في الصفة الاولى في تقنية الانتخاب الترادفي ، في حين يتم عزل الحيوان B كون قيمة صفته الاولى قليلة على الرغم من تفوقه في الصفة الثانية (الشكل 9 – 2 ، B). اما في حالة

تقنية انتخاب الاقتران (مستويات العزل المستقلة) فتنتخب الحيوانات B ، C لانهما فوق العتبة المحددة لكلا الصفتين. في حين يتم عزل الحيوان A لانه دون مستوى الصفة الثانية على الرغم من تفوقه بالصفة الاولى ((الشكل 9 - 2 ، C). وبالمثل فان الشكل 9 - 2 ، E) يشير الى انتخاب الحيوان W (حسب طريقة الانتخاب الترادفي او بالتتابع) ، الذي يتمتع بتفوق للصفة الاولى و رديء للصفة الثانية. فعند انتخابه سيحدد من اعطاء فرصه للحيوانات X ، Y المتميزه نسبيا في الصفة الثانية للتكاثر بسبب عدم انتخابها. كذلك الحال بالنسبة للحيوانات X ، Y التي ستنتخب حسب طريقة انتخاب الاقتران (الشكل 9 - 2 ، F) ، وهي متميزة للصفة الثانية مما سيتم عزل الحيوان W المتميز في الصفة الاولى.

لقد تم تغيير برنامج الانتخاب والتربية في الدواجن حسب تقدم المعرفة العلمية واحتياجات السوق. في الأربعينيات من القرن الماضي ، تم تطوير خطوط متخصصة من الالباء والامهات Specialized sire and dam lines من خلال برنامج اختيار فريد يعتمد على مجموعة مختلفة من الصفات لكل من خطوط الالباء والامهات. اذ تم اختيار سلالات الالمهات لأدائها التناسلي ، على سبيل المثال ، إنتاج البيض ، حجم البيض ، وزن البيضة ، جودة القشرة ، العمر عند النضج الجنسي ، قابلية الفقس إلى جانب النمو. في حين يتم اختيار خطوط الالباء بشكل أساسي لتحسين معدل النمو والتكوين الجسمي (Body confirmation) ونسبة تحويل الغذائي وجودة الذبيحة والخصوبة. لذلك ، مع إشراك هذه الخطوط المتخصصة في تطوير صناعة دجاج اللحم التجاري وازدهرت بسبب خفض تكلفة الإنتاج. يؤدي تزاوج هذه الخطوط النقية المتنوعة وراثيًا Genetically Diverse Lines إلى إعادة التركيب الوراثي مما ينتج عنه هجن ذات صفات اقتصادية مهمه بسبب قوة الهجين A Heterotic Effect. لذلك ، فإن الانتخاب المكثف داخل الخطوط النقية وتزاوج تلك الخطوط المتنوعة وراثيا هو أكثر الصفات المميزة في برنامج تربية دجاج التسمين. أثناء ممارسة الانتخاب داخل الخطوط او العوائل ، يتم الحرص على تقليل معامل القرابة. وعادة يكون الانتخاب معتمدا على النمط الوراثي الاجمالي An Aggregate Genotype والي يبحث عدد من الصفات التي تخضع للتحسين الوراثي ويعطي كل صفة قيمة اقتصادية ، وبهذه الطريقة ، يتم إجراء تجميع مرجح للصفات (جينات تراكمية مجمعة لأكثر من صفة محددة). لذلك تبنت استراتيجيات التحسين الوراثي الحالية في الثروة الحيوانية على نطاق واسع ما يسمى بنظرية الدليل الانتخابي (Selection index theory) ، أو تقنية أفضل تنبؤ خطي غير متحيز (BLUP) للقيم التربوية ، وهي الأداة المستخدمة في تحديد أي من الذكور والإناث سيكون أباء للجيل القادم.

تطبيق البيوتكنولوجيا الحديثة ومنها تقنيات الوراثة الجزيئية

الوراثة الجزيئية Molecular genetics

إن الوراثة الجزيئية هي دراسة التركيب الوراثي للأفراد على مستوى المادة الوراثية (DNA) للكشف عن المواقع الجينية وأشكالها المتعددة ، إذ توفر الوراثة الجزيئية فرصة تحديد الجينات المؤثرة على الصفات ذات الإهتمام ومن ثم إجراء الانتخاب لتحسين القطعان اعتماداً على التراكيب الوراثية. إن التطور التكنولوجي للوراثة الجزيئية قد صنع إمكانيات جديدة لإختيار أحسن الجينات. هذا التطور للتكنولوجيا الحديثة يعتمد على DNA أو تحليل الجينات. من خلال علم الوراثة الجزيئية يمكن تقدير الاختلافات على مستوى DNA والذي يعطي أفاق جديدة لتحليل الجينات للحيوانات المزرعية بالإضافة الى دراسة التباينات الجينية بين السلالات والذي يساعد في تطوير برامج التربية والتحسين. حيث يمكن الاستفادة منها في التحليل الجزيئي للتباينات الوراثية ، التعرف على التركيب الوراثي للحيوان ، تحسين الصفات الإنتاجية و نقل الجينات المرغوبة و الانتخاب على أساس الجينات ، الانتخاب ضد بعض الأمراض . يستنتج بان علم الأحياء الجزيئي هو العلم الذي يهتم بالمعرفة لطبيعة الجزيئية للجينات ، وأدوارها في التحكم في وظيفة الكائنات الحية وتطورها ، ووراثتها. الهدف من علم الأحياء الجزيئي هو الحصول على فهم أفضل للبيولوجيا الأساسية وتطبيق تلك المعرفة على المشكلات العملية مثل الطب وتربية الحيوان. سيركز هذا الجزء على دور الجينات واستخدام التقنيات الجزيئية والوراثية في تربية الحيوانات. يمكن استخدام المعلومات الخاصة بالواسمات الوراثية المرتبطة بالجينات الفردية Genetic Markers Linked to Individual Genes في برامج الانتخاب لتحسين دقة الانتخاب (ما يسمى الواسمات Marker-assisted selection ، MAS). معظم الصفات الاقتصادية في الحيوانات ذات طبيعة متعددة الجينات (Polygenic) (مثل إنتاج الحليب والنمو). تاريخ البيولوجيا الجزيئية: تم عزل الحمض النووي لأول مرة في عام 1869 مادة مجهرية في صديد الضمادات الجراحية المهمة. في عام 1909. في أواخر شباط (فبراير) 1953 ، اكتشف واطسون وكريك Watson and Crick أن الحمض النووي DNA هو بنية شريطية / طفيفة مزدوجة / ثنائية (Double-helix structure) .. يخزن كل من خيوط الحمض النووي المزدوج الشريطة المعلومات البيولوجية.

تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) Polymerase Chain Reaction

تفاعل البلمرة المتسلسل هي تضاعف خارج جسم الكائن الحي لقطعة الحامض النووي بإستعمال البادئات Primers وبوجود انزيم Taq Polymerase و dNTPs وخلال ساعات قليلة تتحول قطعة مفردة من DNA الى ملايين النسخ . إكتشفت هذه التقنية في عام 1985. إن تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) هي تضاعف الجين (الموروث) . ويستخدم في تقدير التباين الوراثي حيث إن المؤشرات الوراثية يعطي المعلومات الضرورية على مستويات مختلفة منها ترتيب المجتمعات ومستوى الجينات المنسلة ووعلاقة الجين بالمظهر الخارجي والتاريخ الوراثي لصور الجينات . وتحليل الأبوة والنسل. إن الـ PCR يعتمد على مواقع متعددة للبصمة الوراثية DNA ويمثل واحة من المعلومات الكثيرة والذي يحسب التباين الوراثي. يستخدم تفاعل البلمرة المتسلسل PCR في مجال التشخيص في البكتريا المسؤولة عن مقاومة الأدوية وفي علم الأمراض عبر دراسة الجينات المسؤولة عن بعض الأمراض الوراثية . وفي مجال الصحة العامة في دراسة الجينات لتشخيص انواع الحيوانات وتمييزها عن باقي الحيوانات ، وكذلك في مجال الطب العدلي والجنائي وفي مجال علم الوراثة وذلك بدراسة الجينات المسؤولة عن الإنتاج أو التكاثر. تعتبر تقنية الـ PCR أكثر إنتشاراً ولاسيما في التشخيص الدقيق والسريع بل و تعتبر أقل تكلفة مقارنةً ببقية الفحوصات الأخرى . حيث تستخدم في تشخيص المسببات المرضية كالجراثيم والفايروسات والطفيليات والفطريات ، و في مدة قصيرة جداً بدلاً من إستخدام الطرق التقليدية المعتمدة على الصفات المظهرية والزراعية والمقاومة للمضادات الحياتية. في مجال علم الوراثة يستخدم تفاعل البلمرة المتسلسل PCR في تشخيص الاختلافات والطفرات الوراثية التي تحدث في الجينات.

الواسمات / المؤشرات / العلامات الجزيئية: Molecular Markers

العلامة هي جزء من جزيء الحمض النووي DNA يرتبط بصفه معينة من الكائن الحي. هناك أربعة أنواع من العلامات: النوع الأول هو علامة مورفولوجية ، في هذا النوع تنتخب الحيوانات بعد ان يتم تحديدها بناءً على المظهر ، على سبيل المثال اللون. العيب الرئيسي لهذه العلامة Marker هو عدم وجود تعدد الاشكال المظهرية او المظاهر الوراثية (الاليات) (Polymorphism).

النوع الثاني هو العلامات البيوكيميائية (Biochemical Markers) ، يتم انتخاب الحيوانات بناءً على الخصائص البيوكيميائية ، على سبيل المثال الهيموغلوبين ، الأميليز ، فصائل الدم وما إلى ذلك.

النوع الثالث هو العلامات الكروموسوماتية (Chromosomal Markers)، يتم انتخاب أو عزل الحيوانات بناءً على الاختلافات الهيكلية والعديدية (structural & Numerical variations ، على سبيل المثال الاختلافات الهيكلية (الحذف ، الاقحام Deletions, Insertions) والاختلافات العددية (زيادة أو نقصان كروموسوم الأحادي ، Trisomy, Monosomy) ، ان من عيوب هذا النوع من العلامات هو انخفاض تعدد أشكال الاليلات Polymorphism.

لا بد من الاشارة الى ان العلامات او الواسمات الجزيئية تنقسم ايضا إلى نوعين من العلامات: الأول محدد بموقع مفرد Single locus marker (Microsatellite و RFLP و STS) والثاني هو العلامة او المظاهر الوراثية الخاصة بعدد من المواقع الوراثية Multi-locus marker (مثل بصمات الحمض النووي DNA Fingerprinting و AFLP و RAPD). إن التطور السريع للوراثة الجزيئية الحديثة أعطى آفاقاً جديدة لتكنولوجيا البصمة الوراثية عن طريق الأحماض النووية . إن المؤشرات الوراثية أثبتت ملائمتها لمعرفة العلاقة الوراثية بين وداخل المجتمعات الحيوانية. إن المؤشرات الوراثية هي اداة مميزة تستخدم للإستدلال على وجود موقع معين Locus على الكروموسوم او المجين / الجينوم (Genome) وان معرفة هذا الموقع يساعد على دراسة توارث صفة معينة او جين معين فالجينات القريبة جداً من المؤشر تتوارث معه. إن من المؤشرات الوراثية المستخدمة في سلالات الحيوانات الزراعية هي المؤشرات المظهرية والبروتينية او الانزيمية والخلوية فضلاً عن مؤشرات DNA . ويختلف البصمة الوراثية تبعاً لنوع المؤشر الوراثي فمثلاً عند إستخدام البروتينات فإن البصمة الوراثية تعني نمط توزيع الحزم المفصولة بالترحيل على الهلام والنتيجة من تحليل المحتوى البروتيني للأفراد المدروسة ، اما عند إستخدام مؤشرات DNA فإن البصمة الوراثية تعني نمط توزيع الحزم المتباينة والنتيجة من تقطيع DNA المجيني للأفراد المدروسة. إن المؤشرات الوراثية هي اداة مهمة للتحري عن الارتباط والإختلافات الوراثية والمظهرية بين السلالات.

الواسمات / المؤشرات / العلامات الجزيئية والصفات الكمية

Molecular Markers and Quantitative Traits:

في الثلاثين عامًا الماضية ، تم تطوير العديد من خرائط الجينوم الوراثي للماشية (Genetic genome maps) ان إضافة معلومات الجينوم إلى معلومات النمط

الظاهرى ستؤدي الى زيادة و تسريع استجابة الانتخاب "للطرق التقليدية" التي تُعرف فيها بالانتخاب بمساعدة الواسمات أو Marker-Assisted Selection or MAS اذ من الممكن حاليًا دمج هذه المعلومات في أنظمة الانتخاب الحالية باستخدام BLUP ، أي إضافة معلومات الواسمات الجينية إلى أنظمة المعادلات الخاصة بالنموذج المختلط مهم جدا لمربي الحيوان. إن التقييم الوراثي المستند إلى قيم التربية اعتمادا على الجينوم Genome الكامل (GEBVs) أمر جذاب. كان أول تطبيق في تربية الحيوانات لتقييم الجينوم الكامل هو استخدام التعلم الآلي لتحديد مجموعة من النيوكليوتايد عبر الجينوم كواسمات للصفات الكمية. إن إدخال واستخدام التقنيات الجديدة بشكل مستمر سيؤدي الى تسريع التحسين الوراثي للصفات الكمية (مثل معدل النمو وإنتاجية الحليب) وإلى زيادة إنتاجية الحيوانات. يمكن للواسمات الجزيئية المحددة المسؤولة عن النمو المرتفع وإنتاجية الحليب تسريع التحسين الوراثي في المراحل المبكرة من الحياة ويمكن اعتبارها نهجًا دقيقًا لزيادة إنتاج اللحوم والحليب. يمكن أن يؤدي انتخاب كل من الذكور والإناث على أساس الواسمات الجزيئية إلى تحسين الصفات الاقتصادية لكل جيل. توجد اختلافات وراثية للصفات الاقتصادية الكمية بين قطعان الحيوانات. برنامج التحسين الوراثي القائم على تحديد أفضل الحيوانات سيحسن إنتاجية الحيوانات. يمكن أن يؤدي تحديد الجينات الرئيسية ومواقع الصفات الكمية (QTL) إلى تسريع (بدقة أكبر) التحسين الوراثي للصفات الاقتصادية. يوفر علم الوراثة الجزيئي تقنيات في القرن الحادي والعشرين لبرنامج تربية الحيوان. تسمح هذه التقنيات بتحديد وانتخاب سريع ودقيق على المستوى الوراثي للأفراد الذين يتمتعون بصفات أداء أفضل. يمكن أن يتم الانتخاب الوراثي في مرحلة مبكرة من الحياة من خلال علم الوراثة الجزيئي. ومن خلال السنوات العشر الماضية ، لعب استخدام الواسمات الجزيئية ، التي تكشف عن تعدد الأشكال على مستوى الحمض النووي ، دورًا متزايدًا في الدراسات الوراثية.

أهمية الواسمات الوراثية: يقوم علماء الوراثة بتحديد وإعادة إنتاج هؤلاء الأفراد الذين يتمتعون بأفضل الصفات. يؤدي هذا الانتخاب في النهاية إلى زيادة تواتر المتغيرات الوراثية التي تسبب تأثيرات مرغوبة على الصفات قيد الانتخاب. تعد بصمات الحمض النووي مفيدة في تقييم العلاقات الوراثية بين مجموعات الحيوانات وداخلها. داخل القطعان أو المجتمعات ، ترتبط مستويات المشاركة في النطاق لبصمات الحمض النووي بزواج الأقارب. تعتمد نظرية الانتخاب الوراثي على التنبؤ بتأثيرات مواقع الصفات الكمية (QTL) بالواسمات. ومع ذلك ، هناك أدلة متزايدة على أن الانتخاب الوراثي يعتمد أيضًا على "العلاقات" بين الأفراد للتنبؤ بدقة بالقيم الوراثية. لذلك ، فإن

الفهم الأفضل لما يتوقعه الانتخاب الوراثي فعلياً هو أمر مهم بحيث يتم استخدام طرق التحليل المناسبة في التقييمات الجينومية. النمو والتكاثر اللذان يخضعان لسيطرة جينات متعددة هما أهم خاصيتين اقتصادياً للإنتاج الحيواني. إن دمج التقنيات الناشئة وتحديد الجينات ذات الصلة والكشف عن الآليات الجزيئية التي تحكم نشاطها سيوفر فرصة لانتخاب أكثر كفاءة للنمو والأداء التناسلي في الأغنام. إن تحديد واستخدام الجينات المرشحة المحتملة لـ QTL مع تأثيرات كبيرة على الصفات المهمة اقتصادياً أصبحت ذات أهمية متزايدة في برامج تربية الحيوانات. علاوة على ذلك ، مع التقدم التدريجي لعلم الجينوميات الوراثية إلى جينات الأنظمة ، قد يكون مسار الإشارات المرشح وشبكات الجينات المرتبطة بالمصادر الغنية للتعليلات التوضيحية البيولوجية استراتيجية جذابة للبحث عن جينات مرشحة لمواقع الصفة الكمية (QTL).

الانتخاب بمساعدة الواسمات الجينية Marker-assisted Selection

العلامة أو الواسمة الجينية للصفات هي قطعة من الحمض النووي مرتبطة بالصفة ، وبالتالي تفصلها في نمط يمكن التنبؤ به. تسهل الواسمات الجينية "تمييز" الجينات الفردية أو أجزاء الكروموسوم الصغيرة التي تحتوي على عدة جينات التي تؤثر على السمة أو الصفة الكمية ذات الاهتمام. أدى توافر أعداد كبيرة من هذه الواسمات إلى تعزيز احتمالية اكتشاف الجينات الرئيسية التي تؤثر على الصفات الكمية. تتضمن الطريقة فحص الجينوم بحثاً عن الجينات التي لها تأثير كبير على السمات ذات الأهمية الاقتصادية من خلال إجراء يُعرف باسم تحليل الارتباط. تعتبر فرص الجينات الرئيسية الموجودة لمعظم سمات الاهتمام والعتور عليها مرتفعة تسمى عملية الانتخاب لسمة معينة باستخدام الواسمات الجينية بالانتخاب بمساعدة الواسمات (MAS). يمكن لـ MAS تسريع معدل التقدم الجيني عن طريق زيادة دقة الانتخاب وتقليل فترة مدى الجيل. إن أهم المؤشرات الوراثية (Genetic Markers) المستخدمة كمؤشرات هي:

Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP):

يعد المؤشر تبين أطوال قطع DNA المتضاعفة Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) حديثة نسبياً حيث استنبطت خلال عام 1995 وتعتمد على مضاعفة قطعة معينة من DNA المقيدة من خليط التفاعل الـ PCR وإظهار التباين بوجود أو غياب هذه القطع بالإضافة إلى التباين في أطوالها .

Simple Sequence Repeat (SSR) :

يعد مؤشر المقاطع البسيطة المتكررة Simple Sequence Repeat (SSR) من المؤشرات الجزيئية المنتشرة ، حيث تتكون من مقاطع صغيرة متكررة ، تسمى الوحدات المتكررة). وتتوزع بصورة مبعثرة على جميع الصبغيات سواء مناطق

مشفرة او غير مشفرة. وتستخدم في دراسة الصفات الوراثية في الحيوانات لتقدير التباين الوراثي بين السلالات وداخلها وبين الأقارب.

التعددات الشكلية الناجمة عن النيوكليوتيدات الصغيرة

Small Nucleotide Polymorphism(SNP)

التعددات الشكلية الناجمة عن النيوكليوتيدات الصغيرة

Small Nucleotide Polymorphism

من المؤشرات الحديثة طورت اساساً لإستخدامه على الإنسان وتعتمد هذه التقنية اساساً على المعلومات المسبقة من التسلسلات. تعتبر مؤشرات الدنا DNA Markers هي تتابعات على الدنا يمكن من خلالها الاستدلال على مواقع معينة على المجين (Genome) ، ولهذا المؤشر قدرة على كشف مئات المواقع Loci وبعد الأليلات لموقع واحد ولا تتأثر بالبيئة وتعطي نتائج سريعة وبكلفة قليلة وكميات محدودة من العينات. ولها القدرة على كشف اعداد كبيرة من التباينات وإيجاد الاختلافات الدقيقة بين الأفراد.

Inter Simple Sequence Repeat Minisatellites

إن من المؤشرات الوراثية هي (ISSR) التسلسل التكراري الداخلي البسيط Inter Simple Sequence Repeat Minisatellites وهو من المؤشرات العشوائية ويتم التضاعف بـ PCR بوجود بادئ واحد متمم الـ SSR . ويسمى Microsatellite دلالة على انه تتابعات قليلة جداً مقارنة مع انواع اخرى . كما اطلق على هذه التتابعات القصيرة الترادفية بالـ (STRs) إختصاراً لـ Short Tandem Repeats or Simple Sequence Repeats ، وجد من هذه المكررات ماهي احادية او ثنائية او ثلاثية او رباعية ومن اكثرها شيوعاً الثنائية (CA)_n اذ وجد منها عشرات الآلاف في الإنسان وبعض اللبائن ، من المحتمل ان نجد تبايناً عالياً في تسلسلات DNA . ويظهر هذا التباين في المجين (Genome) عندما يحصل فقدان في واحد من التكرارات الـ SSRs او عند حدوث حذف او غرس يعدل المسافة بين المتكررات .

التعددات الشكلية الناجمة عن النيوكليوتيدات الصغيرة

Small Nucleotide Polymorphism

يعد المؤشر (SNPs) التعددات الشكلية الناجمة عن النيوكليوتيدات الصغيرة Small Nucleotide Polymorphism من المؤشرات الحديثة طورت اساساً لإستخدامه على الإنسان وتعتمد هذه التقنية اساساً على المعلومات المسبقة من التسلسلات. تعتبر مؤشرات DNA Markers هي تتابعات على DNA يمكن من خلالها

الإستدلال على مواقع معينة على المجين ، ولهذا المؤشر قدرة على كشف مئات المواقع Loci وبعد الأليلات لموقع واحد ولا تتأثر بالبيئة وتعطي نتائج سريعة وبكلفة قليلة وكميات محدودة من العينات.

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD – PCR

التضاعف العشوائي لسلسلة DNA وتطبيقاتها Random Amplified

(Polymorphic DNA (RAPD – PCR):

إن المؤشر RAPD هي احد المؤشرات التي تعتمد على تقنية PCR يتم فيها مضاعفة المواقع على شريط DNA باستخدام بادئات عشوائية قصيرة تتكون من (10) قواعد نتروجينية اذ تجد لهذه البادئات مواقع مكملة لها على شريط DNA ويعتمد طول القطع وعدده الناتج على عدد مواقع الارتباط والبعد بين موقع ارتباط وآخر . إن تقنية التضاعف العشوائي لسلسلة DNA هي تقنية سهلة وسريعة وذات تكلفة منخفضة ، ويمكن استخدامها لدراسة المجتمعات ، ولا يحتاج المعرفة المسبقة بالجينوم تحت الدراسة. لهذا فإن تقنية تحليل RAPD وجد لها مستخدمين كثر في مختلف حقول الدراسة في مجال النباتات والحيوانات . ان التباينات في RAPD يقدر بوجود او غياب الحزمة وكثيراً ما تكون ناتجة من الحذف او الإضافة او الاختلافات في تسلسل النيوكليوتيدات في او بين مناطق البدء. إن عدد الحزم المتضاعفة الناتجة من تفاعل الـ RAPD يعتمد على تسلسل البادئ ، ونوع DNA . يمكن إستخدام الـ RAPD لتقدير الارتباط والتباين بين السلالات. يمكن تطبيقه في مجال الكائنات الحية ومنها تمييز الحيوانات المختلفة ولاسيما تميز اللحوم ومنتجاتها ، ولمعرفة الأصول الأبوية لأنواع الحيوانات في سلالات الأبقار المضربة. وتستخدم مؤشرات الـ RAPD في تشخيص الجينات المشتركة في التأثير في صفة واحدة Quantitative Trail Loci وكذلك في تصميم البادئات التي تظهر أعلى درجة التباين مابين الأفراد المدروسة وبناء الخرائط الوراثية.

تعدد المظاهر الاليلية Polymorphism

إن تعدد المظاهر (Polymorphism) على مستوى DNA هي نتيجة لعدة أنواع من الطفرات مثل تغيير قاعدة واحدة في موقع الربط والذي يمنع التضاعف لعدم التطابق في نهاية 3' لشريحة DNA. المصدر الآخر للـ Polymorphism يتضمن حذف موقع وإضافة موقع يكون بعيداً جداً لدعم التضاعف وبالإضافة الى الإستبدال خصوصاً تلك التي تحدث على مواقع الارتباط المشار إليها ، مما يؤدي الى تغير ترتيب المواقع

المكاملة للتتابع البادئ مما يفقده فرصة الارتباط به ولا سيما انه يتأثر بتغير قاعدة واحدة فقط أو تغير في حجم DNA دون منع التضاعف.

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل التاسع.

English Spotlight on Issues In Animal Breeding That Related to the Arabic Text Focused on Chapter 9.

Selection

The idea of selection is simply this: to let individuals with the best sets of genes to mate and reproduce so that the next generation has, on average, more desirable genes than the current generation of animals. The animals with the best sets of genes are those having the best breeding values. They are from a genetic point of view, the individuals with the greatest value as parents. In selection, breeders try to choose those animals with the best breeding values, the animals that will contribute the best genes to the next generation. The result of successful selection is then to genetically improve future generations of a population by increasing over time the proportion of desirable genes. To understand how selection works, consider the simplest form of selection: in mass or phenotypic selection, the performance of the individual is the only information used in making selection decisions. No attention is paid to his genotype neither to the pedigree of the animal (ancestors) or the performance of his sibs (brothers and sisters) or of any his progeny.

Tandem selection

Is a method of artificial selection in which useful traits are selected for sequentially. For instance, one could select for both increased milk yield and increased milk fat content in cows via tandem selection by first selecting those with the best of one trait, say those that produce highest milk yield, and then when that trait is at a satisfactory level, by starting to select for those cows that produce milk with the greatest milk fat content instead. Therefore, tandem selection has a major disadvantage to other major types of

artificial selection for multiple traits, such as culling and index selection, as there is a tendency for the last trait to be lost as the next is being selected. Furthermore, Tandem selection attempts to improve a breeding population for several traits by selecting one trait at one time for several generations, then another trait is focused on for next breeding cycle or period (serial improvement). The major consideration for a breeder is to know how long each trait is selected for before switching to another trait and at what intensity the trait is selected. Tandem selection is effective when correlation does not exist between the traits or the relative importance of each trait changes throughout the years. For example, if genetic correlations do not exist between, for example, yield and disease resistance, tandem selection can be used effectively to increase the level of disease resistance before selection for yield is started.

Truncation selection / Independent culling

Truncation / independent culling selection, is a standard method in selective breeding in selecting animals to be bred for the next generation. Animals are ranked by their phenotypic value on some trait such as milk production, and protein content. The top percentage, individuals above some threshold leave offspring, the selection intensity is a function of the fraction saved. A breeding technique in which individuals in whom quantitative expression of a phenotype is above or below a certain value (the truncation point) are selected as parents for the next generation. Moreover, truncation selection, involves selecting for multiple traits in one generation in a specified order from a single population. Before using independent culling, breeders must keep in mind the following points:

(a) Breeders must maintain a sufficiently large population after each culling level to ensure that sufficient variation remains for the traits in subsequent culling.

(b) Breeders must apply less strict culling for the first trait to ensure there is sufficient variation for an unfavorably correlated trait.

(c) When genetic correlations are unimportant, breeders must keep in mind the order of culling, depending upon the economics of the breeding program and importance of the trait.

Selection Index is a method of artificial selection in which several useful traits are selected simultaneously. First, each trait that is going to be selected is assigned a weight. This method has advantages over other methods of artificial selection, such as tandem selection, in that breeders can select for traits simultaneously rather than sequentially. Thereby, no useful traits are being excluded from selection at any one time. One of the major difficulties in selection for multiple traits is the negative correlation between desirable traits. To obtain desirable genotypes, it is important to overcome the negative correlation between the traits. Index selection is a tool for improving traits simultaneously when a negative correlation exists between the traits.

A mixed model

Is a statistical model containing both fixed effects and random effects. It is particularly useful in settings where repeated measurements are made on animals. Because of its advantage in dealing with missing values, mixed effects models are often preferred over more traditional approaches such as analysis of variance.

Progeny Testing

Most animal breeders are unlikely to limit themselves to individual performance information alone in making selection decisions. They will use information on relatives as well. Breeders

evaluate sires / rams to use them in artificial insemination (A.I). They want to know something about the performance of their progeny.

Accuracy

The strength of the relationship between the true breeding value and its prediction is measured by the accuracy (correlation coefficient between breeding value and phenotypic value). When accuracy is high, predictions of breeding values will normally be good ones and they will closely reflect the differences in true breeding values of the animals being evaluated, because the predictions of breeding values are accurate, breeders can do a good job (getting good response) in selection.

Multiple Trait Selection:

In this chapter, discussion is not limited to single-trait selection (selection for just one trait). Nevertheless, single-trait selection provides a simple framework within which to learn the principles of animal breeding. However, in the real and practical animal breeding, selection for a single trait is limited. Breeders are typically interested in improving a number of traits. They practice multiple-trait selection. Many farmers select for traits related to milk production, and reproduction as well as growth. Selection for one trait rarely affects just that one trait. Usually other traits are affected as well. Genetic change in a trait resulting from selection on another trait is termed correlated response to selection. Correlated response to selection is probably caused by a number of genetic mechanisms and results in so-called genetic correlation between traits. Genetic correlations between traits and the correlated response to selection brought about by them can be beneficial. However, if breeders are unaware of or choose to ignore unfavorable (negative) genetic correlations, selection for one trait can lead to undesirable response in others.

In summary, there are a large number of traits, including production traits (such as milk yield and milk composition) and functional traits (such as fertility, health, longevity, and calving ability), that directly impact the profitability of any dairy production enterprise. One simple method of multiple-trait selection is the use of independent culling or rejection levels. In this method, first minimum standards or cut-off values are chosen for each of the traits undergoing selection, and then only animals that meet simultaneously all the criteria are selected. For example, one might decide to use only bulls with PTAs that are at least +35 for protein yield, +4.5 for productive life, and +2.8 for daughter pregnancy rate. Although this method is quite popular and allows one to select simultaneously for multiple traits using simple rules, it has some important limitations. First, the threshold values are in general chosen arbitrarily without using any formal approach. In addition, these cut-off values may vary over time due to genetic progress and changes in the definition of the genetic base, and therefore, cut-off values that are appropriate today may be too restrictive or too liberal in the near future. Second, this method ignores the genetic relationships between traits of interest; this adversely impacts the efficiency of selection when we want to select for traits that are genetically correlated, such as production and fertility. Finally, the effectiveness of the independent culling levels decreases rapidly as the number of traits under selection increases; as more traits are considered, fewer bulls meet simultaneously all the criteria, and more importantly, these bulls are probably only marginally superior for each trait. The best approach for selecting animals considering multiple traits is the use of an economic selection index. The overall breeding goal (H) is to improve multiple economically relevant traits by selecting animals using a selection index (I). The selection

objective is represented as $H = a_1 \cdot G_1 + a_2 \cdot G_2 + \dots + a_m \cdot G_m$ where G_i are breeding values and a_i represent economic weights. These economic values are based on prices for both inputs (e.g., feed and veterinary costs) and outputs (e.g., milk prices, calf prices) of a dairy production enterprise. The selection index is computed as $I = b_1 \cdot P_1 + b_2 \cdot P_2 + \dots + b_k \cdot P_k$ where P_j are measured phenotypes and b_j represent index weights. These weights are calculated as $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{Ga}$, where $\mathbf{P}$ is the phenotypic (co)variance matrix for the traits included in the selection index, $\mathbf{G}$ is the matrix of genetic (co)variances among the traits in the selection index and the breeding objective, and $\mathbf{a}$ is the vector of economic values. The correlated response to selection in the breeding objective due to selection based on the selection index is maximized when the traits in the index are accurately measured and highly correlated to the traits in the breeding objective. Contrary to the method based on independent culling levels, selection indices perform well regardless of the number of traits under selection, and even more importantly, these indices allow for selection of animals that are highly superior for one trait and slightly deficient in other traits, which leads to the maximization of the selection response.

Molecular Biology:

Molecular biology is the science that concerned with current knowledge of the molecular nature of genes, their roles in controlling the function and development of organisms, their inheritance. The goal of molecular biology is to get a better understanding of basic biology and to apply that knowledge to practical problems such as medicine, plant and animal breeding, and conservation. This chapter will focus on the role of genes and the use of molecular and genetic techniques in animal breeding.

Genes and Genomes:

Genomic DNA is tightly and orderly packed in the process called DNA condensation, to fit the small available volumes of the cell. DNA is located in the cell nucleus, with small amounts in mitochondria and chloroplasts. The DNA is held within an irregularly shaped body in the cytoplasm called the nucleotide. The genetic information in a genome is held within genes, and the complete set of this information in an organism is called its genotype. A gene is a unit of heredity and is a region of DNA that influences a particular characteristic in an organism. In many species, only a small fraction of the total sequence of the genome encodes protein (1.5%) of the genome consists of protein-coding exons, with over 50% of DNA consisting of non-coding repetitive sequences. Some DNA sequences that do not code protein may still encode functional non-coding RNA molecules, which are involved in the regulation of gene expression.

Molecular Markers:

Marker is a piece of DNA molecule that is associated with a certain trait of an organism. There are four types of markers:

The 1st one is Morphological marker, in this type of marker animals are selected based on appearance, e.g. pigmentation. The main disadvantage of this marker is lack of polymorphism. The 2nd one is Biochemical Markers, animals are selected based on biochemical properties, e.g. Hb, Amylase, Blood Groups ETC. Disadvantage of biochemical markers are Sex limited, Age dependent, Influenced by environment and It covers less than 10% of genome. The 3rd one is Chromosomal Markers, Animals are selected based on structural & numerical variations, e.g. Structural (Deletions, Insertions etc) and Numerical Variations (Trisomy, Monosomy, Nullysomy), the Disadvantage of this type of marker is low polymorphism.

Molecular markers divided to two types of markers, the 1st one Single locus marker (e.g. Microsatellite, RFLP and STS) and the 2nd is Multi-locus marker (e.g. DNA Fingerprinting, AFLP and RAPD).

Molecular Markers and Quantitative Traits:

In the last 30 years, many livestock genetic genome maps were developed. The idea to add the genomic to the phenotypic information to increase or speed up the selection response to the "traditional methods" in which it is known as marker-assisted selection or MAS. It is currently possible to incorporate this information in the present systems of selection with BLUP, that is to say, to add the information corresponding to the markers to the systems of equations of the mixed model.

References

- 1-Al-Barzinji, Y.M.S. (2009). A study of some economical traits with breeding value in Hamdani sheep using molecular genetics techniques. Ph.D. Thesis, College of Agric., Univ. of Salahaddin-Erbil, Iraq.
- 2-Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. and Walter, P. (2014). Molecular Biology of the Cell (6th ed.). Garland. p. Chapter DNA, Chromosomes and Genomes. ISBN 978-0-8153-4432-2.
- 3-Ameen, A. k. (2013). A study of some quantitative and molecular characteristics by using RAPD-PCR of local Turkey (*Mmeleagris gallopavo*) in Kurdistan. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric. Sci., Univ. of Sulaimani, Iraq.
- 4- Ansah, G.A. (2000) Matching genetic potential for performance with field conditions. The layer industry worldwide. In: *Proceedings of the XXI World's Poultry Science Congress*, Montreal, Canada (electronic publication).
- 5-Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American J. of Human Genetics*. 32:314-331.

- 6- Emmerson, D.A. (2000) Evolving performance in the US broiler and turkey market. In: *Proceedings of the XXI World's Poultry Science Congress*, Montreal, Canada.
- 7-Gałecki, Andrzej; Burzykowski, Tomasz (2013). Linear Mixed-Effects Models Using R: A Step-by-Step Approach. New York: Springer. ISBN 978-1-4614-3900-4.
- 8- Gregory, S.G., Barlow, K.F., McLay, K.E., Kaul, R., Swarbreck, D., Dunham, A. and *et al.* (2006). "The DNA sequence and biological annotation of human chromosome 1". *Nature*. 441 (7091): 315-21.
- 9- Henderson, C. R. (1984). Application of linear models in animal breeding. University of Guelph. Guelph, ON., Canada.
- 10-Mashaghi, A. and Katan, A. (2013). A physicist's view of DNA. *DePhysicus*. 24e (3): 59-61. arXiv:1311.2545v1.Bibcode:2013arXiv1311.2545M
- 11-Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- 12-Passarge, E . (2001). Color Atlas of Genetics. Second edition, enlarged and revised. Stuttgart. New York.
- 13-Raymond, M. and Rousset,F. (1995). GENEPOP (version3.3): Population Genetics Software for exact tests and ecumenicism. *J. of Heredity*, 86:248-249.
- 14-Tropp, B.E. (2012). Molecular Biology (4th ed.). Sudbury, Mass.: Jones and Barlett Learning. ISBN 978-0-7637-8663-2.
- 15-Watson, J.D. and Crick, F.H. (1953). "Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid "(PDF) . *Nature*. 171 (4356): 737–
38. Bibcode:1953Natur.171..737W. doi:10.1038/171737a0. PMID 13054692. Archived (PDF) from the original on 4 February 2007.

Chapter 10 الفصل العاشر

Mating Systems نظم التزاوج

اهمية برامج التربية والتحسين :

تضمن تربية الحيوانات التحسين المستمر لحيوانات المزرعة، جيلاً بعد جيل. يتم استخدام أفضل الحيوانات كآباء لإنتاج الجيل الجديد التي تساهم بشكل أساسي في إمداد مواد غذائية صحية ومستدامة وبخيارات متنوعة من الأطعمة ذات الجودة الغذائية العالية والأمنه والمتنوعة. وتربية الحيوانات هو علم الاعتناء بالحيوانات الداجنة وتوليدها ، بما في ذلك الأبقار والدجاج والماعرز أو أي حيوان آخر يُستخدم كمصدر للطعام مارس البشر حرفة التربية الحيوانية منذ آلاف السنين، منذ أن بدؤوا أولى محاولات استئناس الحيوانات. تنفذ استراتيجيات التربية وتحسين الحيوان بهدف إحداث تغيير وراثي في العشائر الحيوانية ، كما ان برامج التربية والتحسين تهدف إلى تحقيق أهداف محددة لإنتاج الجيل القادم من الحيوانات وإنها سلسلة من الاجراءت تشمل تسجيل الصفات المرشحة الانتخاب ، وتقدير القيم التربوية ، واختيار الآباء وبرنامج التزاوج للآباء المنتخبين.

Reasons for Using Mating Systems الاهتمام في أنظمة التزاوج

ان أسباب الاهتمام في أنظمة التزاوج هي: (1) لإنتاج نسل / ذرية ذات قيم تربوية عالية Breeding value. (2) للاستفادة من التكامل المتناغم Complementarity ، فمثلا تعد ماشية Charolais من الماشية الفرنسية الكبيرة الحجم والمعروفة بنموها السريع وعضلاتها الثقيلة ، و ماشية أنكس (Angus) هي ماشية بريطانية أصغر ومعروفة بقدرتها على الأمومة (Maternal ability) ، وتستفيد الأبناء المهجنة (النسل) من تزاوج كلا النوعين من الآباء لجمع هذه الصفات و (3) إلى الحصول على قوة الهجين (Hybrid vigor) ويقصد بها زيادة في أداء الحيوانات الهجينة (Crossbred or hybrid animals) مقارنة بالحيوانات الأصلية (Pure-bred) هناك نظامين للتزاوج هنا:

1- التزاوج ضمن السلالة Straight breeding

- ويشمل تزاوج الافراد النقية (Purebred Breeding)، اذ لا بد من ان تكون الافراد من نفس السلالة وكلاهما نقية وعادة تكون حيوانات Genetically homozygous

ومعتمدة ومسجلة في جمعيات السلالة Breed association. كذلك تربية الأقارب (Inbreeding) وتزاوج الخطوط النقية (Line breeding) - تزاوج الأبعاد (Cross breeding) ويشمل تزاوج الأفراد من سلالات مختلفة.

نظم التربية / التزاوج Breeding systems

تربية الحيوانات (Animal breeding) هي احد فرع من فروع علم الحيوان (Animal science) تتناول تقييم القيم الوراثية / التربوية للحيوانات الزراعية.

1- التربية النقية / التأسيس Pure-breeding هي تزاوج الذكور والاناث من نفس السلالة. يمكن إدارة القطيع الأصيل كقطيع واحد لأن جميع الحيوانات من نفس السلالة. الهدف من إنتاج الحيوانات الأصيلة هو توفير جينات متفوقة نقيه. يجب توثيق التحسينات في الحيوانات الأصيلة من خلال سجلات الأداء ، خاصة تقدير الميزة الجينية للحيوان ، هو الفرق الوراثي المتوقع بين أداء ذرية الحيوان (النسل) genetic merit ومتوسط أداء جميع الحيوانات في السلالة لتلك الصفة وهو ما يعرف (EPD) Expected Progeny Difference. على سبيل المثال ، إذا كان وزن الفطام للحمل EPD يبلغ 2.0 كجم ، فهذا يعني أن نسله سيكون 2.0 كجم أثقل من متوسط حملان السلالة.

التربية الخارجية / تربية الأبعاد Out-breeding / Out-crossing

من أنظمة التزاوج ، هو تزاوج الحيوانات من نفس السلالة ولكن ليس لها علاقة قرابه Mating of animals of different families within the same breed. كما يقصد بالتربية الخارجية / تربية الأبعاد بها يتم تزاوج أفراد، درجة القرابة بينهم أقل من متوسط درجة القرابة في القطيع، وهي عكس التربية الداخلية حيث تعمل أساسا على زيادة نسبة الأفراد الخليطة وخفض نسبة الأفراد الأصيلة في القطيع، عليه فإن التربية الخارجية تعطي فرصة للجينات غير المرغوبة أن تختبئ تحت اليالاتها المرغوب فيها، كما أن وجود السيادة أو فوق السيادة سيجعل عشيرة الأفراد الناتجة تفوق آباءها في صفاتها الإنتاجية. ويسمى ذلك بقوة الهجين التي تحدث نتيجة للظاهرة الوراثية المعروفة بقوة الخلط.

زواج الأقارب Inbreeding

هو نظام تربية يتم فيه تزاوج الحيوانات وثيقة الصلة. وهذا يشمل تزاوج الأب لابنته، والابن لأمه ، والأخ لأخته (Sire to daughter ، Son to dam و Brother to sister). من الناحية الفنية ، يتم تعريف زواج الأقارب على أنه تزاوج الحيوانات أكثر

ارتباطاً من متوسط العلاقة داخل السلالة أو المجتمع (القطيع). تتمثل النتيجة الجينية الأساسية لتزاوج الأقارب في زيادة تكرار أزواج الجينات المتشابهة. يستخدم زواج الأقارب للكشف عن الجينات التي تنتج تشوهات أو تسبب الهلاك. بشكل عام ، يؤدي زواج الأقارب إلى انخفاض عام في الأداء: القوة ، ومقاومة الأمراض ، والكفاءة التناسلية ، والقدرة على البقاء Survivability. كما أنه يزيد من تكرار التشوهات. عند تربية الحيوانات في مجموعات أو عشائر صغيرة (Small populations) أو في التجمعات أو الحقول الصغيرة ، تكون فرص التحسين الوراثي والتكاثر لإنتاج الغذاء محدودة. في مثل هذه المجموعات ، تستخدم جميع الحيوانات تقريباً كآباء للجيل القادم (على الأقل الإناث) للحصول على ذرية كافية (عدم وجود انتخاب). بعد ذلك ، لا توجد فرصة لاختيار (انتخاب الصفات) الصفات المرغوبة. في التجمعات الصغيرة ، الشاغل الرئيسي هو الحفاظ على أعداد الحيوانات ، مما يتسبب في تزاوج الأقارب وبالتالي في انخفاض الموائمة أو اللياقة Fitness ويزيد من حدوث العيوب الوراثية (من خلال تجمع الجينات المتنحية).

تهجين الخطوط النقية Line breeding

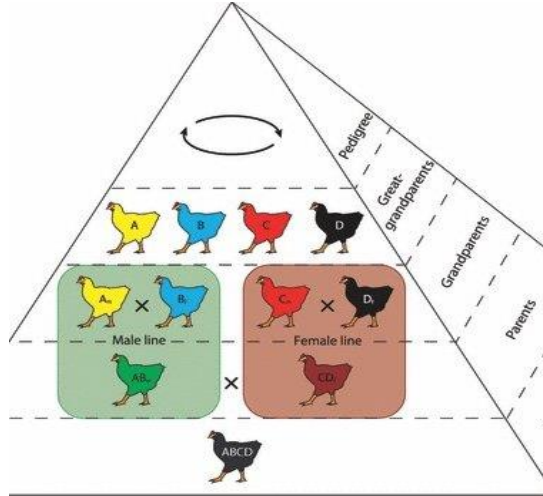
هو نظام تربية تكون فيه درجة العلاقة أقل شدة من زواج الأقارب وعادة ما يتم توجيهها نحو إبقاء النسل مرتبطاً ببعض الأسلاف عالية القيمة التربوية . مثل تزاوج الأخوة غير الأشقاء أو تزاوج اولاد العم Half-brother half-sister mating or Cousin mating كذلك تزاوج الجد مع حفيدته Grandparents to grand Offspring. تربية الخطوط ضمن السلالة هي شكل معتدل من زواج الأقارب وتزيد من النقاوة الوراثية للأفراد Increases genetic purity. وعادة يكون تزاوج خطين أو أكثر لتجميع الصفات المرغوبة في هذه الخطوط في النسل

Purpose is to bring together desirable traits from different lines

وكمثال على تهجين الخطوط النقية Pure-breeding line ، هو برامج تحسين انتاجية الدواجن لانتاج اللحم أو لانتاج البيض اذ انه نتيجة عن تهجين ثلاثي أو رباعي لخطوط تربية نقية محددة ناتجة عن تربية الاقارب (تزاوج العوائل). هناك أربعة أجيال بين خطوط التربية النقية Pure-breeding line وهي Great-grandparent stock تمثل الاصول ولكل شركة تربية لديها مجموعة من الخطوط النقية لا يقل عن عشرة (جدير بالذكر ان مركز اباء للابحاث الزراعية كان يملك 4 خطوط نقية A و B و C و D). وفي حالة التهجين الرباعي تستعمل الخطوط الاربعة النقية في التهجين الرباعي (Four-Way Crossing) من الاصول / الخطوط النقية (Great-Grandparent stock) هي : A و B و C و D لانتاج الهجين الرباعي التجاري

(ABCD)(الشكل10-1). يكون الجيل الأول من التهجين بين الاجداد Grandparent stock بين ذكور A مع إناث B لإنتاج ذكور AB وبين ذكور C مع إناث D. لإنتاج امهات CD. ثم يتم التهجين (تزاوج) بين الامهات (Parent stock) ذكور AB إناث CD لإنتاج الهجن التجارية والتي تكون دجاج اللحم (Broilers) التي يتم تربيتها وذبحها لإنتاج لحوم الدجاج على نطاق واسع، او لإنتاج الدجاج البياض التجاري الذي يربى لإنتاج البيض (Layers). في الشكل 10.1 برنامج تربية وتزاوج الخطوط النقية والهجن ، اذ يمثل الهرم كل مستوى جيلاً. يتم تحديد الصفات المرغوبة في كل خط من خطوط الاصول Pure-breeding line وعادة يركز انتخاب الخطوط النقية للذكور لصفة النمو بينما يتم التركيز لخطوط الاناث على صفات انتاج البيض والفقس.

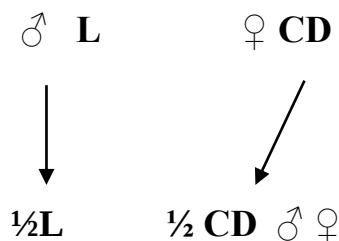
جدير بالذكر انه في ظروف الحصار في ثمانينات القرن الماضي ، قام مركز اباء بالمشروع الوطني للتربية الريفية للدواجن اذ استغلت امهات CD لتهجينها مع انواع من الديكة المحلية ، اذ انه في هذا النظام (3- line crossbreds) تم تضريب اناث CD مع الديكة المحلية ، وجميع افراد الناتجة ذكورا واناثا تباع كناتج نهائي.



الشكل 10-1. تهجين الخطوط النقية في الدواجن لإنتاج الهجن التجارية

تم تنفيذ هذه التقنية في تسعينات القرن الماضي (كبرنامج لاستنباط دجاج للتربية الريفية والمنزلية ، تربي في الريف والحدائق المنزلية ، بهدف المشاركة الفعالة في تغذية الانسان، وقد استغلت عشائر المجاميع الوراثية المختلفة من الدجاج المحلي والمتاقل للظروف البيئية المحلية ، وتحمل مستويات التغذية المنخفضة وتحمل الامراض) ، وبين ذكور (ديكة) محلية عراقية (L) (لكونها مقاومه للظروف البيئية) مع امهات

فروج اللحم "فايرو" المتميزة بانتاج بيض التفقيس والنمو السريع (CD) الناتجة من تضريب ذكور الخط C و الخط D وحسب المخطط ادناه ..



حيث توزع الافراد الناتجة من الهجين الى العوائل للتربية الريفية والمنزلية. تذبج الذكور بعمر 7 - 10 اسابيع في حين تربي الاناث لانتاج البيض. وبالفعل تم الحصول على هجين (3- line crossbreds) يجمع بين صفات الانتاجيه والتاقلم والحيويه وتحمل الامراض. اذ تميز الهجين بصفات انتاجية وتناسلية جيدة وبمعدل مقبول من قوة الهجين Heterosis hybrid vigor (النمو ، انتاج البيض ووزن البيض وكفاءة تحويل غذائي والنضج الجنسي المبكر). كما لهذا الهجين ميزة كون منتجاته عضويه Organic بسبب نظام تربيته رعوية. جدير بالذكر ان هذا المشروع حصل على جائزة المنظمة العربية للتنمية الزراعية ، جائزة الابداع العلمي الثالثة في 4 / 5 / 1999 برقم م ف / 6435.

التهجين بين السلالات Crossbreeding

هو تزاوج الذكور والاناث بين سلالات مختلفة. ومع ذلك ، فإنه لا يشير إلى الخلط العشوائي للسلالات ، بل هو استخدام منهجي لموارد السلالات المختلفة لإنتاج ذرية هجينة Crossbred من نوع معين. يستخدم التهجين على نطاق واسع في قطاع الحيوانات التجارية. يقدم التهجين ميزتين متميزتين: (1) قوة الهجين heterosis او hybrid vigor و (2) التطابق و التكامل بين السلالات Breed complementarity . تعرف قوة الهجين على انها تفوق النسل المهجن على متوسط الاباء. تميل تأثيرات قوة الهجين إلى أن تكون كبيرة بالنسبة للصفات التي تكون منخفضة المكافئ الوراثي (مثل الصفات التناسلية) وصغيرة بالنسبة للصفات عالية المكافئ الوراثي (مثل النمو ، و صفات الذبيحة ، والصوف). تكامل السلالات Breed complementarity هي الميزة الرئيسية الثانية للتهجين وتكمن في القدرة على الاستفادة من تكامل الصفات بين السلالات. جميع السلالات لها نقاط قوة وضعف. لا يوجد سلالة واحدة تتفوق في جميع الصفات. وبالتالي ، يمكن تحسين الإنتاج عندما تضع أنظمة التزاوج السلالات في

أدوار تزيد من قوتها وتقليل نقاط ضعفها. يمكن تعريف قوى الهجين على أنها القوة الفيزيولوجية للكائن الحي المتمثلة بسرعة نموه وارتفاعه وقوته العامة. ترتبط إيجابًا بدرجة التباين في التركيب الوراثية ... كلما زادت الاختلافات الجينية بين التركيب الوراثية زاد مقدار قوة الحجين. ان الفرضيات التي تسبب قوة الهجين هي:

- **فرضية السيادة Dominance Hypothesis** : تعزو فرضية السيادة تفوق الهجن إلى كبح الأليلات المتنحية غير المرغوب فيها من أحد الأبوين بواسطة أليلات السائدة من الآخر. كما تعزو إلى الأداء الضعيف للسلاسل الناتجة من تربيته الأقارب إلى فقدان التنوع الجيني، وتصبح السلالات متماثلة التركيب الوراثي Homozygotes بشكل تام في الكثير من مواقع الوراثة.

- **فرضية السيادة المفرطة Overdominance Hypothesis** . تكون مجموعات معينة من الأليلات التي يمكن الحصول عليها من خلال التزاوج بين سلالتين ناتجة من تزاوج الأقارب (Homozygotes) مفيدة في التركيب الوراثية المتغايرة (Heterozygotes). تعزو فرضية السيادة المفرطة ميزة التركيب الوراثية المتغايرة إلى تفاعل الكثير من الأليلات المتنحية مع الأليلات السائدة و في عدة مواقع في التركيب الوراثية المتغايرة (Heterozygotes). ولابد من التأكيد على أن قوة الهجين تعتمد على فرق تكرار الجينات بين التركيب الوراثية للأباء ، حيث تكون قوة الهجين أقصى ما تكون عندما تكون الأليلات المتماثلة بشكل ثابت (Fixed) في أحد الأباء ومتناقضة مع الأليلات في الأب الآخر (Lost).

ولحساب قوة الهجين ندرج المثال الآتي لتجين ماشية الهيرفورد والشاروليه لوزن الجسم عند التسويق (باوند)

	Hereford	Charolais
Hereford	500	590
Charolais	570	600

$$1\text{-Average of parental purebred} = \text{PB} = \text{متوسط وزن الأباء} \\ \text{PB} = (\text{H} + \text{C}) / 2 = (500 + 600) / 2 = 550$$

$$1\text{-Average of crossbreds} = \text{CB} = (\text{HC} + \text{CH}) / 2 = \text{متوسط وزن الهجين}$$

$$(570 + 590) / 2 = 580$$

الفرق بين متوسط الآباء والهجين =

$$1\text{-Difference between CB and PB} = (CB - PB) = (580 - 550)$$

$$= 30 \text{ kg}$$

= قوة الهجين

$$1\text{-Heterosis \%} = [(CB - PB) \times 100] / PB = [(580 - 550) \times 100] / 550 = 5.45$$

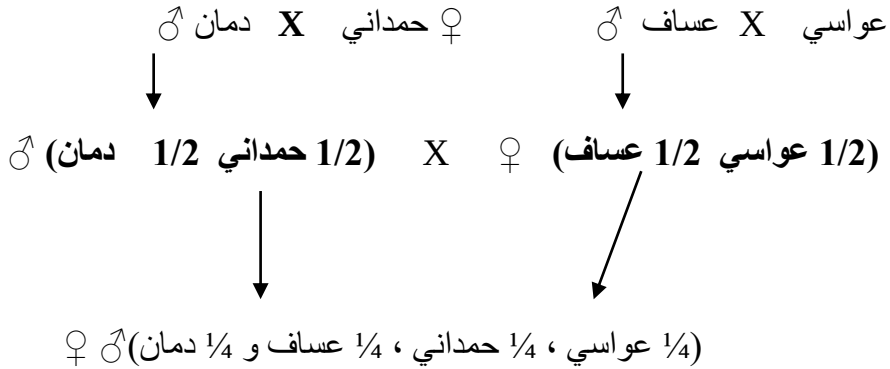
الفارق التضريب العكسي او التبادلي (بسبب تاثير الامومة Maternal ability و كذلك اختلاف الدنا للساييتوبلازم للنسل (Progeny cytoplasmic DNA) =

$$1\text{-Reciprocal Cross Difference} = [(1/2H \ 1/2C) - (1/2C \ 1/2H)] = 590 - 570 = 20 \text{ kg.}$$

مشروع تحسين الاغنام المحلية \ كنموذج لمشروع التهجين بين السلالات

ولا بد من ذكر بان باحثي مركز اباء قاموا بتنفيذ مشروع تحسين الاغنام المحلية من خلال تهجين سلالة اغنام العواسي والحمداني المحلية مع سلالات Assaf (من فلسطين) و D'man (من المغرب) هو مثال على التحري ودراسة لمطابقة وتناغم القوة التكميلية للسلالات المستعملة لتحسين كفاءة نظام الإنتاج. يستفيد هذا التهجين من قابلية العيش في الظروف البيئية المحلية لنعاج العواسي والحمداني وسرعة النمو وانتاج الحليب والتوائم لسلالات Assaf و D'man لإنتاج سلالة مركبة Composite/Synthetic Breed من اربعة سلالات: 1/4 عواسي ، 1/4 حمداني ، 1/4 عساف و 1/4 دمان) ، اي 1/2 الجينات من الاغنام المحلية المتأقلمة للظروف البيئية و 1/4 من سلالة العساف (ذات الانتاج العالي من الحليب) ، و 1/4 الجينات من سلالة الدمان (ذات نسبة توائم عاليه). وقد استعملت الاغنام المحلية كانات للمشروع لوجود اعداد كبيره منها ، في حين استعملت كباش الدمان والعساف بسبب محدودية عددها. وقد تميز الهجين بالاضافة الى كفاءته الجيده للنمو وانتاج الحليب وعدد الحملان المفطوم/نعجه وتحمله للظروف البيئية المحلية فان حجم الاليه انخفض بنسبه كبيره مقارنة بالسلالات المحلية مما ادى الى زيادة نسبة اللحم : الشحم : العظم وتحسن في نسبة الدهون غير المشبعة ورفع كفاءة التحويل الغذائي. جدير بالذكر ان مربى الاغنام في المناطق الرعوية غير مقتنعي بهذا النوع من الكباش الهجينة لصغر حجم الالية.... الا ان الرغبة كانت عاليه لمربي الاغنام تحت النظام شبه المكثف ، وكان هدف التهجين انتاج

اغنام تصلح للانتاج في النظام شبه المكثف في المناطق المروية لرفع الكفاءة الانتاجية والتناسلية ، وكان هذا هدف التضرير لتغيير نظام تربية الاغنام من النمط التقليدي الى النمط شبه المكثف لرفع الكفاءة الانتاجية لتلبية متطلبات السوق وكما موضح في المخطط التالي:



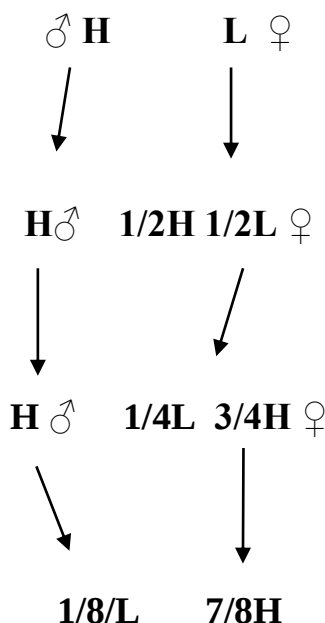
ومن ثم تم تضرير بين ذكور واناث (1/4 عواسي ، 1/4 حمداني ، 1/4 عساف و 1/4 دمان) للحصول على سلالة مركبة تتميز بكفاءة انتاجية وتناسلية ملائمة للظروف المحلية. وقد تم توزيع عدد من الكباش للمربين.

مشروع تحسين الماعز المحلي

كما قام باحثي مركز اباء بتنفيذ مشروع تحسين مشروع تحسين الماعز المحلي من خلال تضرير الماعز المحلي بسلالة الماعز الشامي المتميزة بانتاجيتها للحليب ومعدلات النمو الجيده لتحسين انتاجيه الماعز المحلي بهدف زيادة دخل مربي ومنتجي الماعز من خلال نشر جينات تيوس الشامي ، اذ اكتسب عرق الماعز الشامي صفات وراثية جيدة خاصة في إنتاج الحليب وتمتاز العززة الشامية بإنتاجها الوفير للحليب ذا الطعم طيب المذاق، قليل الدهون، وسهل الهضم ، وتمتاز بولادتها للتوائم الثنائية والثلاثية ، وبالتالي ارتفاع العائد المادي الناتج عن تربيتها. ولكن مع الاسف الشديد كانت احداث 2003 باحتلال العراق نهاية لاستمرار هذه الانجازات .

لتدريج Grading up يشير إلى التهجين المتكرر للاناث (عادة ذات انتاجيه قليله) وذريتها من الإناث إلى ذكور من سلالة نقية واحدة ، مع الهدف النهائي المتمثل في تدريج وتكوين قطيع لا يمكن تمييزه عن القطعان الأصلية من سلالة الذكر ويتميز بانتاجية جيدة. وكمثل لها التهجين تضرير ثيران من سلالة Holstein Friesian مع الابقار المحلية العراقية ، لتدريجها. اذ قامت وزارة الزراعة منذ بداية خمسينات القرن الماضي بهذا التهجين ، الذي ادى تدريج الى الابقار العراقية المحلية الى 50 و 75 و

87.5 % من جينات Holstein Friesian cattle (الشكل 10.2)، وقد تبين بان الهجين 50 و 75% هو الافضل بسبب تناغم و تكامل الجينات المسؤولة عن الصفات الانتاجية والتناسلية مع صفات التأقلم تحت الظروف البيئية المحلية.



الشكل 10-2. تقنية تدريج الابقار المحلية مع الهولشتاين فريزيان

انظمة التزاوج / التهجين في ماشية اللحم

Beef Crossbreeding Systems

Terminal Sire Crossed with F1 Females

في هذا النظام يتم تهجين ابناء الجيل الاول مع ثور نفس السلالة الابوية ، وجميع افراد الجيل الثاني ذكورا واناثا تباع للذبح.

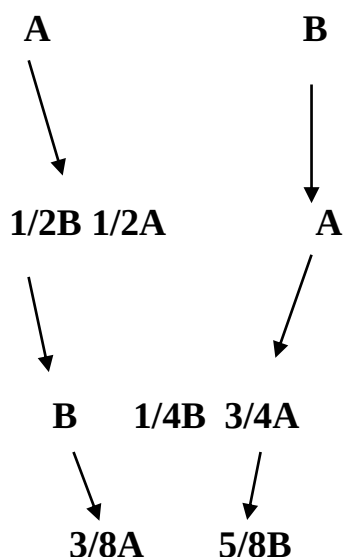
Rotate Herd Bull every 3-4year

يتم تدوير ثور القطيع كل 3-4 سنوات ،ثم يستبدل بثور من سلالة اخرى.

Two-Breed Rotation

تناوب ثنائي السلالة: يتم تهجين الثيران من السلالة A مع الأبقار من السلالة B. يتم تهجين الإناث الناتجة إلى الثيران من السلالة B طوال فترة حياتها الإنتاجية. يتم تربية العجول البديلة من هذا الهجين إلى ثيران من السلالة A. يتم تهجين كل جيل لاحق بثور من السلالة المعاكسة.

Rotational Crosses

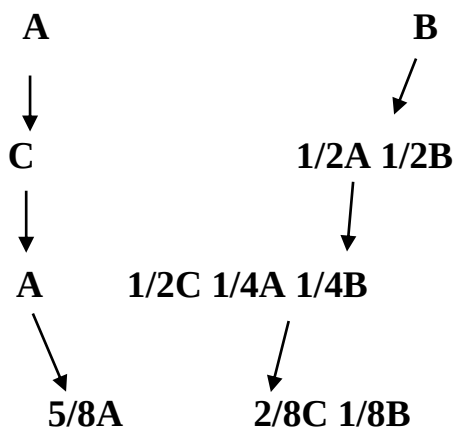


3-Breed Rotation

التهجين بتناوب ثلاث سلالات ، وهو نفس نمط التكاثر مثل تناوب السلالتين فيما عدا ذلك يستخدم الثور من سلالة ثالثة في تناوب الأب. وقد اتبعت هذه التقنية لتهجين بين السلالات الآسيوية والأوروبية ،

Although rotational crossbreeding system involving the Brahman (a *Bos indicus* breed) and one or two *Bos taurus* breeds - usually Hereford and (or) Angus - have been extensively researched in Florida, USA.

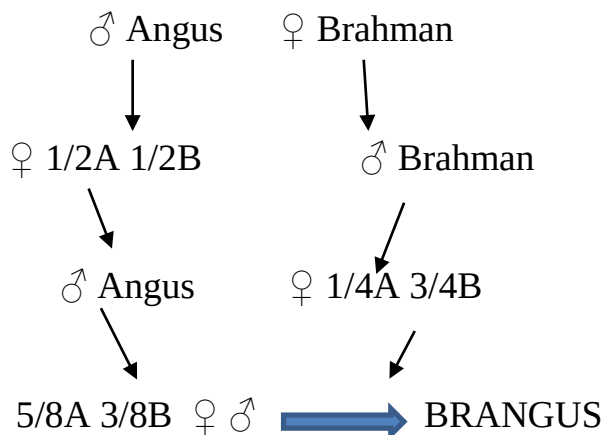
Breed Rotation Rotational Crosses-3



السلالات المركبة / تركيبية Composite breeds يستخدم التهجين أيضًا لتشكيل سلالات جديدة أو مركبة. بمجرد تكوين أي من هذه الهجن ، تتم إدارة القطيع بالتكاثر بين الذكور والاناث لعدة اجيال لحين تصبح كقطيع أصيل. لتطوير سلالة جديدة تعتمد على التهجين 3 أو أكثر من سلالات الماشية .

امثله لتقنيات تكوين سلالة مركبة Creating Synthetics

المثال الاول تكوين سلالة ماشية Brangus من تزاوج ماشية Brahman (المتحملة للحرارة) مع ماشية Angus (ذات النمو السريع) لانتاج سلالة تتحمل الحرارة وذات النمو السريع.



Composite Breeds



Noble Line Bull $\frac{2}{3}$ Gelbvieh, $\frac{1}{3}$ Angus, $\frac{1}{3}$ Brahman

الشكل 10 - 3 : نموذج لسلالة مركبة / تركيبيّة Composite breed

تدهور قابلية العيش بسبب تربية الأقارب

Fitness and Inbreeding Depression

هناك فرضيتان تسبب تدهور قابلية العيش بسبب تربية الأقارب: 1- Overdominance Hypothesis فرضية السيادة التفوقية ، حيث سببه المواقع الوراثية التي تكون فيها التراكيب الوراثية المتغايرة Heterozygotes أكثر ملائمة more fit من كلا التراكيب الوراثية المتماثلة Homozygotes. وبما ان تربية الأقارب تقلل من تكرار التراكيب الوراثية المتغايرة ، ويزيد من تكرار التراكيب الوراثية المتماثلة ، وبالتالي تقل اللياقة البدنية. 2- فرضية السيادة (Dominance): بسبب كون معظم أليلات الضارة المتنحية (Deleterious alleles) تتواجد في الأفراد المتغايرة Heterozygotes. وان زواج الأقارب يزيد من تكرار التراكيب الوراثية المتجانسة للأليلات الضارة Homozygotes for deleterious alleles, so Fitness is reduced ، لذلك تقل اللياقة البدنية.

معدل / معامل تربية الأقارب Rate of Inbreeding

ان العامل الرئيسي الذي يحد من معدل / معامل تربية الأقارب Rate of inbreeding يعتمد على حجم القطيع او المجتمع الفعال Effective population size . استخدام عدد كافٍ من الذكور في كل جيل يحدد من ارتفاع معامل التربية الداخلية ، اذ يزداد معامل تربيته الأقارب بشكل أكثر في المجموعات الصغيرة small

population. والسبب هو أنه في العدد القليل هناك فرصة كبيرة للفرد للتزاوج مع فرد ذي صلة أو قرابة وبالتالي يعتمد معامل تربيه الأقارب على حجم المجتمع.

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل العاشر.

English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 10.

breeding systems: Animal breeding is a branch of

animal science that

addresses the evaluation of the genetic value of domestic livestock. A breed is a group of domestic animals with a homogeneous appearance, behavior, and other characteristics that distinguish it from other animals.

Pure-breeding: Pure-breeding is the mating of males and females of the same breed or type. The goal of purebred is to provide superior animals to the commercial animals industry.

Out-breeding: Within pure-breeding, there are several types of mating systems. Out-breeding is the mating of animals of the same breed but which have no closer relationship.

Inbreeding: Inbreeding is a system of breeding in which closely

related animals are mated. This includes sire to daughter, son to dam, and brother to sister. The primary genetic consequence of inbreeding is to increase the frequency of pairing of similar genes. Inbreeding may also be used to uncover genes that produce abnormalities or death. In general, inbreeding results in an overall lowering in performance: vigor, disease resistance, reproductive efficiency, and survivability. It also increases the frequency of abnormalities.

Linebreeding: Linebreeding is a system of breeding in which the degree of relationship is less intense than in inbreeding and is usually directed towards keeping the offspring related to some highly prized ancestor. The degree of relationship is not closer than half-brother half-sister mating or cousin mating. Line breeding is a mild form of inbreeding.

Crossbreeding: Crossbreeding is the mating of males and females of different breed or types. However, it does not denote indiscriminate mixing of breeds, but rather is a systematic utilization of different breed resources to produce crossbred progeny of a specific type. Crossbreeding is used extensively in the commercial beef and sheep industry and the majority of slaughter males are crossbred. Crossbreeding offers two distinct advantages: 1) heterosis; and 2) breed complementarity. Heterosis or hybrid vigor is the superiority of the crossbred offspring. Mathematically, heterosis is the difference in performance between the crossbred and the average performance of its purebred parents.

In general, crossbred individuals tend to be more vigorous, more fertile and grow faster than purebreds. Effects of heterosis tend to be large for traits that are lowly heritable (e.g. reproduction) and small for traits that are highly heritable (e.g. growth, carcass, and wool).

Breed complementarity: The second major advantage of crossbreeding lies in the ability to utilize breed complementarity.

All breeds have strengths and weaknesses. No one breed

excel in all relevant traits. Thus, production can be optimized when mating systems place breeds in roles that maximize their strengths and minimize their weaknesses.

Crossbreeding Systems: There are several systematic crossbreeding systems. Terminal crossing makes maximum use of both heterosis and breed complementarity. It may utilize two, three, or four breeds, and can be as simple as crossing two pure breeds.

Grading up denotes the repeated crossing of females and their female progeny to males of a single breed, with the ultimate objective of creating

a flock that is indistinguishable from purebred flocks of the ram breed. It is used when only rams of the breed of interest are available or affordable.

Composite breeds: Crossbreeding is also used to form new or "composite" breeds. Once the crossbred base population has been formed, the flock is managed as a purebred flock. Composite Breeds is aimed at developing a new breed based on crossbreeding 4 or more existing breeds of cattle to avoid inbreeding problems. After development the composite breed is not crossbred with other breeds and is selected across four lines. Within the pedigree segment are the specific male and female lines, with the males typically selected for heritable growth and production traits and the female lines selected for early growth and conformation (Anthony, 1998). The commercial broiler (fifth generation) is derived from the cross of a male and female parent line.

further investigate the effects of selection pressure (and other evolutionary patterns that may have influenced muscle architecture)

on the modern broiler, we make an additional comparison to the pureline commercial broiler breeder lines (pureline A, B, C and D). These represent the top level of modern

Three-Way or Four-Way Cross: Today, final product broilers are a three-way or four-way cross of specific closed pure-breeding lines. There are four generations between the pure-breeding line and the final broiler or layers. The generation and multiplication levels from breeding to meat production are as follows.

1-Pure-breeding line. Owned by the breeding company and subjected to the full- scale selection programme. Three or four lines are used for each broiler product. Each breeding company has a range of broiler products and therefore maintains at least ten pure-breeding lines.

2-Great-grandparent stock. Fully controlled by the breeding company, subjected to limited selection for selected traits. This generation is mainly used to multiply the pure lines to the large numbers (at least tens of thousands) needed to produce the grandparent stock.

3-Grandparent stock. In case of a Four-Way Final Cross (ABCD) this generation is the generation of crossbreeding with A males, B females, and C males with D females making up the grandparent flocks. Grandparents are distributed throughout the world in at least hundreds of thousands to local operations, which maybe integrated production companies or local distributors of parent stock.

1-Parent stock. This is the generation of crossbreeding with AB hybrid males being mated to CD hybrid females. Parent stock

flocks are largely owned by production companies that produce broilers or layers.

2-Broilers. These are the birds that are grown, slaughtered and processed for large- scale chicken meat production. Similar procedure for layers.

The three reasons for using mating systems

- (1) To produce offspring with extreme breeding value, mating parents with extreme breeding values (high x high).
- (2) To make use of complementarity, Charolais are large French cattle known for their fast growth and heavy muscling, Angus are smaller British cattle known for their maternal ability, and the crossbred offspring benefit for having both kinds of parents and
- (3) To obtain hybrid vigor. Hybrid vigor is an increase in performance of crossbred or hybrid animals over that of the pure-bred.

Two competing hypotheses describing hybrid vigor (or Why do traits associated with fitness show inbreeding depression?):

- Overdominance Hypothesis: Genetic variance for fitness is caused by loci at which heterozygotes are more fit than both homozygotes. Inbreeding decreases the frequency of heterozygotes, increases the frequency of homozygotes, so fitness is reduced.
- Dominance Hypothesis: Genetic variance for fitness is caused by rare deleterious alleles that are recessive or partly recessive; such alleles persist in populations because of recurrent mutation. Most copies of deleterious alleles in the base population are in

heterozygotes. Inbreeding increases the frequency of homozygotes for deleterious alleles, so fitness is reduced. How can we explain the causes of heterosis? Give example.

The main cause of heterosis is dominance, the following example shows:

Loci	Breeds		
	1	2	3
1	AA	AA	aa
2	BB	BB	bb
3	CC	cc	cc
4	dd	dd	DD
5	ee	EE	EE

Assume value of each complete dominance at each locus = 4

Assume value of each recessive at each locus = 2

That to say that $A\_ = B\_ = C\_ = D\_ = E\_ = 4$ kg of milk

That to say that $aa = bb = cc = dd = ee = 2$ kg of milk

Then Purebred 1 = 12 from AABBCcdee

Purebred 2 = 12 from AABBccddEE

Purebred 3 = 8 from AABBccddEE

So crossing breed 1 and breed 2 gives:

Crossbreed (CB) between breed 1(PB1) and breed 2 (PB2):

PB1	PB2	CB

AA	AA	AA
BB	BB	BB
CC	cc	Cc
dd	dd	dd
ee	EE	Ee
12	12	16

Average of parental purebred = PB = 12

% Heterosis of crossbred resulted from PB1 and PB2

$$= [(16 - 12) \times 100] / 12 = 33.33 \%$$

While crossing breed 1 and breed 3 gives

PB1	PB3	CB
AA	aa	Aa
BB	bb	Bb
CC	cc	Cc
dd	DD	Dd
ee	EE	Ee
12	8	20

Average of parental purebred = PB = 10

% Heterosis of crossbred PB1 and PB3

$$= [(20 - 10) \times 100] / 10 = 100 \%$$

Conclusion? Alternatively, how to maximize heterosis?

Heterosis is usually higher for more genetic diverse breeds.

The Main Factors Limiting Rate of Inbreeding:

The rate of inbreeding in a population depends on effective population size. In practice, a sufficient number of males should be used in each generation. Inbreeding occurs more frequently in small populations. The reason is that in a small population there is a large chance for an individual to mate with a related individual. Inbreeding therefore depends on population size. If males have a lot more offspring than females, we only need a few males to breed the next generation. Therefore, even if the actual population is reasonably large, there can be a high chance of mating a relative if only a very few males were sires of a current generation. Therefore, population size is measured by how many parents are used in each of the sexes. However, the number of males used is much smaller and in that case, the effective population size is mainly determined by the number of males used.

Effective population size: $N_e = (4N_m N_f) / (N_m + N_f)$

Where N_m and N_f are the number of males and females used as parents in each generation.

This formula gives much more weight to the lesser represented sex. Note that if $N_m = N_f$ then $N_e = N_m + N_f$ as you might expect.

Example:

Nr males per generation	2	2	5	20
Nr females per generation	2	200	200	200
Effective Population Size (N_e)	4	7.9	19.5	72.7

The average inbreeding co-efficient at generation t (F_t):

$$F_t = 1 - \{1 - [1 / (2N_e)]\}^t$$

and the relative increase of inbreeding in each generation, is the
Rate of Inbreeding: $= 1 / (2N_e)$

Inbreeding at first generation (F1) when $N_e = 19.5 =$

$$\begin{aligned} &= 1 - \{1 - [1 / (2N_e)]\}^1 \\ &= 1 - \{1 - [1 / (2 \times 19.5)]\}^1 \\ &= 1 - \{1 - [1 / 39]\}^1 = \\ &= 1 - \{1 - [0.0257]\}^1 = \\ &= 1 - \{.974\}^1 = 0.026 \end{aligned}$$

Inbreeding at second generation (F2) when $N_e = 19.5 =$

$$\begin{aligned} &1 - \{1 - [1 / (2N_e)]\}^2 = \\ &= 1 - \{1 - [1 / (2 \times 19.5)]\}^2 = \\ &= 1 - \{1 - [1 / 39]\}^2 = \\ &= 1 - \{1 - [0.0257]\}^2 = \\ &= 1 - \{.974\}^2 = \\ &= 1 - 0.9487 = 0.0513 \end{aligned}$$

Note that it is assumed here that all males are unrelated to each other. If the males used in a nucleus population (or village herd) are related to each other, effectively the population size is smaller.

References

- 1-Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. and Walter, P. (2014). *Molecular Biology of the Cell* (6th ed.). Garland. p. Chapter DNA, Chromosomes and Genomes. ISBN 978-0-8153-4432-2.
- 2- Al-Rawi, A. A., and S. M. Farhan. 1990. Experimental results of crossing Karadi, Herford and Charolais. 4th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production. 23-27 July. Edinburgh.
- 3-Al-Rwai A. A. and S. I. Said. 1980. Some genetic and non-genetic factors associated with milk yield of Friesian, indigenous and their crosses in Iraq. *Mesopotamia J. Agric.* 15(2):21-31.
- 4-Al-Rawi A. A. and M. H. Al-Salman. 1996. Responses of Awassi and Assaf sheep and their crosses to high temperatures. *IPA J. of Agric. Res.* 6 (1): 47-59.
- 5- Al-Dabbagh, F.A., K.H.Juma and A.A.Al-Rawi.2001. Estimation of breeding values of Iraqi Friesian cattle for milk production using animal model. *Tikrit J.of Agric. Sc.* 1(7):116-125.
- 6-Al-Rawi A. A. 1995. Genetic analysis of crossing local Awassi to Assaf and Turkish Awassi. *Symposium on Integrated Crop/Livestock in Dry Areas of West Asia and North Africa.* 6-8 Nov. Amman.
- 7-Al-Doori, M. K.,A.A.Al-Rawi and J.E.Al-Kass. 2002. Efeect of crossing of local goat with Damascus or Sannen on the average daily gain and carcass traits. *IPA J. Agric. Res.* 12(1):65-77.
- 8-Al-Rubeii, A. M., H.N.Hermiz, T. A. Al-Rawi and A.A.Al-Rawi. 1999.Carcass characteristics of Awassi and its crossbred progenies of Assaf, D'man and Hamdani. *Iraqi J. of Agric.* 4(6):18-25.
- 2-Gerrard, Gene (January 7, 2019). "What Are the Main Types of Chicken?". *The Spruce Eats*. Retrieved June 16, 2020.
- 9-Hussein, T. H., A. A. Al-Rawi, H. A. Majeed and N. Z. Naeom. 1991. Effect of diallel cross among different line of grand parent on performance of broiler hybrid s. *IPA J. of Agric. Res.* 1 : 151-161.
- 10-Mohammed, A.H., A.K. Al-Ethari, A.A.Al-Rawi and K.H.Shideed. 1997. Development of backyard hybrid chicken. *Arab Orga. J. of Agric.* 3(1):94-150.
- 11- National Chicken Council. Retrieved November 10, 2014. Broiler chicken key facts

Chapter 11 الفصل الحادي عشر

Breeding Goals اهداف تربية وتحسين الحيوان

خلفية

تعاني معظم دول العالم الثالث من نقص في انتاج اللحوم و الحليب والبيض اذ ان الناتج المحلي لا يتناسب مع احتياجات الفرد و كذلك لا يتناسب مع الزيادة السكانية المتوقعة، و يتضح ذلك من خلال الزيادة المضطردة في استيراد هذه المنتجات الحيوانية الذي يكلف الموازنة العامة لهذه الدول مبالغ كبيرة من العملة الصعبة ، في حين تمتلك العديد من هذه الدول ثروة حيوانية عديدة ولكن كفاءتها الانتاجية ضعيفة جدا. على الرغم من ان معظم الدول النامية أولت اهتماما بقطاع الثروة الحيوانية كالاهتمام بالتحصين ضد الامراض الوبائية و الاهتمام بتحسين السلالات من اجل تحقيق اكتفاء ذاتي من المنتجات الحيوانية ، ولكن يتضح ان هذا الاهتمام لم يكن بمستوى الطموح وبخاصة على مستوى الاستثمار الكبير وصغار المربين.

يزخر العراق بأعداد جيدة من الثروة الحيوانية تصل الى 1.6 مليون راس من الابقار و 10 مليون راس من الابقار و 1.5 مليون راس من الماعز و 80 ألف راس من الجاموس . الا انه ومع تزايد معدلات النمو السكاني التي تتجاوز 3% سنويا فان هذه الاعداد تحت نظم التربية التقليدية السائدة لم تعد قادرة على تلبية الاحتياجات بسبب انخفاض الانتاجية لهذه الثروة ونتيجة العجز في المصادر العلفية الناتج من تدهور المراعي ومحدودية انتاج الاعلاف الخضراء بسبب منافسة الحبوب خاصة خلال العقد الأخير اذ أصبحت الزراعة عاملا طاردا للحيوان بدلا من أن تكون عاملا مشجعا لتربيته واستقراره وتنميته . ان ادخال نظم حديثة في الزراعة العراقية لتكامل الانتاج النباتي والحيواني من خلال الدورات الزراعية أو تعاقب زراعة المحاصيل البقولية العلفية مع الحبوب اصبح من المهمات الرئيسة للمحافظة على خصوبة التربة ورفع انتاجيتها وزيادة كفاءة استغلالها وبالتالي زيادة في انتاج الماشية. تتصف الأبقار بانخفاض إنتاجيتها من الحليب واللحوم إذ لا يتجاوز إنتاج البقرة المحلية من الحليب 1200 كغم في الموسم ومن اللحوم لا يتجاوز 80 كغم في السنة ، في حين يصل إنتاج البقرة الفريزيان نحو 4000 كغم والهولشتاين نحو 5000 كغم والهجينة نحو 3000 كغم. إن من أسباب تدني الإنتاجية هو عدم مواءمة التراكيب الوراثية للظروف البيئية وإن نصيب الفرد من الإنتاج المحلي للحليب واللحوم دون الموصى به من قبل منظمة الصحة العالمية . لقد أشارت نتائج الدراسات أنه لم يتحقق أي تحسين وراثي في إنتاج الحليب لماشية الفريزيان أو الهولشتاين بسبب عدم وجود برنامج للتقويم الوراثي

للحيوانات وانتخاب الحيوانات المتميزة وراثياً تحت الظروف البيئية المحلية ليسند ويدعم برنامج التلقيح الاصطناعي المنفذ منذ بداية السبعينات.

تعتبر الاغذية الحيوانية مصادر غنية بالفيتامينات والاملاح المعدنية والبروتينات ذات النوعية الجيدة التي تجهز الجسم بالحوامض الامينية الاساسية التي لا يمكن لجسم الانسان من تصنيعها ولا بد من توفرها في الغذاء للحصول على النمو الطبيعي وبناء اجسام قوية وصحية ذات حيوية وقابلية على الذكاء والابداع ومقاومة الامراض. ان الاحتياجات البايولوجية للفرد وحسب توصيات منظمة الصحة العالمية هي 120 كغم حليب و18 كغم لحوم حمراء وبيضاء و 120 بيضة و7 كغم سمك للفرد سنوياً ولا بد من ذكر ان ما يتم توفيره للفرد من الانتاج المحلي لا يتجاوز 35% من الاحتياج لأي من المنتجات الحيوانية المذكورة أعلاه. واذا ما تم استعراض قائمة معوقات الثروة الحيوانية فستكون عديدة منها المعوقات الطبيعية (قلة الاعلاف والظروف البيئية القاسية والامراض) والتكنولوجية (نظم التربية التقليدية وضعف الارشاد الحيواني وقلة الابحاث التطبيقية) والبشرية ومنها ما لها علاقة ببرامج التنمية والسياسات الزراعية والسعرية والهيكلية والحيازات الزراعية والتي لا بد من ايجاد الحلول الناجحة التطبيقية للإستئثار بها في تحديد مشروعات تنموية ذات اهداف واضحة لها مبررات وآلية تنفيذ وجدوى فنية واقتصادية ولا بد من تحقيق الاكتفاء الذاتي وجعل قيمة انتاجنا وخدماتنا مقاربة لموارد النفط. جدير بالذكر ان انتاج العراق من الحليب يقدر بنحو مليون طن ومن اللحوم الحمراء 80 الف طن ومن اللحوم البيضاء 110 الف طن و1.5 مليار بيضة سنوياً. ان نتائج برنامج التحسين الوراثي لن ولم تتحقق بدون تكامل بقية حلقات منظومة الكفاءة الانتاجية للحيوانات ، خاصة تحسين الظروف البيئية والتغذية والادارية وغيرها. ويدل الشكل 11-1 نظرية اعمدة البرميل ، اذ ان قصر ارتفاع اي عمود او لوح في البرميل يؤثر على كمية محتوى البرميل. لذلك لا يمكن مناقشة تحقيق اهداف التحسين الوراثي بدون تحسين جميع مكونات منظومة الكفاءة الانتاجية لضمان تحقيق نتائج ايجابية من برامج التحسين الوراثي. عليه لا بد من تكليف لجنة وطنية لمتابعة تنفيذ مشاريع تكامل الانتاج النباتي والحيواني في المناطق الديمة والمروية وصولاً الى زراعة 20% من الاراضي الزراعية البالغة 48 مليون دونم بالاعلاف البقولية وبالتنسيق مع الجهات ذات العلاقة في وزارة الزراعة لتطوير تقانات الري وتهيئة المستلزمات الخاصة بمكننة المشروع (الات الحش والتقطيع والكبس وعربات النقل) كما تكون اللجنة مسؤولة عن تنمية المراعي الطبيعية ، ومشاريع تطوير التلقيح الاصطناعي والرعاية التناسلية للابقار وصولاً الى تلقيح (0.5) مليون بقرة سنوياً. كما تكون مسؤولة عن مشاريع تسمين الخراف والعجول وتشجيع انشاء حقول ابقار

متوسطة وكبيرة الحيازة وتهيئة مستلزمات ذلك . اضافة الى انتاج كباش وعجول التربية لنشر العوامل الوراثية المتميزة على مستوى قطعان الاغنام والابقار وتكون مسؤولية اللجنة في اقتراح السياسات السعرية والتصدير والاستيراد الخاصة بالالبان واللحوم الحمراء ومنتجات الدواجن كذلك اقتراح الية تنفيذ التعليمات والقرارات الخاصة بحماية وتطوير وتحسين سلالات الثروة الحيوانية بما يضمن رفع كفاءة انتاجها.



الشكل 11-1. نظرية اعمدة البرميل ، اذ ان قصر ارتفاع اي عمود او لوح في البرميل يؤثر على كمية محتوى البرميل.

لذلك سوف يتم طرح ومناقشة عدد من المشاريع التنموية المقترحة لتنمية انتاج الماشية في العراق بما يضمن نجاح تحقيق اهداف التحسين الوراثي. ولا بد من رؤية متكاملة للنهوض بإنتاجية قطاع الثروة الحيوانية على المستوى الوطني من خلال تطبيق تقنيات التحسين الوراثي ورفع الكفاءة التناسلية بهدف زيادة الكفاءة الانتاجية و ربحية هذه الحيوانات لدي جميع المستثمرين وعن طريق خطة متكاملة تتلخص في اعتماد التعاون بين الجهات المعنية في الدولة متمثلة في وزارة الزراعة وتشكيلاتها و مؤسسات او جمعيات المجتمع المدني و القطاع الخاص في تنفيذ الرؤية والافاق المستقبلية للمحاور الاتية.

مقترحات تنمية وتحسين قطاع الماشية و الافاق المستقبلية المشاريع الرئيسية:

1. برنامج التحسين الوراثي للأبقار في العراق
تؤكد معظم برامج التحسين الوراثي على الصفات الاقتصادية ذات العائد المباشر كإنتاج الحليب واللحم والصفات الوظيفية Functional traits كالتركيب الجسمي Conformation ومعامل كفاءة التحويل الغذائي والنمو والخصوبة التي تسهم في خفض تكاليف الإنتاج وبالتالي زيادة إنتاج الحليب واللحم . خلال العقود الماضية تم مقارنة سلالات الأبقار اعتماداً على ما متوفر من بيانات في القطعان . كما انتشرت مراكز التلقيح الاصطناعي التي تعتبر أهم وسائل برامج التحسين الوراثي . إلا أن الخطوة الأهم لبرامج التحسين الوراثي وهو التقييم الدقيق للقدرات الوراثية (القيم التربوية) للحيوانات سواء الأبقار أو الطلائق (الثيران ، الذكور) لم تبدأ إلا حديثاً.
تم في العراق تقدير القدرات الوراثية للأبقار في عدد من المحطات المتوفرة لديها السجلات وهي قطيع الإسحاق (494 بقرة) وقطيع محطة كصيبة (375 بقرة) وقطيع محطة النصر (3316 بقرة) إضافة إلى عدد من الطلائق (122) بالاعتماد على النموذج الحيواني (AM) Animal model . إذ تم تقدير القدرات الوراثية التربوية Best Linear Breeding values من خلال إيجاد أفضل تنبؤ خطي غير منحاز Best Linear Unbiased Prediction (BLUP-EBV) لصفة إنتاج الحليب خلال 305 يوماً والتي أوضحت وجود تباين وراثي كبير بين الأبقار. على ضوء التقييم تم اختيار 20 عجل هولشتاين ناتجة من نخبة الأبقار (قمة القدرات الوراثية) . أدخلت العجول إلى محطة أبحاث العامرية لفحص أدائها . أشارت نتائج فحص الأداء إلى أن مدى معدل الزيادة الوزنية اليومية للعجول كان بين 0.873 إلى 1.476 كغم وتراوح كفاءة التحويل الغذائي بين 5.4 إلى 17.17 كغم مادة جافة \ كغم زيادة وزنية . بناءً على ذلك انتخبت 10 عجول متميزة في أدائها وتكوينها الجسمي ونقلت إلى مركز التلقيح الاصطناعي \ أبي غريب لتقييم السائل المنوي واختبار نسلها (الشكل 11-2). قدر العائد الوراثي من برنامج التقييم الوراثي وانتخاب الذكور نحو 135.9 كغم. على ضوء نتائج الدراسة اقترح الترويج والولوج في مشروع وطني مهمته استلام البيانات من عدد من المحطات الكبرى لمعالجتها وتحليلها إحصائياً ووراثياً على أن يتم تبادل السائل المنوي المجمد لنخبة العجول المرشحة لاختبار نسلها والثيران المشهود بكفاءتها (Proved) لتعظيم (Maximize) العائد الوراثي (Genetic gain) والمنحى الوراثي (Genetic trend) على عموم قطعان الأبقار الهولشتاين والفريزيان والمحلية. بدأت الخطوات العملية للبدء في برنامج تحسين وراثي بتسجيل وجمع البيانات ومعالجتها

إحصائياً لتقييم الحيوانات وراثياً . فقد قام عدد من الباحثين بتقويم الأبقار والثيران الهولشتاين والفريزيان في عدد من محطات تربية الأبقار والتي تعتبر ثروات ومصادر وراثية متأقلمة ومتميزة في الأداء العالي تحت الظروف المحلية. ان انشاء قاعدة بيانات دقيقة للحيوانات ، لوضع الخطط المستقبلية و ثم اصدار القرارات الصحيحة امر مهم في برامج التحسين الوراثي. إن الأساس الذي يستند عليه برنامج التحسين الوراثي هو معرفة القدرات الوراثية (القيم التربوية) للأفراد للصفة التي يجري تحسينها بحيث يمكن تشخيص الحيوانات ذات التراكيب الوراثية المرغوبة واستثمارها بصورة أمثل للوصول إلى أقصى عائد وراثي وعلى ضوء ذلك فإن هدف البحث الحالي هو استعراض لأهم نتائج التقويم الوراثي للطلائق والأبقار لإنتاج الحليب في العراق واستعراض برنامج غربلة العجول الصغيرة من الأبقار النخبة (Elite cows) لفحص أدائها وتحديد الأفضل منها لاختبار نسلها بالاعتماد على الإمكانيات المحلية. وعلى ضوء ذلك اقترح مشروع عربي خاص بتقييم أبقار وطلائق الهولشتاين – فريزيان في عدد من الأقطار العربية وتحديد نخبة الأبقار (600 بقرة) يتم تسجيلها (Registration) من قبل المشروع ويتم انتخاب عجول هذه الأبقار لفحص أدائها وانتخاب أفضل 30% منها عند عمر سنة لاختبار نسلها وتبادل السائل المنوي المجمد لهذه العجول والثيران المختبرة (Proved sires) بين مراكز التلقيح الإصطناعي في الأقطار العربية لتسفيد نخبة الأبقار (تزاوج الأفضل بالأفضل ، Elite mating) للاستمرار بالحصول على العجول الناتجة من تزاوج نخبة الأبقار مع نخبة العجول لتعظيم العائد الوراثي لإنتاج الحليب . جدير بالكر ان الاستجابة الوراثية لبرنامج التحسين الوراثي للأبقار ستكون من خلال اربع مسارات / ممرات Genetic Merit in the 4-Pathways Structure معتمدة على شدة الانتخاب ومدى الجيل و دقة الانتخاب وهي كما يلي:

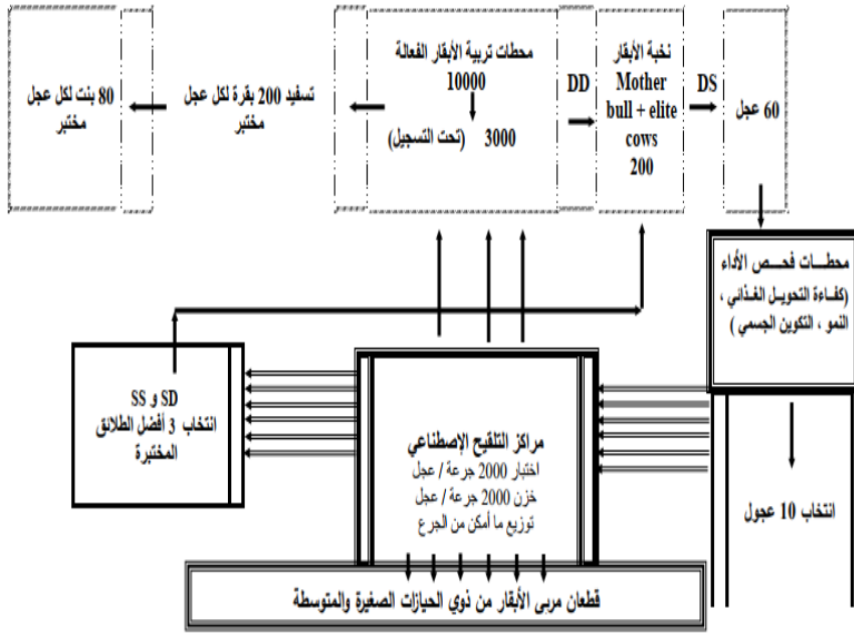
Sire-son path (SS)

Sire-daughter path (SD)

Dam-daughter path (DD)

Dam-son path (DS)

وكما موضحة بالمخطط في الشكل 11-2.



الشكل 11-2. مخطط لبرنامج تحسين الأبقار

وكمثال تطبيقي ، نفرض وجود 10000 بقرة لتلقيحها، وان معدل بقاء البقرة في القطيع 4 مواسم انتاجية ، ويتم استبدال 25 - 30 % (انتخاب 70% من ابقار القطيع) لذلك فان شدة الانتخاب (ممر DD) ستكون 0.498. وسوف نحتاج إلى 10 ثيران للتربية (Breeding bulls) ، على اعتبار عدد التلقيحات لكل ثور تربية هو 1000. من أجل إنتاج / الحصول على ثيران التربية ، قد نحتاج لغرلة 60 ثورًا صغيرًا (Young bulls) اعتمادا على سجلات الامهات ، ووفقًا لفحص الاداء (Performance test) (معدل النمو Growth rate وكفاءة التحويل الغذائي (Feed efficiency) وفحص السائل المنوي Semen profile والتكوين الجسمي (Body conformation)). وبعد غرلة العجول وفحص اداءها سيتم اختبار النسل Progeny tested لعدد ثلاثين عجل صغير (التي تميزت بفحص الاداء) ، باستخدام الأبقار تحت التسجيل. ويفضل ان يمون عدد الأبقار قيد التسجيل 3000 بقرة على الاقل. وعلى ضوء اختبار النسل سيتم انتخاب 10 ثيران (Breeding bulls) لاستعمالها في برنامج التلقيح الاصطناعي على النطاق الواسع. لذلك النسبة المحددة في مسار/ ممر SD هي انتخاب 10 ثيران من 30 وتكون بذلك شدة الانتخاب 1.15 (SD path). عند اختيار 30 ثورًا صغيرًا لاختبار

النسل ، نحتاج إلى ما لا يقل عن 100 ولادة ، (للحصول على ما لا يقل عن 30 من الذرية الإناث لإكمال موسم الحلب الأول لتقييم الآباء ، الثيران المختبره). كما يجب ان نخطط أيضًا لـ 200 بقرة نخبة من اصل 3000 بقرة تحت التسجيل لتزاوج المتفوقين Elite mating من نخبة الذكور والإناث. وستكون النسبة المحددة في مسار (DS 200) من 3000 بقرة = 6.67% وبشدة انتخاب (1.8). وحيث أن هناك 10000 بقرة متاحة في المجتمع او القطعان ضمن المشروع ، وافترض أن 30 في المائة من الأبقار قيد التسجيل ومناسبة لاختبار النسل (أي 3000 بقرة). اذ تم اختيار 3000 من أصل 10000 بناءً على معايير إنتاج الحليب (= 30 بالمائة). وقد يكون عددًا 3 ثيران مختارة لتزاوج النخبة مناسبًا Breeding sires selected for elite mating. لذلك ستكون النسبة المحددة لمسار SS 33.3 % (3 ثيران من 10) لذلك شدة الاختيار المختارة في مسار SS = 1.15.

اما بالنسبة لدقة الانتخاب، يعتمد انتخاب الذكور على اختبار النسل و عدد النسل الذي تم اختبارها لكل ثور صغير Number of progeny tested per young bull وعلى العدد الإجمالي للثيران التي يتم اختبارها وعدد الأبقار المتاحة للتزاوج الاختباري Test mating فقط 30 في المائة من الأبقار التي تستخدم في اختبار التزاوج ، أي 3000 بقرة. هذا يعطي 100 مولود من النسل لكل ثور تحت الاختبار ، وان 30 فقط من هؤلاء سيكونون من الأبقار التي تكمل الموسم الأول للحليب. لذا ستكون دقة اختيار الذكور =

$$\{0.5 h n / (1 + (n - 1) 0.25 h^2)\}$$

حيث ان h تساوي الجذر التربيعي للمكافئ الوراثي 0.25

$$0.82 = 0.5 \times 0.5 \times 30 / (1 + 29) 0.25 \times 0.25 \}$$

ودقة الانتخاب للإناث (بناءً على الأداء Own performance) = الجذر التربيعي للمكافئ الوراثي = 0.5. نفترض أن متوسط مدى الجيل للأبقار هو 4.5 سنوات، ونفس الشيء بالنسبة لأبقار النخبة. وبما انه يتم انتخاب الثيران بعد اختبار النسل وسيكون متوسط عمرها 6.5 سنوات عندما تكون نسلها من الإناث قد أنتجت أول سجل لانتاج الحليب. وعلى ضوء هذه المعطيات ستكون المساهمة الوراثية ومكوناتها لكل من مسارات الانتخاب الأربعة في برنامج تربية الأبقار الحلوب:

The genetic contribution and its components for each of the four selection paths in this dairy cattle breeding program? Sel. path Sel

prop.	Int of sel.	Gen int.	Sel acc	Contrib.	to gen gain	SS	3/30 = 33.3%
1.15	6.5	0.82	14.51	= 26.6%			
DS	200/3000 = 7.7%	1.8	4.5	0.50	20.0	= 36.65	
SD	10/30 = 33.3%	1.15	6.5	0.82	14.51	= 26.60	
DD	70%	0.498	4.5	0.50	5.54	= 10.16	

تطوير برنامج التلقيح الاصطناعي

التحسين الوراثي المستمر للسلاسل المحلية من الابقار، من خلال استخدام السائل المنوي في تلقيح اعلی نسبة من الابقار المحلية من اجل سرعة التحسين الوراثي. ومن اختيار طلائق هولشتاين - فريزيان محلية ذات صفات وراثية ممتازة و كذلك البدء بتقنية اختبار النسل. يهدف التحسين الوراثي للسلاسل المحلية الي انتاج هجن ذات صفات وراثية مرغوبة من حيث انتاج اللحوم والحليب وتحمل الحرارة و الامراض المختلفة. كذلك الاستعانة بالاطباء البيطريين العاملين في مجال الرعاية التناسلية والتلقيح الاصطناعي بالقطاع الخاص و كذلك بالاطباء البيطريين حديثي التخرج و ذلك لزيادة عدد نقاط التلقيح الاصطناعي علي مستوى الوطني حسب الكثافة الحيوانية لكل محافظة مع التدريب المستمر لهم علي الرعاية التناسلية و التلقيح الاصطناعي و كذلك تسجيل البيانات بدقة و تسلمها الي الجهات البيطرية.

وصف المشروع : دعم وتطوير البرنامج الحالي للتلقيح الاصطناعي لرفع كميات القصبات المستعملة من السائل المنوي لتلقيح (500) الف بقرة اذ يعتبر التلقيح الاصطناعي من اهم التقنيات التي اعتمدت لتحسين التراكيب الوراثية للحيوانات ورفع انتاجيتها من الحليب واللحوم .

آلية التنفيذ : تحويل قسم التلقيح الاصطناعي الي شركة مختلطة يمثل في مجلس ادارتها الجهات ذات العلاقة (وزارة الزراعة ، التعليم العالي ، الصناعة ، العلوم والتكنولوجيا وجمعية مربي الابقار) لتعزيز انشاء مراكز فعالة في مجال التلقيح الاصطناعي في محافظات العراق كافة .

النتائج المتوقعة : توفير مليون قصبة في سنة الهدف لتدريج نسبة عالية من الابقار المحلية وتضريب الابقار المضربة (فريزيان x محلي) بسائل المنوي هولشتاين عراقي لرفع انتاجية الحليب.

انشاء مزارع لانتاج الحليب واللحوم

ان 95 % من انتاج الحليب ونسبة 55% من انتاج اللحوم في العراق ياتي من الابقار ويعتمد على ذوي الحيازات الصغيرة وهذا الناتج معتمدا على تربية الابقار بشكل هامشي على بقايا ومخلفات المحاصيل الزراعية في معظم الاحيان ومنها (التبن - الادغال - القصب والبردي... الخ) اضافة الى زراعة محدودة من المحاصيل العلفية كالجوت والبرسيم والمخاليط العلفية ونادرا ما يقدم المربون الاعلاف المركزة لحيواناتهم معتمدين بالدرجة الاولى على تقديم مادة النخالة .

ان استمرار هذه الابقار على انتاج الحليب واللحوم بالرغم من تدني المستوى الغذائي المقدم لها يشير الى امتلاك هذه الابقار طاقة وراثية كامنة خاصة بهذه الصفة وان اظهار هذه الطاقة يتطلب من مربي هذه الابقار تحسين ادارتها وتغذيتها بالمستوى الذي يتناسب وزيادة انتاجها الحالي الى المستوى الملموس لدى المربي الذي ينعكس على زيادة توفير هذه المادة للمواطنين . الهدف هو انشاء مزارع بسعات مختلفة الحجم تضم 15-25 بقرة للمزارع الصغيرة ووحدات انتاجية بسعة 50 بقرة للمشاريع المتوسطة وبسعة 1000 بقرة في مشاريع الانتاج المكثف وبإشراف مختصين بهدف زيادة الكفاءة الانتاجية للابقار بشكل عمودي للرأس الواحد. الاشراف المباشر من الناحية الصحية والفنية لهذه المزارع من قبل وزارة الزراعة. كما يجب ربط هذه المزارع بشكل مباشر بمشروع لتحسين الماشية وراثيا الذي ينظم تسجيل انتاج واداء هذه الابقار ومن ثم تقييم وانتخاب الافضل. وبهذه الطريقة يمكن رفع القدرة الانتاجية للرأس الواحد وتحسين نوعية الانتاج.

رفع الكفاءة التناسلية للاناث / تحسين الاداء التناسلي والانتاجي للابقار والجاموس:

يعتبر الفحص الدوري و التقييم المستمر لكفاءة الجهاز التناسلي في حيوانات الحليب (حبذا تتوفر اجهزة الفحص بالموجات فوق الصوتية) و الذي تقوم بها الجهات المعنية من اهم عوامل رفع الكفاءة التناسلية لهذه الحيوانات عن طريق زيادة عدد الولادات (بمعدل ولادة عجل سليم كل 12 – 13 شهر) و الذي يؤدي بدوره الى زيادة كبيره في انتاج الحليب و اللحم علي مستوى المزارع الكبرى و كذلك المربي في الحيازات الصغيره و من ثم زيادة العائد الاقتصادي علي مستوي الوطني. و قد اثبتت الابحاث العلمية ان جميع البرامج التناسلية لا تحقق النجاح المرجو منها ما لم تتوافر لها وسيلة سهلة و دقيقة و سريعة لتشخيص الحمل في وقت مبكر بعد التلقيح و هو ما يتوفر في تقنية الفحص بالموجات فوق الصوتية و الذي يتم عند عمر 23 – 25 يوم بعد التلقيح و بنسبة دقة تصل الي 99% ، مما يؤدي الي المحافظة علي اعلي معدل للحمل لكل حيوان و الذي يؤدي بدوره الي تقليل الخسائر المادية. ان تحسين الاداء التناسلي

والانتاجي للابقار والجاموس حيث تعاني الابقار والجاموس من مشاكل تناسلية وزيادة نسبة الهلاكات في المواليد مما يؤدي ذلك الى انخفاض في نسبة الاخصاب اضافة الى زيادة نسبة الهلاكات في المواليد الرضيعة وبالنتيجة النهائية انخفاض في عدد من الحيوانات التي تصل الى عمر الفطام والبلوغ واسباب ذلك عدم الاهتمام بالرعاية التناسلية والاصابة ببعض الامراض التناسلية او لخلل في نظام الهرمونات اضافة الى اصابة المواليد الحديثة لبعض الامراض المتوطنة في العراق وعدم فاعلية الادوية المستوردة لمعالجة الامراض (الالتهابات التنفسية ، الامراض المعوية ... الخ) . وان التغذية لها دور كبير في تقاوم هذه المشكلة وان حلها سوف يؤدي الى زيادة الانتاج بنسبة 25 - 35% ، وتشمل خطوات العمل على:

1. مسح ميداني دقيق على الامراض والمشاكل التناسلية للابقار والجاموس وكذلك الامراض التي تصيب المواليد الرضيعة .
2. زيادة الاهتمام بمشروع التلقيح الاصطناعي بشقيه (التلقيح والرعاية التناسلية) ولا يمكن عزل أي منهما عن الآخر وذلك عن طريق :
3. انشاء مركز تدريب خاص بالتلقيح الاصطناعي والرعاية التناسلية للقيام بدورات تدريبية عملية ونظرية وتشمل التلقيح الاصطناعي والرعاية التناسلية والرعاية الصحية وادارة وتربية العجول وهذا يشمل كادر فني من خريجي كليات الزراعة والطب البيطري والمعاهد والاعداديات الزراعية ومنحهم شهادة خاصة بذلك .
4. وضع برنامج خاص بادارة الحيوانات ورعايتها الصحية .
- أ. التلقيحات ضد الامراض الوبائية .
- ب. ادارة ورعاية الحيوانات تغذويا وصحيا .
5. استيراد الادوية واللقاحات الاكثر فاعلية من المتداول حاليا .
6. انتاج الادوية واللقاحات بما يلائم العتر التي تصيب الحيوانات العراقية من مسببات المرضية .

نقل و زراعة الاجنة

تعتبر تقنية نقل و زراعة الاجنة من اسرع طرق التحسين الوراثي في الحيوان حيث انها تعتمد على انتخاب افضل الذكور (ذات قيمة تربوية عالية لعدد من الصفات الانتاجية) وافضل الاناث (ذات قيمة تربوية عالية لعدد من الصفات الانتاجية والتناسلية) ، مما يسرع التحسين الوراثي و ذلك بالمقارنة بالتلقيح الاصطناعي الي يعتمد على انتخاب افضل الذكور فقط (دون انتخاب الاناث). اذ

تهدف هذه التقنية الى انتاج اجنة مخصبة خارج الرحم يتم تجميع عدد قد يصل الى 35 بويضة و اخصابها والتي يمكن ان يتم حفظ الاجنة بها الي زيادة اعداد الاجنة الجيدة و التي يمكن تخزينها لفترات زمنية طويلة قبل نقلها الي الابقار المستقبلية . ولا بد من الاشارة الى ان هذه التقنية اصبحت تطبق على نطاق واسع و تجاري في العديد من دول العالم.

انتاج كباش الكراي والعواسي

يتم غربلة قطعان مربى الاغنام المتميزة في صفاتها الانتاجية المتأقلمة للظروف المحلية لاختيار ذكور تربية لتحسين التراكيب الوراثية لقطعان الاغنام . يتم تحديد قطعان مربى اغنام متميزة في صفاتها الجيدة (حليب ، نمو ، صوف) لاختيار اعداد من الخراف تربى لدى جهات رسمية او شركات مختلطة للوصول بها الى عمر 1.5 سنة ومن ثم بيع 80% للتربية على ان يصل عدد الكباش المنتجة سنويا بعدد لا تقل عن 100 الف كبش توزع على المربين حسب اسعار السوق. ان العمل على اختيار عدد من الحملان لفحص ادائها (نمو ، وكفاءة تحويل غذائي) من امهات متميزة وراثيا لصفة انتاج الحليب . وصف المشروع: تقع برامج التربية في القطيع المفتوح ذات الهيكل الهرمي pyramidal structure المسيطر بشكل كامل. اذ يمتلك عدد محدود من المربين أو الجمعيات التخصصية او شركة لها القطعان التي تكون عادة مفتوحة open nucleus ، يستخدم هذا الجزء لاختيار الذكور وامهات الذكور للجيل القادم

The dams of the sires for the next generation Select the sires and to select generation

منذ بداية الستينات بدأت وزارة الزراعة بتكوين قطعان نواة للأغنام العواسي تهدف إلى رفع الكفاءة الإنتاجية لقطعان مربى الأغنام كما تأسس مشروع لتحسين الأغنام العواسية منتصف عام 1990 كأحد نشاطات مركز إباء للأبحاث الزراعية . إذ تم تكوين قطيع نواة تطبق فيه طرق التحسين الوراثي والتناسلي والتغذوي. يهدف الى توزيع كباش محسنة للمربين لنشر العوامل الوراثية المرغوبة في زيادة إنتاج الحليب وسرعة النمو والكفاءة التناسلية في قطعانهم . ولقد ازداد الطلب على شراء الكباش المحسنة من قبل المربين بحيث لم يعد بالإمكان تلبية احتياجات المربين. اعتاد مربو الأغنام في العراق اختيار كباش التربية من ضمن قطعانهم وتبقى الكباش في القطيع لمدة قد تتجاوز 5 سنوات وقد يكون لهاتين الظاهرتين تأثيرات سلبية في الأداء التناسلي والإنتاجي. على ضوء ذلك تم التفكير الجدي لزيادة أعداد الكباش المحسنة وذلك من خلال الاستفادة من المواليد الذكور الناتجة من الكباش المحسنة الموزعة من القطعان النواة والمتواجدة في قطعان الإكثار (قطعان المربين من ذوي الحيازات المتوسطة

وهي قطعان تجارية) التي سبق إن تم تجهيزها بالكباش المحسنة. إذ أبدى المربون رغبة في اقتناء الكباش المحسنة مما شجع على الاستمرار في غربلة القطعان من قطعان الاكثار والترويج لهذا المشروع. على ضوء ذلك تم تقييم فني لمشروع غربلة المواليد الذكور من عدد من قطعان مربى الاغنام الناتجة من الأمهات ذات القدرات الوراثية العالية لصفة إنتاج الحليب اعتماداً على فحص ادائها قبل اطلاقها للتربية بهدف نشر العوامل الوراثية المتميزة على قطعان المربين . استعمل في تقدير القيم التربوية وذلك لإيجاد أفضل تنبؤ خطي غير منحاز Best Linear Unbiased Prediction (BLUP-EBV) . إذ عدت النعاج متغيرات عشوائية Random Variables و القطيع والموقع وعمر النعاج وموسم الولادة ونوع الولادة وجنس المولود متغيرات ثابتة لإزالة اثرها لإعطاء أعلى دقة ممكنة لتقدير القدرات الوراثية (القيم التربوية). كما تم تصنيف النعاج وفقاً لقدراتها الوراثية إلى النخبة والمتميزة والمتفوقة. واستناداً إلى الموصفات الشكلية للمولود (طول الجسم والارتفاع عند الكتف وعرض الصدر والقطن واستقامة الأرجل الأمامية وتباعد الأرجل الخلفية) إضافة إلى نعومة الصوف وعدم احتواء الشعرور Kemp . تم ايواء الخراف لفحص أدائها الذي شمل دراسة نموها لغاية عمر 15 شهر (عمر التسويق للتربية). كما تم دراسة كفاءة التحويل الغذائي لعينة عشوائية مكونة من 3 خراف لكل قطيع عند عمر 12 شهر ولمدة 60 يوماً بشكل فردي حيث ادخلت اقفاص فردية ابعادها 2.25×1.25 م². وقدم لها عليقة مركزة بنسبة 2.75 % من وزن الجسم مع 100 غرام كمادة جافة من العلف الأخضر وتتكون العليقة من 44 % شعير و 35 % نخالة الحنطة و 15 % كسبة زهرة الشمس و 8 % بريمكس و 0.5 % ملح الطعام و 0.5 % حجر كلس وتحتوي على 11 ميكاجول / كغم وبروتين خام 14 % . تم اختيار عينة عشوائية من الخراف بعمر 12-13 شهر لدراسة خواص السائل المنوي. إذ دربت الخراف على عملية جمع السائل المنوي لفترة شهر باستخدام المهبل الاصطناعي وكان الجمع يتم مرتين في الأسبوع وفي كل مرة يتم جمع قذفة واحدة فقط من كل حيوان وباستخدام نعجة في حالة شبق نتيجة حقنها بجرعة 2.5 ملغم من الأسترايديول بنزويت (Estradiol benzoate) قبل 24 ساعة من عملية الجمع . تم قياس بعض الصفات الفيزيائية والكمية للسائل المنوي (حجم القذفة ، الحركة الجماعية والفردية ، تركيز الحيامن وعدد الحيامن في القذفة ونسبة الحيامن الحية والميتة والمشوهة). وقياس الأس الهيدروجيني للسائل المنوي أيضاً . كما تم تنفيذ نفس مشروع غربلة القطعان لتحسين الاغنام الكراي في اقليم كردستان وحقق نتائج ايجابية للمربين. ولكن مع الاسف لا توجد استمراريه لهذه المشاريع اذ انها تتوقف لاسباب فنية او مادية.

قيم BLUP	صنف النعاج	أمهات الذكور	أمهات الفطائم	% توزيع الإناث
←	النخبة	أمهات كباش القطيع	أمهات فطائم الإحلال	↑ % 10
	المتميّزة	أمهات كباش المربين		↓ % 10
		أمهات الذكور غير الصالحة للتربية		↑ % 30
المتفوقة	أمهات فطائم العزل		↓ % 20	
العزل			↑ % 30	
←				↓

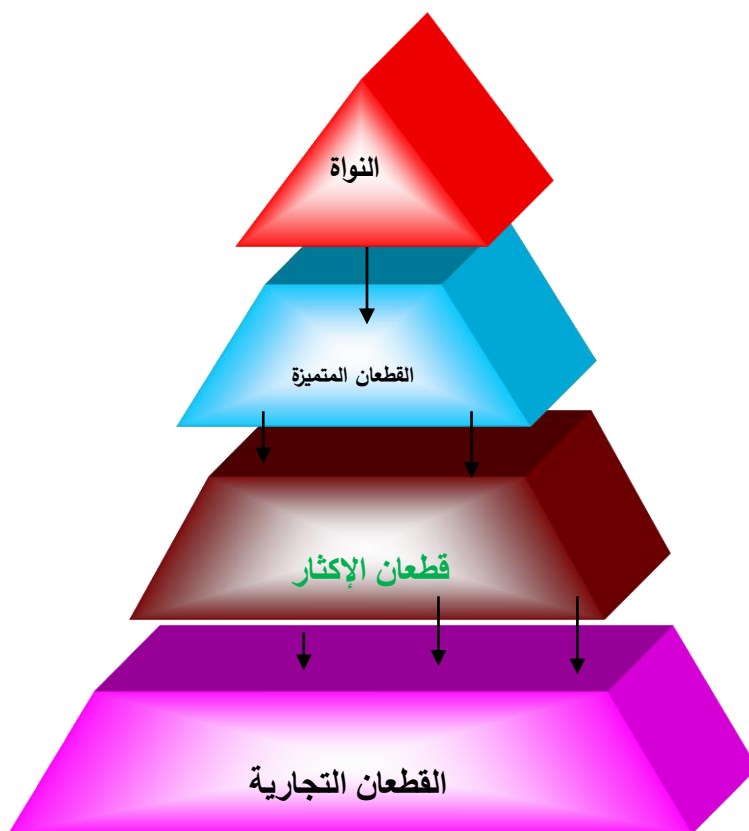
مخطط 11-3. توزيع قيم BLUP ونسب وتوزيع وتصنيف النعاج وراثياً

استنتج من هذا المشروع وجود تأثيرات لجميع العوامل المدروسة والمؤثرة في صفة إنتاج الحليب اليومي للفحوص الدورية مما يستوجب إزالة تأثيرها عند تقويم النعاج وراثياً للحصول على دقة عالية في التقويم وكذلك وجود زيادة في إنتاج الحليب للنعاج بعمر 2 سنة والذي قد يرجع إلى كونها الجيل الأول لبنات كباش محسنة مستلمة من مركز إباء للأبحاث الزراعية. يوصى بإجراء المزيد من الدراسات حول قطاع

المربين بغية إعطاء صورة كاملة عن هذه القطعان ونوصي المربين المتميزين إلى ضرورة الاستمرار باستخدام الكباش المحسنة لمواكبة التحسين الوراثي لقطعانهم. كما استنتج إن غربلة حملان عدد من القطعان التجارية المتميزة عند الفطام لصفات مرغوبة كإنتاج الحليب أو معدلات النمو أو التوائم أو نعومة الصوف مهم لإنتاج كباش بعمر 1.5-2 سنة متميزة توزع على بقية قطعان المربين إذ تسهم في تجنب تربية الأقارب التي يتبعها المربي باختياره كباش التربية من نفس قطيعه فضلاً عن تميز هذه الكباش لكفاءتها الإنتاجية والصحية والتناسلية. وإن الترويج والتشجيع للاستثمار في هذا المشروع سيسهم في إنماء تربية الأغنام على المستوى الوطني وربما الإقليمي إذ أن عرض كباش للتربية من قبل المشروع الاستثماري يشجع المربي على زيادة سرعة إحلال كباشه وعدم إبقائها لفترة طويلة مما يعظم من التحسين الوراثي السنوي.

بناءً على النتائج الإيجابية التي تم الحصول عليها والتي تتلخص بالآتي:

- 1- استبعاد تربية الأقارب التي تؤثر سلباً على الصفات الإنتاجية والتناسلية بشكل سلبي إذ اعتاد مربو الأغنام اختيار ذكور التربية في نفس قطعانهم مما يسبب ذلك زيادة في معامل تربية الأقارب جيلاً بعد جيل.
- 2- نشر عوامل وراثية جيدة لقطعان المربين ذات إنتاجية عالية من الحليب والنمو وكفاءة التحويل الغذائي إلى القطعان.
- 3- تشجيع المربين على سرعة استبدال الكباش وعدم إبقائها لفترة طويلة مما يزيد من كفاءة القطيع وتسريع العائد الوراثي وتقليل مدى الجيل للذكور.
4. الترويج لنشاط إنتاج كباش متميزة من قبل المربين المتميزين بما يخدم تربية الأغنام . وبما أن حاجة العراق من الكباش هي نحو 400 ألف كبش لتلقيح نحو 10 مليون نعجة وإذا كان بقاء الكبش في القطيع مدة لا تزيد عن 3 سنوات فهذا يعني إن قطعان أغنام القطر تحتاج إلى 130 ألف كبش سنوياً لاستبدال 30 % من الكباش سنوياً. يقترح المشروع إنشاء نظام تسجيل نعاك القطعان المتميزة لتأشير النعاك المسجلة (Registered) والتي يعتمد عليها في اختيار مواليدها الذكور كما يفضل تقسيم القطعان إلى طبقات هرمية بحيث يتم تزاوج قمة الذكور مع قمة الإناث (مخطط 11.4) ويتم نقل العوامل الوراثية من أعلى الهرم إلى أسفله وعلى أن تستبدل كباش قطعان القمة لمنع ازدياد معامل التربية الداخلية (كما يقترح إنشاء جمعية تخصصية لكافة القطعان المتميزة (جمعية تحسين الأغنام).



مخطط 11-4 . التوزيع الهرمي للقطعان لبرنامج التحسين الوراثي .

ثانياً: المشاريع الساندة لبرامج التحسين الوراثي

تكامل الانتاج الزراعي والحيواني في المناطق الديمة والمروية:

وصف المشروع : توعية المزارعين وتشجيعهم على زراعة نحو 20% من اراضيهم بالاعلاف الخضراء لاسيما البقولية (البرسيم ، الجت ، الكرط ، الهرطمان العلفي ، البيقيا) لغرض تحسين نوعية التربة واستغلال الحاصل من الاعلاف في تغذية الحيوانات التي تعتبر عنق الزجاجة في تطوير الثروة الحيوانية بسبب وجود عجز في الموازنة العلفية يقدر بنحو مليون طن من المادة الجافة . اذ يتطلب انتاج 4 مليون طن علف اخضر . وخلال 5 سنوات القادمة لابد ان يهدف المشروع الى زراعة مليون دونم في المناطق المروية والديمة على الاقل . آلية التنفيذ : يبدأ المشروع مع اعداد محدودة

من المزارعين في ادخال دورة زراعية تعتمد على زراعة الاعلاف في مشاريع تقنيات الري التكميلي وتعميم التجربة على أوسع نطاق.

النتائج المتوقعة : ان زراعة الاعلاف الخضراء ضمن دورة زراعية يؤدي الى تقليل كلفة انتاج الالبان واللحوم اضافة الى زيادة هاتين المادتين الاستراتيجيتين من خلال تقديم الاعلاف الخضراء سوف تسد احتياجات الحيوانات لحفظ الحياة .
تنمية المراعي:

وصف المشروع : تآثرت المراعي الطبيعية بسبب الرعي المباشر والجفاف خاصة في المناطق دون الحد 250 ملم نزولا . يقترح انشاء مزارع رعية تعتمد على مياه الابار لتنمية الاغنام والماعز والابل والعمل على استقرار المربين وتحسين اوضاعهم الاقتصادية وربط حيازة الثروة الحيوانية مع حيازات الاراضي . آلية التنفيذ: يقترح توزيع اراضي المراعي العائدة للدولة الى مربى الاغنام او المستثمرين على شكل ايجار لمدة طويلة (25) سنة اذا تم استغلالها وفق متطلبات استقرار مربى الاغنام في المناطق الجافة شريطة استثمار الارض من قبل المؤجر (حفر آبار ، بناء حضائر) توزع الاراضي وفق اعداد الحيوانات التي يمتلكها المربي بحيث لا تقل الوحدة الاستثمارية 250 دونم ولا تزيد 1000 دونم ويقترح عدد الاغنام للوحدة الاستثمارية بنحو 400 راس كما يقترح ان يكون عدد الوحدات الاستثمارية 2500 لتربية مليون راس من الاغنام يمكن مضاعفتها عند نجاح المرحلة الاولى .

تطوير علميات تسمين الخراف والعجول

وصف المشروع : تطوير علميات تسمين الخراف والعجول للوصول الى وزن لا يقل عن 40 كغم وزن حي للأغنام و350 كغم للعجول . حيث سيساهم المشروع في زيادة المعروض من اللحوم الحمراء . آلية تنفيذ المشروع : تشجيع المربين بتسويق اغنامهم باوزان اعلى من 40 كغم والعجول بوزن لا يقل عن 350 كغم بتقديم سعر دعم بحدود 20% من سعر اللحم في السوق باعتبار ان لحوم هذه الحيوانات هي لحوم درجة اولى وبالامكان قيام شركة مختلطة او خاصة يساهم فيها المربون بنسبة 49% من راس مالها على ان يسمح للشركة بتسويق 20% من اعداد الحيوانات المسمنة خارج العراق وفق آلية رسمية لمنع عمليات تسرب الحيوانات غير القانونية .
النتائج المتوقعة : بالامكان تسمين اعداد محدودة من الخراف والعجول خلال السنوات الاولى تزداد لتصل الى 2 مليون راس من الاغنام و250 الف راس من العجول.

حماية المنتجين في مجال الإنتاج الحيواني

ان المؤشر الانتاجي لاي مشروع يعتمد على الموازنة بين كلفة الانتاج والايراد المالي المتحقق من العملية الانتاجية فاذا زادت نفقات الانتاج عن الايراد المتحقق من العملية الانتاجية يعتبر خسارة للمنتج. لقد عانت الحيوانات المجترة لفترة طويلة من شحة المواد العلفية بصورة عامة اضافة الى قلة توفير الادوية وانخفاض فاعليتها مع ارتفاع اسعارها مما ادى الى عدم اهتمام المربي بهذه الثروة . ومن هذا المنطق واسهاما برفع الكفاءة الانتاجية لهذه الحيوانات واعادتها الى حالتها الطبيعية لتساهم في خدمة الفرد العراقي يقترح ما يلي :

- 1- تقديم الدعم للخدمات البيطرية من ادوية ولقاحات.
- 2-دعم المربين بمستلزمات انتاج الاعلاف الخضراء والمركزة .
- 3-دعم المربين ببعض المستلزمات الضرورية التي تساهم في رفع الكفاءة الانتاجية وتحسين النوعية (محلب ميكانيكي - معدات بسيطة لتصنيع منتجات الالبان ... الخ) حسب الكفاءة الانتاجية للمربي .
- 4-الموازنة بين كميات الحليب الخام المنتجة محليا مع كميات الحليب الجاف المستوردة بما يخدم المربي والمستهلك.

انشاء شركة تسويق وتوفير خدمات ومستلزمات الإنتاج الحيواني

ان المؤشر الانتاجي لاي مشروع يعتمد على الموازنة بين كلفة الانتاج والايراد المالي المتحقق من العملية الانتاجية فاذا زادت نفقات الانتاج عن الايراد المتحقق من العملية الانتاجية فان العملية الانتاجية تتوقف. ان توفير الخدمات لمربي الحيوان كالتلقيح الاصطناعي و فحص الحمل والاهتمام بالرعاية التناسلية وتسويق المدخلات والانتاج وتوفير الاعلاف الخشنة الجافة والمركزة ، قد تسهم في تقليل كلف الانتاج. كما ان توفير المستلزمات الضرورية التي تساهم في رفع الكفاءة الانتاجية للماشية وتحسين النوعية مثل المحالب الميكانيكية - معدات واجهزة تصنيع منتجات الالبان والمجازر وتقطيع وتصنيع اللحوم وثلاجات عرض المنتجات الحيوانية ومكائن انتاج الاعلاف وتصنيعها وعربات النقل وقد تكون هذه الشركة وسيلة لموازنة بين كميات الحليب الخام المنتجة محليا مع كميات الحليب الجاف المستوردة بما يخدم المربي والمستهلك.

إعادة النظر في التشريعات والقوانين الحالية

ان الموارد المحلية داخل البلد ومنها (الاغنام) يقوم بعض ضعاف النفوس بتفريدها خارج البلد للحصول على عوائد مالية كبيرة من جراء هذه العملية دون الاخذ بنظر الاعتبار وتأثيرها السلبي على اقتصاد البلد والذي ينعكس على الحالة الاجتماعية للفرد

العراقي مما يسبب ذلك ايضا انخفاض الانتاجية . كما وان ايضا الذبح الجائر من ذكور واناث الاغنام باعمار صغيرة حيث لا تتجاوز اوزانها 20 كغم وكذلك اناث الابقار بمختلف اعمارها له تاثير اقتصادي مما يؤثر على انخفاض اعداد الحيوانات وتقليل الجيل اللاحق خاصة عند ذبح الاناث الصغيرة خلافا للتشريع القانوني حيث يجب ان يكون ذبح الاناث المسنة او التي لا تصلح للتربية وذكور الاغنام التي لا يقل وزنها عن 35 كغم . ان القوانين والتشريعات اصبحت غير مؤثرة على مرتكبي عملية التهريب او الذبح الجائر للحيوانات وذلك لان عقوبات السجن او الغرامة لا تعادل الا نسبة ضئيلة مما يكسبه من اموال من جراء ممارسة هذه العملية . عليه يقترح اعادة النظر في بنود التشريعات والقوانين الخاصة بذلك وتشديد العقوبات والغرامات باعلى مايمكن وكما يلي :

- 1- تطبيق الحكم على مرتكبي جريمة التهريب . مصادرة المواد المهربة وتغريم ثمنها مايعادل قيمة المادة بالعملة الاجنبية في البلد المهرب اليها. كذلك اعادة النظر بالعقوبات الخاصة بمخالفات التهريب والذبح الجائر بالسجن والغرامة مع فرض عقوبة السجن .
- 2-زيادة حوافز ومكافئة صغار الموظفين المنفذين للتعليمات والقوانين الخاصة بالتهريب او أي جريمة اقتصادية اخرى مع تقليل الفجوة بين حوافز هؤلاء المنفذين ومسؤوليهم .
- 3-ايجاد تشريع بعدم التعامل مع او منع كل شخص يثبت عليه ممارسة هذه الجريمة او المخالفة لفترة زمنية وحسب اهميتها فيما يخص دوائر الدولة الخدمية منها والانتاجية وغرف التجارة والصناعية والنقابات والجمعيات.

إلقاء الضوء على القضايا الرئيسية في تربية الحيوان باللغة الإنكليزية التي تم التركيز عليها في النص العربي للفصل الحادي عشر.

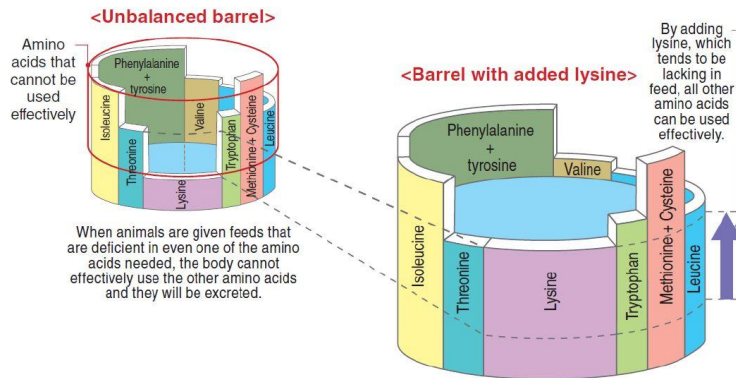
English Spotlight on Issues in Animal Breeding that Related to the Arabic Text Focused on Chapter 11.

Breeding objectives issues:

- Measurement of traits, which traits, which animals?
- Pedigree and DNA testing,
- Prediction of Breeding Value,
- Reproductive technology? AI. MOET, sexing,
- Predicting and comparing alternative strategies,

-Decision making: Mate Selection, Merit, Trait emphasis, Inbreeding.

Barrel theory with amino acids balance



Amino acids are essential nutrients for all animals. In particular, amino acids that cannot be synthesized within the body—known as essential amino acids—must be obtained through the diet. However, there are amino acids that tend to be deficient in conventional compound feeds such as corn, wheat and soybean meal given to livestock. Feed-use amino acids—represented by lysine, threonine, and tryptophan—are used to compensate for these deficiencies.

Progeny testing of pedigree-selected young bulls

Progeny testing of pedigree-selected young bulls through AI has been an efficient way of achieving genetic improvement in dairy cattle populations. Improvements of AI selection programs have resulted mainly from better genetic evaluation procedures and increases in number of young bulls sampled annually.

Typical Breeding Pyramid in Sheep industry include / Performance test

Performance test is a test for screened young male for their growth, feed efficiency, conformation score and semen quality to select 10 -20 % of the tested males for breeding purposes.

- Top: Nucleus flocks-genetic progress achieved in these Elite flocks. Supply elite young lambs to multiplier flocks.
- Middle: Multiplier flocks: supply young lambs to satisfy need for a large number of sheep in the commercial tier.

-Bottom: Commercial producers received young males from multipliers.

Screening superior young male lambs of 4 months of age from top (elite) flocks to raise them until 12 months of age to sell them as breeding rams after testing their performance (feed intake, conformation and weight gain). Young lambs will be selected on the basis of their growth rate, dam's milk yield, wool quality, vigor and type of birth. This program will disseminate desirable genes to commercial flocks and consequently increase productivity. A breeding program is the organized structure that is set up in order to realize the desired genetic improvement of the population. Successful genetic improvement requires breeding programs to have (at least) the following components:

- i) **A system to record data** on selection candidates. Without data on selection candidates it is impossible to identify the best individuals.
- ii) Methods and tools to estimate the genetic merit (**breeding value**) of selection candidates. This step is referred to as "breeding value estimation" or "genetic evaluation system".
- iii) **A system to select the animals** that become parents of the next generation, and mate them to produce the next generation.
- iv) **A structure to disseminate the genetic improvement** of the breeding program into the production population. In most cases, the breeding population and the production population are (partly) separated. Since the aim is to improve livestock production, genetic improvement created in the breeding population should be disseminated into the production population.

References

- 1-Al- Rawi, A.R., M.H. Al-Salman, W.A. Al-Azzawi and H.A. Al-Hadeethi. 1992. Sheep improvement in the Mashreq project in Iraq. Proceedings of the Mashreq workshop on Increased productivity of Barley, Pastures and Sheep in the Critical Rainfall Zones. 13-15 December, Amman.
- 2-Karim, G. M. (2011) "A survey study on sheep flock management in Sulaimani province", M.Sc. Thesis. Faculty of Agricultural Sciences, University of Sulaimani. Kurdistan, Iraq.
- 3-Karim, G. M. (2012) "Focus on sheep flocks management in Sulaimani" (Iraq). The 2nd IFOAM Animal Husbandry Conference. September 12-14, 2012, Hamburg, Germany .
- 4- الأنباري ، نصر نوري خضير . 2003 . التقويم الوراثي للإصابة بالتهاب الضرع في ماشية الهولشتاين . أطروحة دكتوراه . كلية الزراعة – جامعة بغداد .
- 5- التميمي ، علي نصر عباس . 2003 . التقويم الوراثي لثيران الهولشتاين – فريزيان في مركز التلقيح الإصطناعي / أبي غريب . رسالة ماجستير . كلية الزراعة – جامعة بغداد .
- 6- الدباغ ، فواز عبد الوهاب توفيق . 2000 . التقويم الوراثي لأبقار الفريزيان في بعض المحطات الكبرى في وسط العراق. أطروحة دكتوراه . كلية الزراعة – جامعة بغداد .
- 7- أسوفي ، منذر كوركيس و طاهر عبد اللطيف شجاع وحمزة عبد السلام المعموري و ابتهاج قاسم مصطفى العزاوي و عبد الرزاق عبد الحميد الراوي . 2002 . الصفات الفيزيائية للسائل المنوي لكباش عواسي منتخبة من قطعان تجارية. المجلة الطبية البيطرية العراقية . (تحت النشر) .
- 8- الراوي ، عبد الرزاق . 1996 . آراء في تحسين الأغنام العواسي أنباء مشروع المشرق - المغرب ، المركز الدولي للبحوث الزراعية في المناطق الجافة (إيكاردا) 9 : 22-23 .
- 9- الراوي ، عبد الرزاق و شجاع ، طاهر عبد اللطيف و أسوفي ، منذر كوركيس و خطاب ، غازي خزعل و محمد ، صالح مهدي . 2002 b . أداء خراف العواسي المنتخبة من قطعان تجارية. مجلة إباء للأبحاث الزراعية . 12 (4) : 103 – 113 .
- 10- المحمدي ، داود سلمان . 2002 . التقويم الوراثي للنعاج العواسي في بعض القطعان التجارية اعتماداً على انتاج الحليب اليومي للفحوصات الدورية . رسالة ماجستير . كلية الزراعة / جامعة بغداد .

Chapter 12 الفصل الثاني عشر

الأسئلة المتداولة حول علوم الوراثة
وتربيته وتحسين الحيوان واجوبتها

Frequently Asked Questions about Genetics / animal Breeding and their Answers

Q: Define

- Genetic diversity

Is the total number of genetic characteristics in the genetic makeup of a species. It ranges widely from the number of species to differences within species and can be attributed to the span of survival for a species. It is distinguished from genetic variability, which describes the tendency of genetic characteristics to vary. Genetic diversity serves as a way for populations to adapt to changing environments. With more variation, it is more likely that some individuals in a population will possess variations of alleles that are suited for the environment. Those individuals are more likely to survive to produce offspring bearing that allele. In general, animal genetic diversity is required to meet current production needs in various environments, to allow sustained genetic improvement, and to facilitate rapid adaptation to changing breeding objective. Molecular markers such as microsatellites or simple sequence repeat (SSR) markers are useful tools to study the genetic variations between breeds and or within a breed.

.- Correlated Response.

- Change in one trait resulting from selection on another trait
- Response can often be undesirable
- Response is based on genetic covariance between traits

COV (BV_x, BV_y)

- Response to Selection:

Selection can change the distribution of phenotypes, and we typically measure this by changes in mean. This is a within-generation change. Selection can also change the distribution of breeding values. This is the response to selection, the change in the trait in the next generation (the between-generation change)

The selection differential S measures the within-generation change in the mean

$$S = m^* - m$$

The response R is the between-generation change in the mean

$$R(t) = m(t+1) - m(t)$$

$$\text{Selection response} = h^2 (m^* - m) = h^2 S$$

Genetic gain = Selection can change the distribution of breeding values. The change in the trait in the next generation.

= The difference in performance between parents and progeny. it is equal to the selection differential $\times h^2$

-Repeatability (r)

The degree of association between repeated records on the same animal. it represents the ratio of genetic variances (additive, dominance, and epistasis) as well as the variance due to permanent environment to the phenotypic variance. This is also the intra-class correlation of the repeated records on same animals.

-Heritability (h^2)

Measure of the strength of the relationship between breeding values and phenotypic values for a trait in a population. Or: Chance that traits will be inherited. It represents the ratio of additive variance to the phenotypic variance. It is also define as the regression of genotype on phenotype.

The heritability of a trait is the proportion of the total (i.e. phenotypic) variance (V_P) that is explained by the total genotypic

variance (VG). This is known also as the "broad sense" heritability (h^2). If only Additive genetic variance (VA) is used in the numerator, the heritability is "narrow sense" (h^2). Unfortunately, this is often simply called "heritability", with little reflection about its true meaning. The broad sense heritability indicates the genotypic determination of the phenotype: while the latter estimates the degree of non additive (dominance and epistasis) influence the trait.

-Accuracy of EBV

Accuracy is a measure of how well the BV of an animal is estimated = theoretical correlation between BV and EBV. Accuracy ranges from 0 to 1 and the higher the value, the more accurate the estimate of breeding value. Where EBVs/EPDs are estimates of the true genetic merit. These estimates of genetic merit can change once more information on relatives (e.g. younger sibs, progeny, etc). The correlation between B.V. of individual and its phenotypic value. It is equal to the square root of heritability.

-Gene Interaction

The collaboration of several different genes in the production of one phenotype. This can be within locus (dominance) or between different loci (epistasis).

- Selection Methods

is the process of breeding animals for particular traits. These methods are Independent culling levels, Tandem selection, and Selection index.

-Independent culling levels

- In selecting animals for a number of traits, minimum standards are set for each trait. This is not as effective as using a selection index of multiple traits for selection.

-Tandem selection: this selection is used for improved one trait after reach the desirable level then improve another character and so on, is a method of artificial selection in which useful traits are selected for sequentially. For instance, one could select for both increased milk yield and increased milk fat content in cows via tandem selection.

-Selection index: Is used for selection more than one character in same time. This approach is the best way of improvement as it takes aspects like: heritability, genetic correlation and economical value of the traits.

-Marker assisted selection (MAS)

Selection for specific alleles, which affect a trait of interest using genetic markers.

-A breeding program

It is one of the [key issues in basics of animal breeding](#). It is characterized by a series of subsequent activities: defining the breeding goal, registration of phenotypes, genotypes and pedigrees, estimation of breeding values for selection traits with a genetic model, selection of parents for the next generation based on estimated breeding values, mating of parents and dissemination of genetic superiority towards the production animals and evaluation of the program with respect to the genetic diversity maintained and realized selection response. Body cells of mammals and birds have a nucleus where pairs of chromosomes are found. The different number of chromosomes among species impedes the production of crosses between species. Chromosomes are strings of DNA, Deoxyribo Nucleic Acid, which is a macromolecule in the form of a double-stranded helix that carries the genetic information in all cells of higher organisms. A gene is the hereditary unit, a region of DNA on a chromosome containing

genetic information that is transcribed into RNA. This RNA is translated into a polypeptide chain with a physiological function. A gene can mutate to various forms, called alleles.

-Breed

A breed is a specific group of domestic animals with a homogeneous appearance, behavior, and other characteristics that distinguish it from other animals of the same species, and arrived at through selective breeding. When bred together. Animals of the same breed pass on these predictable traits to their offspring, and this ability—known as "breeding true"—is a requirement for a breed. Plant breeds are more commonly known as cultivars

-Molecular Genetics

The molecular genetics major is concerned with current knowledge of the molecular nature of genes, their roles in controlling the function and development of organisms, their inheritance, and their evolution. The research and teaching interests of the faculty range over all areas of genetics as well as molecular, cellular, and developmental biology. The common focus is on the role of genes and the use of molecular and genetic techniques in each of these areas. The goal of molecular geneticists is to get a better understanding of basic biology and to apply that knowledge to practical problems such as medicine, plant and animal breeding and conservation.

Population Genetics

The study of populations over time with particular attention paid to gene and genotypic frequencies.

-EPD = expected progeny difference, more commonly referred to as EPD, are the genetic predictions that producers can use when

making selection decisions. Prediction of the difference between the performances of an individual's progeny compared to all contemporaries for the progeny. Or this is an estimate of the expected performance of an animal's offspring. Producers look at EPD's to decide which bull to artificially inseminate their cows to.

Crossbreeding

mating of animals of different breeds. Such system can increase productivity and produce animals with desired combination of traits

-Hybrid Vigor or Heterosis

- biological phenomenon which causes crossbreds to out produce the average of their parents or Offspring will outperform either of the parents. Vigor only expressed in crossbreeding .

Hybrid vigor or heterosis. Is an increase in performance of crossbred or hybrid animals over that of the average of pure-breeds.

Or crossbred progenies performance (cb) is greater than purebred parental averages (pb).

$$\% \text{ Heterosis} = (CB - PB) / PB \times 100$$

Composite Breeds

A breed made up of crossing two or more breeds and designed to benefit from hybrid vigor

Random Mating

All males have an equal opportunity to mate with all females

Outcrossing

mating unrelated animals within breed

Inbreeding

mating related animals. half sibs or full sibs or parents mated to offspring in order to increase homozygosity.

Linebreeding

mating of mating related animals in such a way not to increase inbreeding coefficient.

Additive genetic action

Refers to the effects of many genes on a trait.

Non-additive genetics

Non additive genetic actions involve interactions between alleles at the same locus or different loci.

Out breeding vs. Crossbreeding

Out crossing/ out breeding:: is the mating between individuals of the same breed but have no relationship between them.

Crossbreeding: the mating of sires of one breed to dams of another breed to increase heterozygosity often used to produce breed complementarity and the crossbred offspring benefit for having desired traits of both of parents and two breeds produce hybrid vigor.

Composite Breeds

A breed made up of crossing two or more breeds and designed to benefit from hybrid vigor

Gene Interaction

The collaboration of several different genes in the production of one phenotype. This can be within locus (dominance) or between different loci (epistasis).

Genetic Homeostasis

Pertaining to when the gene pool is expressing frequencies of alleles consistently the same over a period of time.

Q: What do you mean by: The additive genetic relationship

Relatives share similar DNA, they have a relationship. Due to the events in the meiosis a sperm cell and an oocyte contains 50 % of the DNA of the parent (a natural law in the transmission from DNA of parents to offspring) and contains a unique combination of chromosomes of the parent (random process in the transmission of DNA between generations). After the fertilization of an oocyte with a sperm cell the nucleus of the zygote contains again chromosomes in twofold grouped in pairs. This implies that each animal receives half of its chromosomes, half of its genetic value from its sire and half of its dam. Thus the genetic relationship between an animal and each of its parents is 0.5. This is called the additive genetic relationship. But the fact that each sperm cell and each oocyte from a parent contains a unique combination of the chromosomes of the parent causes that the offspring of the same combination of a sire and a dam (full sibs) still show differences in traits. The additive genetic relationship of full brothers and full sisters (full sibs) is 0.5, because on average they share 50 % of the DNA of their parents. The **additive genetic relationship** between two animals is the amount of DNA they share due to the fact that they are related. A few additive genetic relationships percentage of similar DNA they share, are presented below:

Parent-son or daughter 50

Grandparent-grandchild 25

Great-grandparents- great-grandchild 12.5

Half-brother(s) – half-sister(s) 25

Q: What do we mean by accuracy?

Accuracy is a measure of how well the BV of an animal is estimated

= theoretical correlation between BV and EBV. Accuracy ranges from 0 to 1 and the higher the value, the more accurate the

estimate of breeding value. Where EBVs/EPDs are estimates of the true genetic merit. These estimates of genetic merit can change once more information on relatives (e.g. younger sibs, progeny, etc). The correlation between B.V. of individual and its phenotypic value. It is equal to the square root of heritability

Q: What is the difference between natural selection and artificial selection?

Selection is the Process of determining which individuals become parents (how many offspring they produce, and how long they remain in the breeding program).

- **Natural selection:** selection of individuals that can survive and reproduce at specific environment, independent of human control. Survival the fittest.

- **Artificial selection** under human control, this may be: replacement selection & culling of mature animals based on repeatability of the trait. Also animals with the best breeding values should be selected.

- **Phenotypic selection** – based solely on an individual's own phenotype.

Q: What are the components of selection response? Which can be manipulated:

Genetic variations, intensity, accuracy and generation interval
Genetic response or gain per year is positively related to selection intensity and replacement rate. This means that high selection intensity or replacement rate will increase genetic response. on the other hand, generation interval is negatively related to genetic response or gain per year. The higher the generation interval the lower the genetic gain per year.

L = Generation interval

= Average age of parents when progeny are born

If younger animals are used (decreasing L) more of the newborn animals are needed as replacements.

$$R_y = \frac{i_m + i_f}{L_m + L_f} r_{uA} \sigma_A$$

Furthermore, the longer we wait to replace an individual, the more accurate the selection (i.e., we have time for progeny testing and using the values of its relatives). A selection intensity of 50% means you are keeping animals whose performance is greater than or equal to the of the population.

How much decrease the interval generation the genetic improvement is better but not accurate and when we are using younger animals decrease generation interval and how many increase animal number for replacement also decrease generation interval and selection intensity.

Q: What is the importance of heritability (h^2) in quantitative genetics?

It is important to estimate breeding values of individuals, determine accuracy of estimation and to predict selection response. Advantage of heritability: When heritability of a trait is high, phenotypes are generally good indicators of underlying breeding values, and phenotypic selection will be effective in changing the level of the trait. When heritability is low, phenotypes reveal little about breeding values, and phenotypic selection will be ineffective. Heritability is an important concept in animal breeding and quantitative genetics, particularly in selection breeding animals. If a trait has a low heritability, this indicates that non-additive genetic variation and/or the environment have a much larger influence on that trait. High

heritability indicates that additive gene effect play a relatively large role in variation of the trait.

Q: What is BLUP: The strength of the relationship between the true breeding value and its prediction is measured by the accuracy. When accuracy is high, predictions of breeding values will normally be good ones. The common procedure to estimate breeding values in applied livestock breeding is called "BLUP". BLUP and selection index theory have the same theoretical basis; both are based on regression of breeding values on phenotypes. Compared to selection index theory however BLUP has the following advantages;

- i-It accounts for systematic environmental effects.
- ii) BLUP is more flexible than selection index theory and therefore more suitable as an operational tool.
- iii) BLUP takes account of selection.

Q: What are the two basic tools used by animal breeders to make genetic change?

- 1) Selection
- 2) Mating

: Describe the Genetic and Environmental Effects on Quantitative Traits.

The distribution of the phenotypes has the bell-shaped curve that is indicative of the normal distribution. This has important implications for the manner in which quantitative traits are analyzed. Additive gene action means that each allele has a specific value that it contributes to the final phenotype. Therefore, each genotype has a slightly different metric or quantitative value that results in a distribution (or curve) of metric values that is similar approach a continuous curve. Other genetic interactions such as dominance or epistasis also affect the phenotype. For example, if dominant gene action controls a trait, than the

homozygous dominant and heterozygote will have the same phenotypic value. Therefore, the number of phenotypes is less than for additive gene action. Furthermore, the number of phenotypes that result from a specific genotype will be reduced further if epistatic interactions between several loci affect the phenotype. Additive, dominance, and epistatic effects can all contribute to the phenotype of a quantitative trait, but generally additive interactions are the most important. All of the above factors are genetic in nature, but the environment also affects quantitative traits. The primary affect of the environment is to change the value for a particular genotype. The variation would be the result of the different environments in which the genotype was grown. The consequence of this environmental effect is that the distribution even more resembles a normal distribution. Therefore, the phenotype is a sum of the environmental and the genetic effects. Stated in a mathematical format:

Phenotype = Genetic Factors + Environmental Factors

And one of the goals of quantitative genetics is to measure the contribution of genetic and environmental variations on a specific phenotype.

Therefore, the relation between phenotypic value, breeding value, genotypic value, dominance deviation and epistasis is as follows:

Genotypic value = breeding value + Dominance deviation + epistasis

phenotypic value = Genotypic value + environmental factors

phenotypic value = breeding value + Dominance deviation + epistasis + environmental factors

Q: What would be the importance of studying resemblance between relatives?

Important in estimating the variances for the various components is the principle of relatedness. A child has a father and a mother. Consequently, the child and father share 50% of their alleles, as do the child and the mother. Similarly, two full siblings share also on average 50% of the alleles with each other, while half siblings share only 25% of their alleles. This variation in relatedness can be used to estimate which proportion of the total phenotypic variance (VP) is explained by the above-mentioned components.

- Genetic variation is revealed by correlations between relatives
- Covariance (Cov), the tendency for traits to vary together,
- Correlation coefficient (r) = statistical evaluation of paired data (pairs of parents, twins, parent and offspring). Covariance and correlation coefficient are important in heritability estimates
- Correlation coefficient of a trait between relatives is related to the narrow- or broad-sense heritability.

Q: What are the basic Assumptions Quantitative Genetics:

1. Relevant characteristics tend to be continuous in distribution.
2. Two or more pairs of genes, located throughout the genome account for hereditary influence on phenotype in an additive manner. This type of heredity is called polygenic.
3. Each continuous trait is assumed to have some base level of phenotypic expression (i.e. an organism can not have a mass of nothing or a length of zero) and some theoretically possible maximum. .
4. Each gene locus of a pair may be occupied by either an additive allele or a nonadditive allele. An additive allele contributes one additional unit of quantity to the base level

of the phenotype, while a nonadditive allele contributes nothing additional to the base phenotype.

5. The total effect of each additive allele on the phenotype is assumed to be small, but equal to the effect of any additive allele at any other locus.

6. Analysis of polygenic traits requires studies of large numbers of individuals from a population.

Q: Consider a population of ewes with an average production of 180 kg of milk per season and a phenotypic standard deviation of 40 kg.

a) Construct a normal distribution curve that fits these data.

b) What is the percentage of ewes producing more than 220 kg? (Please check table of selection intensity).

c) Suppose that all ewes producing less than 140 kg are culled.

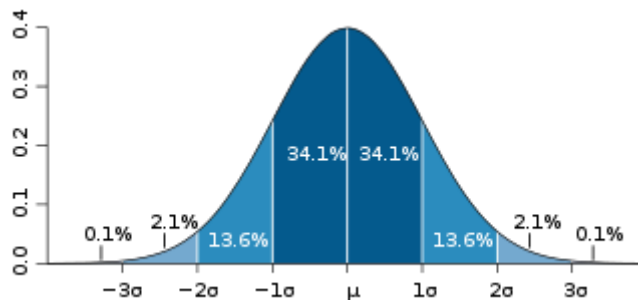
(i) What percentage of the ewes is kept for breeding?

(ii) What will the selection intensity be in this case?

(iii) How much will the mean of the breeding group exceed the population mean?

Solutions:

a)



60 100 140 180 220 260 300

Kg milk

b) The area under the curve of more than 1 standard deviation is 15.9 % = percentage of ewes producing more than 220 kg (50% – 34.1% = 15.9%)

c) intensity of selection (a) = Percentage of the ewes producing more than 140 kg kept for breeding is 50% + 34.1% = 84.1%

(b) The selection intensity in this case = 0.29

(c) The mean of the breeding group exceed the population mean by the (S): selection differential (S) =

Selection intensity x phenotypic standard deviation =

$$S = i \times \sigma_x = 0.29 \times 40 = 11.6 \text{ kg}$$

The mean for the selected animals exceeds the population mean with 11.6 kg.

Then the mean for the selected animals (μ_s) = 11.6 + 180 = 191.6 kg.

Q: You have a population with 10 000 cows. Average production for the best 2 000 cows is 5 500 kg. The phenotypic standard deviation for milk yield is 1 000 kg.

a) What is the average milk yield for the whole population?

($i = 1.4$ for the 2000 best cows in the 10000 pop. = 20 %)

b) What is the average milk yield for the 4 000 best cows?

($i = 0.966$).

a) Selection differential (S) =

Selection intensity of the best 2000 cows x phenotypic standard deviation =

$$S = i \times \sigma_x$$

$$S = i \times \sigma_x = 1.4 \times 1000 = 1400$$

The mean for the selected cows (μ_s) =

$$\mu_s = \mu + S$$

$$5500 = \mu + 1400 =$$

Therefore the average milk yield for the whole population is

$$5500 - 1400 = 4100 \text{ kg.}$$

b) The Selection intensity of the best 4 000 cows is 0.966

$$(40\% \rightarrow i = 0.966)$$

$$S = i \times \sigma_x = 0.966 \times 1000 = 966 \text{ kg}$$

Average yield for the 4000 best cows =

$$\mu_s = 4100 + 966 = 5066 \text{ kg}$$

Q: Cows are selected in a population of dairy cows on the basis of their own milk yield. The population mean is 5 500 kg fat corrected milk and 60% of the cows need to be selected. The phenotypic standard deviation is 500 kg and the heritability 0.25. The average age of the cows when the next generation of breeding animals is born is 4.5 years.

a) What is the mean for the selected cows group? ($i = 0.644$)

b) What is the annual selection gain achieved by this selection?

$$\text{a) Selection differential} = S = i \times \sigma_p = 0.644 \times 500 = 322 \text{ kg}$$

$$\text{The mean for the selected group } (\mu_s) = \mu + S = 5500 + 322 = 5822 \text{ kg}$$

$$\text{b) The annual selection gain (response) achieved by this selection} \\ (\text{Heritability} \times \text{Selection differential}) / \text{Generation interval} \\ = (0.25 \times 322) / 4.5 = 17.9 \text{ kg / year}$$

Q: In a population of local cattle the following parameters have been calculated for weaning weight trait:

$$\text{ean, } \mu = 105 \text{ kg}$$

$$\text{Phenotypic standard deviation, } \sigma_P = 12 \text{ kg}$$

$$\text{Genetic standard deviation, } \sigma_A = 6 \text{ kg}$$

a) What will the selection effect be after one generation if we select, by individual selection, the best 50% of the population? ($i = 0.798$)

b) What is the percentage of animals we have to select if we want to have a selection gain of 1% per year and if the generation interval is 4 years?

a) The intensity of selection for the best 50% of the population is $i = 0.798$

The heritability = $6^2 / 12^2 = 0.25$

Selection response = heritability $\times i \times$ phenotypic standard deviation = $0.25 \times 0.798 \times 12 = 2.394$ kg / generation

a) Selection gain of 1% per year = $(1 \times 105) / 100 = 1.05$ kg

Selection gain of 1% per year =

(Heritability $\times i \times$ phenotypic standard deviation) / generation interval = $1.05 = (0.25 \times i \times 12) / 4$

$i = 1.4$

So $i = 1.4$ corresponding to 20% to be selected.

Percentage of animals we have to select is = 20 %

Q: Future cow dams are selected in a population with dairy cows on the basis of their own milk yield. The population mean is 5500 kg fat corrected milk and 60% of the cows need to be selected. The phenotypic standard deviation is 500 kg and the heritability 0.25. The average age of the cows when the next generation of breeding animals is born is 4.5 years.

a) What is the mean for the selected group? ($i = 0.644$)

b) What is the annual selection effect achieved by this selection?

a) Selection differential = $S = i \times \sigma_P = 0.644 \times 500 = 322$ kg

The mean for the selected group (μ_s) = $\mu + S = 5500 + 322 = 5822$ kg

b) The annual selection effect (response) achieved by this selection

(Heritability x Selection differential) / Generation interval = $(0.25 \times 322) / 4.5 = 17.9 \text{ kg / year}$

Q: In a flock of 100 ewes which are producing 1.8 lambs per year (sex ratio 1:1).

Calculate the selection differential for weaning weight (at 120 days) if 20% of the ewes are replaced every year. The heritability for weaning weight is 0.3 and the additive genetic variance $\sigma^2_A = 4.8 \text{ kg}$. ($i = 1.328$). What would be the genetic gain/year.

Number of ewe lambs born = $100 \times 1.8 \times 0.5 = 90 \text{ ewe lambs/a year}$.

Number of replaced ewes = $0.20 \times 100 = 20 \text{ ewe lambs}$

Percentage of selected female lambs: $(20 / 90) \times 100 = 22.22\%$

Intensity of selection = 1.328

Heritability = additive genetic variance / phenotypic variance

$0.3 = 4.8 / \text{phenotypic variance}$

Phenotypic variance = $4.8 / 0.3 = 16$

Phenotypic standard deviation = $\sqrt{16} = 4$

Selection differential (S) = $i \times \sigma_p = 1.328 \times 4 = 5.312$

Genetic gain /year = $S \times h^2 = 5.312 \times 0.3 = 1.59$

Q: GIVEN

Genotype	Freq. of Genotype
RR	0.6
Rr	0.2
rr	0.2

What would be the frequency of R and r ?

$f(R) = f(RR) + 1/2 f(Rr)$

$= 0.6 + 1/2 (0.2) = 0.7$

$f(r) = f(rr) + 1/2 f(Rr)$

$= 0.2 + 1/2 (0.2) = 0.3$

Q: GIVEN:

<u>Genotype</u>	<u>Freq. of Genotype</u>
RR	0.6
Rr	0.4
rr	0.0

N0. Is the population at H-W Equilibrium?

What would be the frequency of (R) and frequency of (r) in the next generation?

$$F(R) \text{ in the initial population} = 0.6 + 1/2 (0.4) = 0.8$$

Frequencies of genotypes in progeny are:

$$F(RR) = 0.64$$

$$F(rr) = 0.04$$

$$F(Rr) = 0.32$$

$$F(R) \text{ in the progeny (or next generation) is} = 0.64 + 1/2 (0.32) = 0.8$$

So the original population was not at H-W EQ. Since genotypic frequencies changed between initial population and progenies.

HW equilibrium attained in progeny population (in one generation of random mating).

Q. 4. Remember:

Mating	Frequency	Offspring genotype		
		A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
$A_1A_1 \times A_1A_1$	x_{11}^2	1	0	0
A_1A_2	$x_{11}x_{12}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0
A_2A_2	$x_{11}x_{22}$	0	1	0
$A_1A_2 \times A_1A_1$	$x_{12}x_{11}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	0
A_1A_2	x_{12}^2	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$
A_2A_2	$x_{12}x_{22}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
$A_2A_2 \times A_1A_1$	$x_{22}x_{11}$	0	1	0
A_1A_2	$x_{22}x_{12}$	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
A_2A_2	x_{22}^2	0	0	1

Given: Frequency of A_1 in male and female in parents = 0.6

What would be the gene genotypic frequencies of offspring under random mating? What is your conclusion ?

Genotypic frequencies in the original or parent population are:

$$F(A_1A_1) = 0.36$$

$$F(A_1A_2) = 0.48$$

Mating	Frequency	ffspring genotype		
		A1A1	A1A2	A2A2
$A_1 A_1 \times A_1 A_1$	$0.36 \times 0.36 = 0.1296$	0.1296		
$A_1 A_2$	$0.36 \times 0.48 = 0.1728$	0.0864	0.0864	
$A_2 A_2$	$0.36 \times 0.16 = 0.0576$		0.0576	
$A_1 A_2 \times A_1 A_1$	$0.48 \times 0.36 = 0.1728$	0.0864	0.0864	
$A_1 A_2$	$0.48 \times 0.48 = 0.2304$	0.0576	0.1152	0.0576
$A_2 A_2$	$0.48 \times 0.16 = 0.0768$		0.0384	0.0384
$A_2 A_2 \times A_1 A_1$	$0.16 \times 0.36 = 0.0576$		0.0576	
$A_1 A_2$	$0.16 \times 0.48 = 0.0768$		0.0384	0.0384
$A_2 A_2$	$0.16 \times 0.16 = 0.0256$			0.0256
Total (genotypic frequencies in offspring)	1.00	0.36	0.48	0.16

F (A2A2) = 0.16

Q: Given a population with the following genotypic frequencies and relative fitness: (50% of aa genotype will survived)

Genotype	Freq. of genotype	Relative fitness
AA ○○○○○○	1	0.64
Aa	0.32	1
aa	0.04	0.5

What would be the freq. of (A) in the survivors? What would be the freq. of progeny genotypes after random mating of the survivors?

What is your conclusion ?

$$F(A) = P_o = P_o / 1 - sq_o = 0.8 / 1 - (0.5) (0.04) = 0.816$$

$$q_1 = 1 - 0.816 = 0.184$$

Frequencies of progeny genotypes are:

$$F(AA) = p^2 = (0.816)^2 = 0.665$$

$$F(Aa) = 2pq = 2 \times 0.816 \times 0.184 = 0.3$$

$$F(aa) = q^2 = (0.184)^2 = 0.033$$

Q: The following table gives the weight at 8 weeks for chicken. The chickens were progenies from five different, randomly selected cocks. Only half-sibs were found within each progeny group.

	Sires (Cocks)				
	A	B	C	D	E
Offspring	717	600	618	618	687
(progenies)	658	657	687	680	691
	674	669	763	592	793
	611	606	747	683	675
	678	718	678	631	700
	788	693	737	691	753
	650	669	731	694	704
	690	648	603	732	717
Y_i	5466	5260	5564	5321	5720

$$\sum_j Y_{ij} = 27331$$

$$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2 = 18773473$$

$$N = 40$$

Set up the ANOVA-table and calculate sum of squares (SS) and mean squares (MS). Then calculate heritability.

Source of variation	d.f	SS	MS
Between Sires	4	18691786 – 18674589 = 17197	4299.25
Within Sires	35	18773473 – 18691786 = 81687	2333.92
Total	39	18773473 – 18674589 = 98884	

Source of variation	d.f	SS	MS	EMS
Between Sires	4	17197	4299	$\sigma^2_e + 8 \sigma^2_s$
Within Sires	35	81687	2334	σ^2_e

$$\sigma^2_e = 2334 \quad \sigma^2_s = (4299 - 2334)/8 = 246$$

$$\sigma^2_A = 4 \sigma^2_S = 4 \times 246 = 984 \quad \sigma^2_p = \sigma^2_s + \sigma^2_e$$

$$= 2334 + 246 = 2580$$

The genetic covariance of half sib (HS) has the following composition

$$1/4 \sigma^2_A$$

$$\text{So } h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P = 984 / 2580 = 0.38$$

Q: The following ANOVA table gives the weaning weight of lambs. The lambs were progenies from five different, randomly selected rams. Only half-sibs were found within each progeny group.

Calculate the heritability.

Source of variation	d.f	SS	MS
Between Sires	4	17197	4299.25
Within Sires	35	81687	2333.92
Total	39	98884	

$$\sigma^2_e = 2334$$

$$\sigma^2_s = (4299 - 2334)/8 = 246$$

$$\sigma^2_A = 4 \sigma^2_S = 4 \times 246 = 984 \quad \sigma^2_p = \sigma^2_s + \sigma^2_e$$

$$= 2334 + 246 = 2580$$

The genetic covariance (HS) has the following composition

$$1/4 \sigma^2 A$$

$$\text{So } h^2 = \sigma^2 A / \sigma^2 P = 984 / 2580 = 0.38$$

Q: Given: Yearling weight of lambs progenies of 7 rams"
ANOVA TABLE

Source of variation	df	SS	MS	EMS
Among rams	6	127.086	21.181	$\sigma^2 w + n\sigma^2 s$
Within rams	28	448.800	16.029	$\sigma^2 w$
Total	34	575.886		

Find :

- 1) Sire variance component.
- 2) Paternal half sib covariance.
- 3) Additive genetic variance of the yearling weight of lambs.
- 4) Heritability of the yearling weight of lambs.
- 5) Intraclass correlation.

Solution:

The $\sigma^2 w$ represents the within sires variation = error variance

The $\sigma^2 w + n\sigma^2 s$ represents the between sires variation.

Variance component due to sires is $\sigma^2 s =$

$$\{(\sigma^2 w + n\sigma^2 s) - \sigma^2 w\} / n$$

$$= \{21.181 - 16.029\} \div 5 = 5.16 / 5 = 1.04$$

Paternal half sib covariance = Variance component due to sires

$$= \sigma^2 s = 1.04 = 1/4 \sigma^2 \text{ Additive genetic variance}$$

Additive genetic variance of the yearling weight of lambs =

$$4 \sigma^2 s = 4 \times 1.04 = 4.16$$

$$\text{The heritability} = \sigma^2 A / (\sigma^2 w + \sigma^2 s)$$

$$= (4 \times 1.04) / (17.069) = 0.25$$

$$\text{The intraclass correlation} = \sigma^2 s / (\sigma^2 w + \sigma^2 s)$$

$$= 1.04 / 17.069 = 0.06$$

Q: The daily weight gain and the height at withers have been recorded on 527 young bulls, which make equal groups of half-sibs from 31 sires. In the variance/covariance analysis the following mean squares and mean cross products have been calculated.

Following mean squares and mean cross products have been calculated.

Source of variation	d.f.	Mean squares (MS)		Mean cross products
		Height at withers	Weight gain	Weight gain x height at withers
Between sires	30	3097.2	0.0187	3.1978
Within sires	526	1258.5	0.0110	1.1746

- Calculate the statistical variance and covariance components.
- Estimate the additive genetic variance for the two traits respectively (σ^2_A) and the additive genetic covariance between them.
- Estimate the phenotypic covariance between the two traits.
- Calculate the genetic correlation between daily weight gain and height at withers.
- Calculate the phenotypic correlation between the two traits.
- Calculate the environmental correlation.

a) Weight gain:

$$\sigma^2_e = 0.0110 \quad \sigma^2_s = (0.0187 - 0.011) / 17 = 0.00045$$

Height at withers:

$$\sigma^2_e = 1258.5 \quad \sigma^2_s = (309.2 - 1258.5) / 17 = 108.159$$

Covariance comp.:

$$\sigma_{ee} = 1.1746 \quad \sigma_{ss} = (3.1978 - 1.1746) / 17 = 0.119$$

b) The additive genetic variance = $4 \times \sigma^2_s$

The additive genetic covariance = $4 \times \sigma_{ss}$

The additive genetic variance for Weight gain = $4 \times 0.00045 = 0.0018$

The additive genetic variance for Height at withers =

$$4 \times 108.159 = 432.636$$

The additive genetic covariance between weight gain and height at withers =

$$4 \times 0.119 = 0.476$$

c) The phenotypic covariance between weight gain and height at

withers = $\sigma_{pp} = \sigma_{ss} + \sigma_{ee} =$

$$0.119 + 1.1746 = 1.2936$$

d) The genetic correlation between daily weight gain and height at withers.

= (additive genetic covariance between weight gain and height at withers) / {(square root of the additive genetic variance for weight gain) x (square root of the additive genetic variance for height at withers)}

$$= 0.476 / \sqrt{0.0018 \times 432.636} = 0.54$$

$$\text{Or } = \sigma_{ss} / \sqrt{\sigma^2_{s1} \times \sigma^2_{s2}} = 0.119 / \sqrt{0.00045 \times 108.159} = 0.54$$

Conclusion: When we select for weight gain we will also get a correlated increase in height at withers or vice versa. The correlation is high enough for an indirect selection.

e) The phenotypic correlation between weight gain and height at withers =

$$\begin{aligned}
 & \text{(Phenotypic covariance between weight gain and height at withers)} / \{(\text{square root of the phenotypic variance for weight gain}) \times (\text{square root of the phenotypic variance for height at withers})\} \\
 &= \sigma_{pp} / (\sqrt{\sigma^2_{p_1}} \times \sqrt{\sigma^2_{p_2}}) \\
 &= (\sigma_{ss} + \sigma_{ee}) / \sqrt{\sqrt{0.00045 \times 108.159} (\sigma^2_{s_1} + \sigma^2_{e_1}) \times \sqrt{\sigma^2_{s_2} + \sigma^2_{e_2}}} \\
 &= (0.119 + 1.1746) / \{\sqrt{(0.00045 + 0.011)} \times \sqrt{(108.159 + 1258.5)}\} = 0.33
 \end{aligned}$$

The environmental covariance between weight gain and height at withers = $\sigma_{EE} = \sigma_{ee} - 3\sigma_{ss}$

$$\begin{aligned}
 &= 1.1746 - (3 \times 0.119) = 0.8176 \\
 &(\sigma^2_E \text{ for weight gain} = \sigma^2_e - (3 \times \sigma^2_s) = 0.011 - 3 \times 0.00045 \\
 &= 0.00965
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 &(\sigma^2_E \text{ for height at withers} = \sigma^2_e - (3 \times \sigma^2_s) = 1258.5 - 3 \\
 &108.159 = 934.023
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 &\text{Then environmental correlation} = \\
 &0.8176 / \{\sqrt{0.00965} \times \sqrt{934.023}\} = 0.27
 \end{aligned}$$

Notice that Phenotypic covariance between weight gain and height at withers (σ_{pp}) = additive genetic covariance between weight gain and height at withers (σ_{AA}) + environmental covariance between weight gain and height at withers (σ_{EE})

$$= 0.476 + 0.8176 = 1.2936$$

or =

$$\sigma_{pp} = \sigma_{ss} + \sigma_{ee} = 0.119 + 1.1746 = 1.2936$$

Q: Given milk yield for 5 days of 2 cows

Find: Variances of each cow, standard deviations of each cow.

Anova table. Is there any significant difference in the production of the 2 cows. What is your conclusion?

	Cow 1	Cow 2
	19	23
	14	19
$H_0 : u_1 = u_2$		
	15	19
	17	21
	20	18
	-----	-----
Sum	85	100
Average	17	20
Over all average	18.5	
Var. of C1	= $\{(19-17)^2 + ... + (20 -17)^2\} / 4 = 26/4 = 6.5$	
VRR. OF C2	= $\{(23 -20)^2 + ... + (18-20)^2\} / 4 = 16/4 = 4.0$	
Assuming Var. C1 And Var. C2 both Estimate A Common (Population) Variance Based On Variability Within These 2 Cows =		
Var. of Pop.	= $(\text{Var. C1} + \text{Var. C2}) / 2 = (6.5 + 4) / 2 = 5.25$	
VAR. OF Means	= $\{ (17-18.5)^2 + (20-18.5)^2 \} / 2-1 = 4.5$	
Estimate Of Population Variance Based On Variability Between Cows =		
	= Var. of Means X N = $4.5 \times 5 = 22.5$	
F Value = (Estimate of Population Variance Based ON Variability Between Cows) / (Estimate of Population Variance Based on Variability Within Cows)		
	= $22.5 / 5.25 = 4.29$	
F 0.05 (1, 8) = 5.32		
F 0.01 (1, 8) = 11.26		

There Is a Significant Difference at $P < 0.05$

Shortcut Formula

$$\text{Correction Term} = (185)^2 / (2 \times 5) = 3422.5$$

$$\text{SS TOTAL} = \{ 19^2 + 14^2 + \dots \} - \text{CT} = 3487.0 - 3422.5 = 64.5$$

$$\text{SS Cows} = \{ (85^2) + 100^2 \} / 5 - \text{CT} = 3445 - 3422.5 = 22.5$$

$$\text{SS Error} = \text{SS Total} - \text{SS Cows} = 64.5 - 22.5 = 42$$

Anova Table

SOV	DF	SS	MS	F
Cows	1	22.5	22.5	4.29
Error	8	42.0	5.25	
Total	9	64.5		

Q: GIVEN : The data below comes from a study of milk yield collected during 6 periods of 5 ewes (E). Find ANOVA table. Is there any significant difference between the 5 ewes in milk yield ?

E1	E2	E3	E4	E5
24	14	11	7	19
15	7	9	7	24
21	12	7	4	19
27	17	13	7	15
33	14	12	12	10
23	16	18	18	20

Anova Table

SOV	DF	SS	MS	F
Ewes	4	803	200.75	9.01
Error	25	557.17	22.287	
Total	29	1360.17		

We use the F statistic to do a hypothesis test to find out if the milk yield of the 5 ewes are the same? Or different ?

In this case the p value is about 0.0001, a very small value. This is a strong indication that the milk yield of the 5 ewes are significantly different.

Q. 10. Given the following variables:

X	Y	C	CX	Z	G (X+Y)
4	1	2	8	2	5
3	2	2	6	1	5
2	3	2	4	3	5
1	4	2	2	4	5

Note: C is a constant

Find variances of X, Y, C and CX

Find covariance of (C, X)

Find covariance of (X, Y)

Find covariance of (X, X)

Find covariance of (X, Z)

Find covariance of (X + Y)

Correlation between x and y

Regression of Y on X

Regression of X on Y

What are your conclusions?

	X	Y	C	CX	Z	G (X+Y)	M	N
	4	1	2	8	2	5	4	2
	3	2	2	6	1	5	3	1
	2	3	2	4	3	5	2	2
	1	4	2	2	4	5		
Total = $\sum Y$	10	10	8	20	10	20	9	5
Sum of squared observations = $\sum Y^2$	30	30	16	120	30	100	29	9
Sum of squared total divided by n = $(\sum Y)^2 / n$	25	25	16	100	25	100	27	5
Variance	1.67	1.67	0	6.67	1.67	0	1	2

$$\text{Cov. X,Y} = \{(4+6+6+4) - 25\} / 3 = -1.67$$

$$\text{Cov (x+y)} = \text{var. x} + \text{var. Y} + 2 \text{ cov x,y} = 1.67 + 1.67 + 2(-1.67) = 0 \text{ which is var of G}$$

$$\text{Cov C, X} = \{4X^2 = 3X^2 + 2X^2 + 1X^2\} - 0\} / 3 = 0$$

$$\text{Cov. X,X} = \{(4X^4 + 3X^3 + 2X^2 + 1X^2) - 25\} / 3 = 1.67$$

$$\text{Cov M,N} = \{(4X^2 + 3X^1 + 2X^2) - (9 \times 5) / 3\} / 2 = 0 \text{ (independent variables).}$$

$$\text{Correlation between x and y} = -1.67 / \{(\sqrt{1.67})(\sqrt{1.67})\} = -1$$

$$\text{Regression of Y on X} = -1.67 / 1.67 = -1$$

$$\text{Regression of X on Y} = -1.67 / 1.67 = -1$$

Therefore:

1) Variance of constant is zero

2) The variance of constant times a random variable is the constant squared times the variance of the random variable.

3) The covariance between a constant and a random variable is zero.

1) The covariance of a random variable with itself is its variance.

2) The variance of a sum is the sum of the variances of each variable plus 2 times the sum of all possible covariances.

3) $\{\text{Correlation between } x \text{ and } y\}^2 = \{\text{Regression of } Y \text{ on } X\} * \{\text{Regression of } X \text{ on } Y\} = \{-1\}^2 = \{-1 X - 1\}$

Q: Future ewe dams are selected in a population of sheep flock on the basis of their own milk yield. The population mean is 50 kg and 60% of the ewes need to be selected. The phenotypic standard deviation is 5 kg and the heritability is 0.25. The average age of the ewes when the next generation of breeding animals is born is 3 years.

a) What is the mean for the selected group? ($i = 0.6$)

b) What is the annual selection response (genetic gain per year) achieved by this selection?

a) Selection differential = $S = i \times \sigma_P = 0.6 \times 5 = 3 \text{ kg}$

The mean for the selected group (μ_s) = $\mu + S = 50 + 3 = 53 \text{ kg}$

b) The annual selection response achieved by this selection is = (Heritability x Selection differential) / Generation interval = $(0.25 \times 3) / 3 = 0.25 \text{ kg / year}$

Q: The heritability (h^2) of milk yield is 0.3 of and the repeatability (r) is 0.4? A cow producing 4000 kg in a herd averaged 3000 kg. What would be the estimated breeding value of this cow in this herd? What would be the producing ability of this cow? Explain what is the difference between EBV and PA, and when do we use each term?

Breeding value (B. V.) of the cow

Adjusted record = $4000 - 3000 = 1000$

B.V. = $h^2 \times \text{Adjusted record} = 0.3 \times 1000 = +300$

Producing ability (P.A.)

P.A. = repeatability (r) x Adjusted record =

$$0.4 \times 1000 = +400$$

Q: The daily weight gain and the height at withers have been recorded on 527 young bulls, which make equal groups of half-sibs from 31 sires. In the variance/covariance analysis the following mean squares and mean cross products have been calculated.

Following mean squares and mean cross products have been calculated.

		Mean squares (MS)		Mean cross products
Source of variation	d.f.	Height at withers	Weight gain	Weight gain x height at withers
Between sires	30	3097.2	0.0187	3.1978
Within sires	526	1258.5	0.0110	1.1746

- Calculate the statistical variance and covariance components (σ^2_e , σ^2_s , σ_{ee} , σ_{ss}).
- Estimate the additive genetic variance for the two traits (σ^2_A) and the additive genetic covariance between them (σ_{AA}).
- Estimate the phenotypic covariance between the two traits (σ_{pp}).
- Calculate the genetic correlation between daily weight gain and height at withers.
- Calculate the phenotypic correlation between the daily weight gain and height at withers.

Solution:

Sire variance component for daily weight gain (WG) and height at withers (HW) are:

1) For HW

$$n = 527 / 31 = 17$$

The σ^2_e represents the within sires variation = error variance = 1258.5

The $\sigma^2_e + n\sigma^2_s$ represents the between sires variation.

Variance component due to sires is $\sigma^2_s =$

$$\{(\sigma^2_e + n\sigma^2_s) - \sigma^2_e\} / n$$

$$= \{3097.2 - 1258.5\} \div 17 = 1838.7 \div 17 = 108.1588$$

Paternal half sib covariance = Variance component due to sires

$$= \sigma^2_s = 108.1588 = 1/4 \sigma^2 \text{ Additive genetic variance}$$

Additive genetic variance of the HW of calves =

$$4 \sigma^2_s = 4 \times 108.1588 = 432.6353$$

Genetic additive standard deviation for HW = 20.8

$$\text{Phenotypic variance of HW} = \sigma^2_e + \sigma^2_s = 1258.5 + 108.1588 = 1366.659$$

Phenotypic Standard deviation of HW = 36.97

1) For WG

The σ^2_e represents the within sires variation = error variance

The $\sigma^2_e + n\sigma^2_s$ represents the between sires variation.

Variance component due to sires is $\sigma^2_s =$

$$\{(\sigma^2_e + n\sigma^2_s) - \sigma^2_w\} / n$$

$$= \{0.0187 - 0.0110\} \div 17 = 0.0077 \div 17 = 0.000453$$

Paternal half sib covariance = Variance component due to sires

$$= \sigma^2_s = 0.000453 = 1/4 \sigma^2 \text{ Additive genetic variance}$$

Additive genetic variance of the WG of calves =

$$4 \sigma^2_s = 4 \times 0.000453 = 0.001812$$

Genetic additive standard deviation for WG = 0.43

Phenotypic variance of WG = $\sigma^2 e + \sigma^2 s = 0.0110 + 0.000453 = 0.011453$

Phenotypic Standard deviation of WG = 0.107

Sire covariance component for HW and WG:

Source of variation	EMCP	EMCP
Between Sires	Cov e + n Cov s	3.1978
Within Sires	Cov e	1.1746

Sire covariance component

Cov e = 1.1746

Cov s = $(3.1978 - 1.1746) / 17 = 2.0232 / 17 = 0.119012$

Additive genetic covariance = CovA

= 4 Cov s

= $4 \times 0.119012 = 0.476047$

Phenotypic covariance =

Cov P = Cov s + Cov e

= $0.119012 + 0.476047 = 0.595059$

Genetic correlation between HW and WG=

(Additive genetic covariance) / (Additive genetic standard deviation of HW x additive genetic standard deviation of WG) =
= $0.476047 / (432.6353 \times 0.001812) = 0.476047 / 0.783935164 = 0.61$

Phenotypic correlation between HW and WG=

(Phenotypic covariance) / (phenotypic standard deviation of BW x phenotypic standard deviation of WG) =
= $0.595059 / (36.97 \times 0.107) = 0.595059 / 3.95579 = 0.15$

The environmental covariance between weight gain and height at withers = $\sigma_{EE} = \sigma_{ee} - 3\sigma_{ss}$

= $1.1746 - (3 \times 0.119) = 0.8176$

($\sigma^2 E$ for weight gain = $\sigma^2 e - (3 \times \sigma^2 s) = 0.011 - 3 \times 0.000453 = 0.00965$

$$(\sigma^2 E \text{ for height at withers} = \sigma^2 e - (3 \times \sigma^2 s) = 1258.5 - 3 \times 108.159 = 934.023$$

Then environmental correlation =

$$0.8176 / \{(\sqrt{0.00965} \times \sqrt{934.023})\} = 0.27$$

Notice that Phenotypic covariance between weight gain and height at withers (σ_{pp}) = additive genetic covariance between weight gain and height at withers (σ_{AA}) + environmental covariance between weight gain and height at withers (σ_{EE})
 $= 0.476 + 0.8176 = 1.2936$

$$\text{or } \sigma_{pp} = \sigma_{ss} + \sigma_{ee} = 0.119 + 1.1746 = 1.2936$$

Q: What are the advantages of using crossbreeding system?

In what livestock, this tool used? What do we mean by composite breed or synthetic breed: give an example.

(1) To produce synthetic breed.

(2) To make use of complementarily, Charolais are large French cattle known for their fast growth and heavy muscling, Angus are smaller British cattle known for their maternal ability, and the crossbred offspring benefit for having both kinds of parents and

(3) To obtain hybrid vigor. Hybrid vigor is an increase in performance of crossbred or hybrid animals over that of the pure-bred.

(4) method of migration of genotypes.

Q: Screening young lambs: Screening superior weaned young male lamb of 4 months of age from indigenous breeds of sheep from several elite flocks to raise them until 12 months of age to sell them as breeding rams after testing their performance. A total of 500 young lambs can be screened/ year. What would be the dry matters required for performance test? (Try to guess how much dry matter needed by each lamb per day).

Note:

Lamb needs 2 kg of dry matter per day in order to gain 0.25 kg of weight.

$500 \times 2 = 1000 \text{ kg} = 1 \text{ ton}$ of dry matter required for 500 lambs per day

Therefore, for 8 months = 240 days $\times$ 1 tons = 240 tons dry matter required.

Performance test is a test for screened young male for their growth, feed efficiency, conformation score (body dimensions) and semen quality to select 30 - 40 % of the tested males for breeding purposes.

Q: Based on the following information, what would be the improvement in meat and milk production of the below listed projects?

Hectare = 10000 m^2 gives an average of 30 tons of green fodder
= 10 tons of dry matter (or hay) per year.

16 kg of dry matters of fodder give 1kg of meat. = 8 kg of dry matters give 1kg of live weight gain.

1kg of dry matter gives 1kg of milk.

Intensive dairy production: Raising purebred Holstein, under improved environmental conditions and integrated dairy / crops system of production. Herd size of 500 cows as investment unit. Total area is 200 hectares. Average milk yield per cow per year is 4 tons. What would be the dry matters required for cows and for fattening calves? (Fattening period is 6 months. Average daily live weight gain per day is 1 kg. Calving rate is 80%). What would be the dry matters required per year for cows? How much milk and meat can be obtained per year from such project? Does the 200 hectares enough for feeding cows and calves?

4 tons of milk $\times$ 500 cows = 2000 tons of milk per year

4 tons of dry matter required for each cow per year.

$500 \times 4 = 2000$ tons of dry matter required for 500 cows per year.
 $500 \times 0.80 = 400$ cows calved per year = 400 calves per year. half of the calves are males.

each male calf needs 8 kg of dry matter per day $\times 180$ days = 1440 kg of dry matter for the fattening period.

So 200 males calves need $1440 \times 200 = 288000$ kg = 288 tons of dry matter.

200 fattened calves $\times 180$ kg weight gain $\times 0.50$ dressing = 18 tons of extra meat

total dry matter required per year by cows and male calves is = $2000 + 288 = 2288$ tons of dry matter.

200 hectares $\times 10$ tons of dry matter per hectare = 2000 tons
 so 200 hectares is enough for the 500 cows only but not enough to raise young females and fattened males.

a-(average of 0.4 hectare is required for each cow = $4000 \text{ m}^2 = 1.6$ dounm per cow)

b- therefore with intensive system, animals (cows and calves) need concentrate in addition to green or dry fodders. usually 40% of the ration preferable to be concentrates and 60% is roughage. if concentrate is expensive 30% is ok for concentrate and 70% roughage. in some countries where the cows are high producers 70% of the ration is concentrate and 30% is roughage.

Q: Lambs fattening projects : Lambs of 4 months, weighing 20 kg ,which are produced in the range, are fattened for 100 days to attain a slaughter weight of about 45 kg. If fatten 1000 lambs / year. What would be the dry matters required for fattening? How much extra meat can be obtained from such project? What would be the daily live weight gain for lamb?

weight gain per lamb is $45 - 20 = 25$ kg

25×1000 lambs = 25000 kg = 25 tons of meat gain from fattening.

dry matter required for each lamb = 25 kg weight gain x 8 kg dry matter = 200 kg

200 kg dry matter x 1000 = 200000 kg = 200 tons of dry matter for 1000 lambs

in general average daily weight gain in lamb is 250 gm = 0.25 kg. to attain 25 kg weight gain we need $25 / 0.25 = 100$ days.

Q: Calf Fattening project: Calves of 3 months weighing 100 kg can be fattened to 400 kg. If fatten 500 calves / year. What would be the dry matters required for fattening? How much extra meat can be obtained from such project? How long would be the period required for fattening?

$400 - 100 = 300$ kg weight gain per calf

$300 \times 500 = 150000$ kg extra meat gain = 150 tons

$300 \times 16 = 4800$ kg of dry matter required for each calf

total dry matter required for 500 calves = 500×4800 kg = 2400000 kg = 2400 tons

in general average daily weight gain in calves = 1 kg

So we need 300 days for fattening.

Q: Fodder production: Integrated livestock / crops system can provide green as well as dry fodder. The suggested area for the project is 1000 hectares to produce 10000 tons of hay a year. How much meat and milk can be obtained from such project? (50% of the dry matter for milk and the other 50% for meat).

1 kg of milk needs 1kg of dry matter

so feeding 5000 tons of dry matter to cows can produce 5000 tons of milk

each 1 kg of meat needs 16 kg of dry matter. therefore, 50000000 kg of dry matter give 312500 kg meat = 312.5 tons of meat

References

- 1-Buduram, P. 2004. Genetic characterization of southern African sheep breeds using DNA markers. M. Sc. Thesis, University of Free State.
- 2-De Araujo, A. M, S. F. Guimaraes, T. M. Machado, P. S. Lopes, C. S. Pereira, F. R. Da Silva, M. T. Rodrigues, V. S. Columbiano, C. G. Da Fonseca. 2006. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxoto breed. *Genet. Mol. Biol.*, 29(1): 67-74.
- 3-Elfawal, M. A. 2006. Molecular genetic diversity in characteristics of some Egyptian sheep breeds. Master thesis. Animal Production Department, Faculty of Agriculture, Ain Shams University, Cairo, Egypt.
- 4-FAO. 2004. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management planes. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): Recommended microsatellite markers, Rome, Italy.
- 5-Gutiérrez-Gil B., M. Uzun, J. Arranz, F. S. Primitivo, S. Yildiz, M. Cenesiz, and Y. Bayon. 2006. Genetic diversity in Turkish sheep. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A – Anim. Sci.* 56 (1): 1-7.



الاستاذ الدكتور عبد الرزاق الراوي

من مواليد بغداد عام 1945.
حصل على درجة البكالوريوس من كلية الزراعة جامعة بغداد \ قسم
الانتاج الحيواني في حزيران / يونيو عام 1966. تم تعيينه في كلية الزراعة /
جامعة بغداد وقام بتدريس أول دورة له في خريف عام 1966.
في عام 1971 حصل على درجة الماجستير وفي عام 1978 حصل على
درجة الدكتوراه في علم الوراثة (تربية وتحسين الحيوان) من جامعة
كاليفورنيا ، ديفيز Davis, California (الولايات المتحدة الأمريكية).
على مدار خمسين عامًا قام بتدريس العديد من الكورسات لطلبة الدراسات
الاولية والعليا منها الإنتاج الحيواني ، الالبان ، وتربية وتحسين الحيوان وعلم
الوراثة الكمية ووراثة العشائر وتصميم وتحليل التجارب الزراعية ،
اشرف على تخرج 30 طالب دراسات عليا في جامعات بغداد وصلاح الدين
والسليمانية ومؤسسة المعاهد الفنية.

نشر 132 بحث علمي و حصل على أكثر من 30 جائزة من عدة جهات.
تم ترقيته إلى مرتبة أستاذ من قبل جامعة بغداد عام 1996. ألف العديد من
الكتب و المقالات الفنية والعلمية بالإضافة إلى التقارير الاستشارية إلى
المنظمات المحلية والإقليمية والدولية ومنها UNDP ، IPA ، AOAD ،
Arab Fed for Science ، IFAD ، ILRI ، ICARDA ، AFSED ،
USGC ، IPPA ، FAO ، MINEADEP ، ACSAD ، AFFT ،
GTZ و EEC ، IDRC ، CNFA .

السيرة الذاتية



الاستاذ الدكتور ناطق حميد صالح القدسي

تاريخ الميلاد : 1952

الوظيفة : متقاعد حاليا

الدرجة العلمية : استاذ متمرس

عنوان العمل : كلية علوم الهندسة الزراعية \ جامعة بغداد

الهاتف النقال : 07702755982

البريد الإلكتروني : natik.alkudsi@yahoo.com

حاصل على شهادة البكالوريوس من كلية الزراعة والغابات \

جامعة الموصل في العام 1975.

عين معيدا في كلية الزراعة والغابات في العام 1977

حصل على شهادة الماجستير في العام 1988 والدكتوراه عام

1995 من قسم الانتاج الحيواني \ كلية الزراعة والغابات \ جامعة

الموصل

نقلت خدماته من كلية الزراعة والغابات \ جامعة الموصل الى كلية

الزراعة \ جامعة بغداد

حصل على مرتبة الاستاذية في العام 2008 من قسم الانتاج

الحيواني \ كلية الزراعة \ جامعة بغداد

نشر 50 بحثا في التخصص

اشرف على 9 من طلاب الدراسات العليا

شارك في اكثر من 25 مؤتمر محلي وعربي ودولي

عدد الكتب المؤلفة والمترجمة : 12 كتابا

حاصل على اكثر من 30 كتاب شكر وشهادة تقديرية

احيل على التقاعد في 2019 \ 2019

حصل على الاستاذ المتمرس عام 2020 في كلية علوم

الهندسة الزراعية \ جامعة بغداد

**Republic of Iraq
Ministry of Higher Education
and Scientific Research**

**GENETICS
AND
ANIMAL BREEDING**

**Prof. Dr. Abdulrazzaq A. Al-Rawi
Prof. Dr. Natik H. Al-Kudsi**

2023