

## ارزیابی برنامه‌های انتخاب با و بدون استفاده از داده‌های ژنومی در مرغ‌های بومی ایران

بابک عنایتی<sup>۱</sup>، امیر رشیدی<sup>۲\*</sup>، رستم عبدالهی آرپناهی<sup>۳</sup>، محمد رزم کبیر<sup>۴</sup>

۱- دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۲- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۳- استادیار، گروه علوم دامی، پردیس ایوریجان، دانشگاه تهران

۴- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۲/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۵/۰۵)

### چکیده

هدف از این مطالعه مقایسه سه برنامه انتخاب و دو ویژگی پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در مرغ‌های بومی ایران به کمک شبیه‌سازی رایانه‌ای بود. صفات شبیه‌سازی شده شامل اوزان بدن در زمان تولد (BW1)، هشت هفتگی (BW8)، دوازده هفتگی (BW12) و بلوغ جنسی (BWM)، سن در زمان اولین تخم‌گذاری (AFL)، وزن اولین تخم‌مرغ (EWM)، میانگین وزن تخم‌مرغ (EW) و تعداد تخم‌مرغ (EN) بود. اولین برنامه شامل انتخاب خروس‌ها بر اساس ارزش اصلاحی BW12 و انتخاب مرغ‌ها بر اساس شاخص انتخاب با چهار صفت BW12، AFL، EW و EN بود. در دومین برنامه، همه خروس‌ها و مرغ‌ها بر اساس شاخص بیان شده قبلی، انتخاب شدند. ولی در سومین برنامه، خروس‌ها بر اساس ارزش اصلاحی BW12 و مرغ‌ها بر اساس ارزش اصلاحی EN انتخاب شدند. ارزش‌های اصلاحی افراد در سه برنامه اشاره شده به کمک دو ویژگی BLUP و ssGBLUP پیش‌بینی شدند. تلاقی‌ها بر اساس نسبت مشارکت بهینه انجام شد. نتایج حاصل نشان داد برآوردهای ارزش اقتصادی کل سه برنامه اول، دوم و سوم به ترتیب در روش ssGBLUP برابر با ۴۵۰، ۴۶۰ و ۴۲۱ و در روش BLUP برابر با ۴۳۴، ۳۴۹ و ۴۱۸ بود. ضریب همخونی حاصل از برآوردهای ssGBLUP نسبت به برآوردهای BLUP بیشتر بود (در سه برنامه به ترتیب ۰/۰۸۳، ۰/۲۸۷ و ۰/۰۴۶ در برابر ۰/۰۷۲، ۰/۱۱۶ و ۰/۰۲۴). نتایج حاصل نشان داد برنامه اول برای ایجاد گله مادر جوجه‌های گوشتی، برنامه دوم برای ایجاد گله‌ای دومنظوره برای تولید تخم‌مرغ و گوشت و برنامه سوم برای ایجاد گله‌ای با بیشترین ارزش اقتصادی کل و با حداقل افزایش همخونی مناسب بودند.

**واژه‌های کلیدی:** ارزش اقتصادی کل، راهبرد انتخاب، شاخص انتخاب، ضریب همخونی حقیقی

\* نویسنده مسئول: arashidi@uok.ac.ir

## مقدمه

تخم‌مرغ، منطقی به نظر می‌رسد که در ابتدا هدف تولید مشخص شود (Assan, 2015). بنابراین، بررسی نتایج برنامه‌های ممکن برای بهبود این دو دسته صفات اقتصادی می‌تواند مفید فایده بوده و اولویت‌های مراکز اصلاح نژاد را دستخوش تغییر نماید.

افزایش سرعت و دقت روش‌های تعیین توالی ژنوم و به کارگیری روش‌های آماری پیشرفته، تجزیه ژنتیکی صفات پیچیده را تسهیل کرده است. طیور به دلیل فاصله نسل کوتاه و ایجاد فرزندان زیاد برای مطالعات ارزیابی راهبردهای اصلاح نژاد مناسب هستند. یک فرضیه مطرح این است که نشانگرهای متراکم روی ژنوم قادر هستند تصویر جدیدی از همبستگی بین صفات ارائه دهند (Korte et al., 2012; Maier et al., 2015).

بنابراین در صورت صحت این فرضیه، استفاده از داده‌های ژنومی می‌تواند تا حدودی در رفع آثار همبستگی نامطلوب در بین صفات موثر بوده و در نهایت کارایی مؤثری در بهبود توأم صفات ناسازگار در اصلاح نژاد مرغ دومنظوره داشته باشد. هزینه‌های تعیین ژنوتیپ و هزینه‌های محاسباتی موجب می‌شود روش‌هایی که بتواند اطلاعات شجره‌ای و نشانگری را تلفیق نمایند، مزیت بیشتری داشته باشند و صحت پیش‌بینی ارزش-های اصلاحی را نسبت به روش‌هایی که صرفاً از داده‌های شجره‌ای استفاده می‌کنند، بهبود دهند (Chen et al., 2011). به همین دلیل در تحقیق حاضر استفاده همزمان از داده‌های ژنومی و داده‌های فنوتیپی به منظور برآورد ارزش‌های اصلاحی مطرح شد و روش ssGBLUP به منظور بهره‌گیری از مزیت‌های یاد شده، انتخاب شد.

انتخاب دراز مدت در طیور منجر به کاهش تنوع ژنتیکی صفات می‌شود (Szwaczkowski, 2003). بنابراین بررسی روند همخونی در کنار ارزیابی ژنتیکی برای مقایسه راهبردهای مختلف می‌تواند برای جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی و تحقق یک بهبود مستمر مفید باشد. نتایج یک مطالعه روی داده‌های حقیقی نشان داد فشار انتخاب در انتخاب ژنومی در مقایسه با انتخاب بر مبنای شجره، بر مناطقی از ژنوم بیشتر است (Heidaritabar et al., 2014). این همخونی با روش ارزیابی شجره‌ای که میزان همخونی مورد انتظار را برآورد می‌نماید، قابل اندازه‌گیری نیست. هرچند نتایج بعضی از مطالعات نشان داده است انتخاب ژنومی به دلیل فراهم نمودن اطلاعات بیشتر برای هر فرد و

آزمون برنامه‌های اصلاح نژاد در مزرعه در مقیاس بزرگ، به دلیل صرف زمان و منابع زیاد، تقریباً غیر عملی و غیر ممکن است و شبیه‌سازی در چنین مواردی یک روش سریع، ارزان و قابل توصیه خواهد بود (Sun et al., 2011). عوامل محیطی تصادفی مانند کیفیت خوراک، سلسله مراتب بین افراد در گله، درجه حرارت محیط و بیماری‌ها مانع از بروز ویژگی‌های ژنتیکی می‌شوند و به عنوان سدی در مسیر اصلاح نژاد محسوب می‌شوند. بنابراین شبیه‌سازی می‌تواند فارغ از این شرایط، آثار روش‌های متفاوت انتخاب را بر عملکرد حیوانات نمایان سازد (Thiruvankadan et al., 2010). شرکت‌های اصلاح نژاد در دوره‌های مختلف زمانی برای بهبود ژنتیکی در طیور، روش‌های متفاوتی از انتخاب را به کار گرفته‌اند (Thiruvankadan et al., 2011). روش‌های انتخاب و تلاقی‌های متفاوت در اصلاح نژاد نیز می‌تواند راهکاری مناسب در راستای دو هدف بهبود ژنتیکی و حفظ تنوع باشد (Medrano et al., 2010).

در بسیاری از کشورهای در حال توسعه، ترکیب ژنتیکی مربوط به نژادهای محلی هنوز پایه و اساس اصلاح نژاد طیور را تشکیل می‌دهند چون منابع ژنتیکی مرغ‌های بومی می‌تواند زمینه را برای تولید نژادهایی با تولید مناسب و سازگار با شرایط روستایی فراهم نماید (Pertus et al., 2011). این مرغ‌ها در بسیاری از کشورهای در حال توسعه سهم قابل توجهی در کاهش فقر و امنیت غذایی خانوارهای روستایی دارند (Alders and Pym, 2009). اگرچه مرغان بومی در شرایط بهینه محیطی نیز پرتولید نیستند، اما نسبت به شرایط نامطلوب سیستم پرورش روستایی بسیار سازگار هستند (Ajayi, 2010). بنابراین به نظر می‌رسد این حیوانات مواد اولیه مناسبی برای افزایش سطح تولید، در کنار حفظ سازگاری به شرایط نامطلوب مانند کمبود مواد غذایی، آب بی‌کیفیت، تغذیه نامنظم، مقاومت به بیماری و غیره باشند. هدف از ایجاد مراکز اصلاح نژاد مرغ بومی در ایران، داشتن یک مرغ دومنظوره بود که به لحاظ جثه بزرگ بوده و قادر باشد تخم‌مرغ زیادی تولید کند، این مرغان باید بتوانند این اهداف را تحت شرایط روستایی محقق نمایند. به دلیل عدم سازگاری صفات رشد و تولید گوشت با صفات تولیدمثلی از جمله تولید

کاهش اثر نمونه‌گیری مندلی، موجب کاهش نرخ افزایش همخوانی می‌شود (Wolc, 2015). هدف از این مطالعه ارزیابی سه برنامه انتخاب با و بدون استفاده از داده‌های ژنومی در بهبود ژنتیکی و حفظ همخوانی در مرغ‌های بومی ایران بود. همچنین بررسی توام صفات به کمک شاخص ارزش اقتصادی کل با هدف ارزیابی کارآیی برنامه‌ها در بهبود همزمان صفات اقتصادی از دیگر اهداف این تحقیق بود.

### مواد و روش‌ها

شبه‌سازی در این مطالعه به کمک نرم‌افزار R نسخه 3.4.4 (R Core Team, 2018) و بسته AlphaSimR انجام شد (Gorjanc et al., 2018; Gaynor et al., unpublished). اگر چه بیشتر مطالعات شبه‌سازی بر مبنای یک صفت انجام شده است، لیکن چون در عمل حیوانات برای چندین صفت مهم و اقتصادی انتخاب می‌شوند، این مطالعه شبه‌سازی به صورت هشت صفت انجام شد. صفات شبه‌سازی شده در هر دو جنس عبارت بودند از: وزن بدن در یک روزگی (BW1)، وزن بدن در سن هشت هفتگی (BW8)، وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی (BW12)، وزن بدن در زمان بلوغ جنسی (BWM)، سن در زمان اولین تخم‌گذاری (AFL)، وزن اولین تخم‌مرغ (EWM)، میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ (EW) و تعداد تخم‌مرغ در ۸۰ روز اول پس از بلوغ جنسی (EN). به دلیل اینکه صفات AFL، BWM، EWM، EN و EW محدود به جنس بوده و تنها در مرغ‌ها قابل رکوردگیری بود، فنوتیپ خروس‌ها برای این صفات تشکیل نشد.

ساختار کروموزومی جمعیت پایه با نرم‌افزار MaCS و بر اساس ویژگی‌های از پیش تعیین شده "CHICKEN" مطابق جدول ۱ ایجاد شد (Chen et al., 2009; Hudson, 2009).

$$\alpha_k = a_k + d_k (q_k - p_k)$$

در این معادله  $q_k$  و  $p_k$  به ترتیب فراوانی‌های آلل‌های غیر صفر و صفر در نسل پایه برای QTL  $k$ ام،  $d_k$  آثار ژنتیکی غیرافزایشی برابر صفر و  $a_k$  برابر آثار ژنتیکی افزایشی است که به صورت تصادفی از توزیع گاما با فراسنجه شکل ۰/۴ به کمک تابع زیر نمونه‌گیری شد:

### جدول ۱- ویژگی‌های شبه‌سازی ساختار کروموزومی

Table 1. Characteristics of chromosomal structure simulation

Index	Parameter
Primary effective population size	70
Number of base pairs	$3 \times 10^7$
Morgan length of chromosome	0.84
Mutation rate	$2.5 \times 10^{-8}$
Additional MaCS parameters	-eN <sup>1</sup> 0.18 0.71 -eN 0.36 1.43 -eN 0.54 2.14 -eN 0.71 2.86
	-eN 0.89 3.57 -eN 1.07 4.29 -eN 1.25 5.00 -eN 1.43 5.71

<sup>1</sup> -eN

Generation Number  
4×Primary Effective Population Size

Effective Population Size in the Current Generation  
Effective Population Size in Pre-Generation

جدول ۲- میانگین (Mean)، انحراف معیار (SD)، ضریب تغییرات (CV)، کمترین (Min) و بیشترین (Max) مقادیر صفات برای شبیه‌سازی جمعیت اولیه

Table 2. Mean, standard deviation (SD), coefficient of variation (CV), minimum (Min) and maximum (Max) value of traits for simulating founder population

Traits	Mean	SD	CV(%)	Min	Max
BW1 <sup>1</sup>	37.09	3.30	8.92	26.90	47.60
BW8 <sup>2</sup>	491.74	103.25	20.10	190.00	800.00
BW12 <sup>3</sup>	885.81	166.28	19.77	440.00	1390.00
BWM <sup>4</sup>	1714.79	207.25	12.08	980.00	2600.00
AFL <sup>5</sup>	148.49	25.10	17.5	76.00	225.00
EWM <sup>6</sup>	40.17	6.54	16.29	18.6	62.90
EW <sup>7</sup>	47.5	4.02	8.47	34.4	60.60
EN <sup>8</sup>	40.08	19.16	47.81	10.00	98.00

<sup>1</sup> body weight at birth, <sup>2</sup> body weight at eight weeks of age, <sup>3</sup> body weight at twelve weeks of age, <sup>4</sup> body weight at maturation, <sup>5</sup> age at first laying, <sup>6</sup> weight of first egg, <sup>7</sup> mean egg weight from 28 to 32 weeks of age, <sup>8</sup> egg number

جدول ۳- وراثت‌پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی (زیر قطر) و همبستگی باقی مانده (بالای قطر) صفات برای شبیه‌سازی جمعیت پایه

Table 3. Traits heritability (diagonal), genetic correlation (below diagonal) and residual correlation (above diagonal) for simulating founder population

	BW1	BW8	BW12	BWM	AFL	EWM	EW	EN
BW1 <sup>1</sup>	<b>0.134</b>	0.046	0.041	0.133	0.021	0.037	0.043	-0.041
BW8 <sup>2</sup>	0.245	<b>0.245</b>	0.362	0.361	-0.101	0.002	0.145	0.082
BW12 <sup>3</sup>	0.183	0.169	<b>0.308</b>	0.382	-0.122	0.036	0.158	0.053
BWM <sup>4</sup>	0.249	0.297	0.429	<b>0.301</b>	0.112	0.215	0.307	-0.143
AFL <sup>5</sup>	0.039	-0.174	-0.025	0.003	<b>0.334</b>	0.393	0.054	-0.192
EWM <sup>6</sup>	-0.006	0.256	0.295	0.541	0.175	<b>0.126</b>	0.252	-0.121
EW <sup>7</sup>	0.154	0.340	0.309	0.422	0.148	0.658	<b>0.246</b>	-0.099
EN <sup>8</sup>	0.035	-0.029	-0.070	-0.466	-0.207	-0.663	-0.413	<b>0.157</b>

<sup>1</sup> body weight at birth, <sup>2</sup> body weight at eight weeks of age, <sup>3</sup> body weight at twelve weeks of age, <sup>4</sup> body weight at maturation, <sup>5</sup> age at first laying, <sup>6</sup> weight of first egg, <sup>7</sup> mean egg weight from 28 to 32 weeks of age, <sup>8</sup> egg number

باقیمانده از یک توزیع نرمال با میانگینی برابر با میانگین صفت (جدول ۲) و واریانس برابر با واریانس باقیمانده برای هر صفت محاسبه شد. واریانس باقیمانده به کمک تابع زیر برآورد شد:

$$\sigma_e^2 = \frac{\sigma_{a_0}^2}{h^2} - \sigma_{a_0}^2$$

در این معادله، برابر واریانس ژنتیکی افزایشی در نسل پایه است که برابر با واریانس TBV افراد در نسل پایه است. با توجه به اینکه در این تحقیق از شبیه‌سازی چند صفتی استفاده شد، آثار ژنتیکی افزایشی و باقیمانده با توابع زیر برآورد شد:

$$a_{k,r} = \sum_{r=1}^{nTraits} \sum_{s=1}^r \text{RandDev} \frac{L_{A,r,s}}{\sqrt{n_{QTL}}}$$

در این معادله،  $k$  و  $r$  نشان‌دهنده صفت،  $nTraits$  برابر تعداد صفات،  $L_{A,r,s}$  نشان‌دهنده فاکتور چالسی که از تابع زیر برای تعداد  $k$  QTL و  $r$  صفت قابل برآورد است (Hickey and Gorjanc, 2012):

$$V_A = L_A \cdot L'_A$$

$$a_k = \text{RandDev} \sqrt{\frac{\sigma_a^2}{n_{QTL}}}$$

در این رابطه،  $\text{RandDev}$  نشان‌دهنده نمونه‌گیری تصادفی از توزیع گاما،  $\sigma_a^2$  برابر واریانس ژنتیکی افزایشی اولیه (prior) که حاصل  $h^2 \times SD^2$  است که از جدول ۳ قابل استخراج است و  $n_{QTL}$  برابر تعداد QTL‌های مرتبط با یک صفت است.

میانگین آثار افزایشی برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی حقیقی (TBV) برای هر فرد به وسیله تجمیع آثار جایگزینی آلی برای جایگاه‌ها بر اساس تابع زیر محاسبه شد (Bernardo, 2010):

$$TBV = \sum_{k=1}^{n_{QTL}} [-2 p_k \alpha_k \cdot (q_k - p_k) \alpha_k \cdot 2 q_k \alpha_k] \times [x_{i,k} = 0, x_{i,k} = 1, x_{i,k} = 2]$$

در این رابطه،  $x_{i,k}$  ژنوتیپ فرد  $i$  ام در جایگاه  $k$  QTL است که به صورت صفر، یک و دو مشخص می‌شود. فنوتیپ هر صفت به وسیله اضافه کردن انحراف باقیمانده به ارزش اصلاحی حقیقی هر فرد تعیین می‌شود. انحراف

صفتی متشکل از صفات BW1، EN، AFL، BW12، EWM، BWM، BW8 در معیار انتخاب انجام شد.

برنامه سوم: هدف از این برنامه، بهبود صفت BW12 در خروس‌ها و بهبود صفت EN در مرغ‌ها به صورت تک صفتی و بدون استفاده از معادلات شاخص انتخاب بود. بنابراین خروس‌ها با بالاترین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای صفت BW12 و مرغ‌ها با بیشترین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای صفت EN به عنوان والدین نسل آینده انتخاب شدند.

در هر سه برنامه تعریف شده، اندازه جمعیت موثر مشابه بود. برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات به دو روش ssGBLUP و BLUP صورت گرفت. زمانی که از روش ssGBLUP استفاده شد، فرزندان هر نسل در روز هج و پس از رکوردگیری صفت BW1 و استفاده از این رکوردها در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی صفات، که به صورت هشت صفته انجام شد، انتخاب شدند. با انتخاب در روز هج، امکان انتخاب زودرس و کاهش فاصله نسل به میزان ۳۰ درصد ممکن شد. روش ssGBLUP تغییر شکل داده شده BLUP است که در آن، ماتریس روابط خویشاوندی  $A^{-1}$  به  $H^{-1}$  تغییر داده شده است (Aguilar et al., 2010):

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} + A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

در این معادله، H ماتریس ضرایب روابط خویشاوندی بین حیوانات، A ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی،  $A_{22}$  ماتریس روابط خویشاوندی عددی برای حیوانات تعیین ژنوتیپ شده و G ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی است. برای برآورد ارزش‌های اصلاحی بر اساس ویژگی‌های BLUP و ssGBLUP از نرم‌افزار BLUPF90 استفاده شد (Misztal et al., 2015). بر اساس کمترین درصد خویشاوندی و بالاترین رقم شاخص، نسبت مشارکت ژنتیکی هر والد در نسل بعد به کمک نرم افزار Gencont~2 (Dagnachew and Meuwissen, 2014) محاسبه شد. این نسبت با هدف ایجاد افرادی در نسل بعد با بیشترین رقم شاخص و حداقل همخوانی تعیین شد (Caballero and Toro, 2002). در نهایت افراد منتخب بر اساس این نسبت و به صورت تصادفی با یکدیگر تلاقی داده شدند. برای استفاده از نرم‌افزار BLUPF90، فایل‌های اطلاعاتی مورد نیاز شامل شجره، رکوردهای فنوتیپی و فایل ژنوتیپ و برای استفاده از نرم‌افزار Gencont~2، فایل افراد منتخب به همراه شاخص کل برای هر فرد، از

$V_A$  ماتریس واریانس-کوواریانس ژنتیکی آغازکننده است که در جدول ۳ قابل رویت است.

$$e_{i,r} = \sum_{r=1}^{nTraits} \sum_{s=1}^r RandDev L_{E_{r,s}}$$

که در این رابطه،  $RandDev$  نشان‌دهنده نمونه‌گیری تصادفی از توزیع نرمال با میانگین برای هر صفت برگرفته از جدول ۲ و واریانس برای هر صفت حاصل شده از تابع بیان شده قبلی،  $L_{E_{r,s}}$  نشان‌دهنده فاکتور چالسکی که از تابع زیر برای هر فرد  $i$  و هر صفت  $r$  قابل برآورد است (Hickey and Gorjanc, 2012):

$$V_E = L_E \cdot L'_E$$

$V_E$  ماتریس واریانس-کوواریانس باقیمانده آغازکننده است. ارزش اقتصادی صفات BW12، AFL، EN و EW به ترتیب برابر ۷۴۴/۳۵، -۸۱۹، -۵۵۳۷/۳ و ۱۵۵۶/۱ ریال و ضرایب شاخص انتخاب برای صفات BW12، AFL، EW، EN، BW1، BW8، BWM و EWM به ترتیب برابر -۴۴۳/۵۱، -۲۶۲/۹، ۷۸۶، ۴۰۱/۴، ۲۹۱/۴، ۴۲/۷۴ و -۱۲۱۶/۷ بود (عنایتی و همکاران، ۱۳۹۷).

برای ایجاد هر نسل بر مبنای هر برنامه انتخاب، ۱۰۰ خروس و ۸۰۰ مرغ از بین ۷۵۰۰ فرد جمعیت انتخاب شدند. به منظور تعیین بهترین راهبرد اصلاح نژادی برای مرغ‌های بومی کشور، سه راهبرد اصلاح نژادی طراحی شد. برنامه‌ها طوری طراحی شدند که نزدیک‌ترین تشابه را با برنامه‌های در حال اعمال در کشور داشته باشند. به عنوان مثال برنامه اول مشابه برنامه در حال اعمال روی مرغان بومی است و برنامه‌های دوم و سوم با اندکی تغییر طراحی شدند تا احتمال استفاده تصمیم‌گیرندگان مرغ بومی کشور از دستاوردهای این تحقیق بیشتر شود. سه برنامه به شرح بود:

**برنامه اول:** هدف از این برنامه، بهبود صفت BW12 در خروس‌ها و بهبود چهار صفت BW12، AFL، EN و EW در مرغ‌ها بود. خروس‌ها بر اساس انتخاب تک صفتی و بر مبنای ارزش اصلاحی صفت BW12 و مرغ‌ها بر اساس شاخص انتخاب چند صفتی شامل صفات موجود در معیار انتخاب (BW12، AFL، EN، BW1، BW8، BWM و EWM) گزینش شدند.

**برنامه دوم:** هدف از این برنامه، بهبود چهار صفت BW12، AFL، EN و EW بود. بنابراین انتخاب والدین در هر دو جنس (خروس‌ها و مرغ‌ها) بر اساس شاخص انتخاب چند

میزان ۳۰ درصد برآورد شد. بنابراین فاصله نسل در هنگام استفاده از برآوردهای ssGBLUP به میزان ۳۰ درصد کاهش یافت. یک روش برای ارزیابی برنامه‌های انتخاب مطالعه روند ژنتیکی است که نشان‌دهنده تغییر میانگین ارزش ژنتیکی برای صفت مورد نظر طی اعمال برنامه انتخاب است (Gaya et al., 2007).

### نتایج و بحث

روند ژنتیکی وزن بدن در سن دوازده هفتگی در برنامه‌های انتخاب مورد مطالعه در شکل ۱ نشان داده شده است. روند ژنتیکی میانگین ارزش اصلاحی حقیقی BW12 برای تمام راهبردها مثبت بود. در گزارشی روند ژنتیکی این صفت طی ۱۳ نسل در مرغ بومی فارس ۹/۵ گرم اعلام شده است (Ghorbani and Kamali, 2007). بهترین عملکرد در بین راهبردهایی که از روش ssGBLUP استفاده کرده بودند، مربوط به برنامه اول بود. همچنین نتایج این برنامه در بین برنامه‌هایی که از روش BLUP نیز استفاده کرده بودند مطلوب‌تر بود.

یعنی فارغ از اثر روش پیش بینی ارزش‌های اصلاحی، نتایج راهبرد اول در بهبود صفت BW12 مطلوب‌تر از دو راهبرد دیگر بود. بنابراین برای بهبود این صفت، برنامه انتخاب اول مطلوب بود. علت این نتیجه می‌تواند به دلیل اعمال انتخاب به صورت تک صفته در خروس‌ها برای این صفت باشد. نتایج تحقیقات در داده‌های مزرعه نشان داده است برنامه انتخابی مشابه راهبرد اول در تحقیق حاضر، موجب ایجاد روند ژنتیکی و فنوتیپی مثبت بر صفت BW12 می‌شود (Ghorbani and kamali, 2007; Niknafs et al., 2011). برنامه‌های انتخاب دوم و سوم به همراه ssGBLUP به ترتیب در رتبه‌های بعدی و برنامه دوم و سوم که از ویژگی BLUP استفاده نمودند نیز با فاصله در رتبه‌های آخر قرار داشتند. عدم توفیق برنامه سوم که مشابه برنامه اول از انتخاب مستقیم برای صفت BW12 در خروس‌ها بهره می‌برد به دلیل عدم لحاظ این صفت در انتخاب مرغ‌ها است که نتوانسته است نتایجی مشابه برنامه اول کسب کند. لحاظ نمودن صفت BW12 به عنوان یکی از صفات هدف در انتخاب مرغ‌ها و تنها هدف تعریف شده برای انتخاب خروس‌ها عامل اصلی موفقیت برنامه اول بود. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت زمانی که هدف بهبود صفات وزن بدن باشد برنامه اول مطلوب خواهد بود و اضافه نمودن داده‌های ژنومی

جمعیت‌های طراحی شده به کمک بسته AlphaSimR از محیط R استخراج شد. پس از انجام تجزیه و تحلیل با نرم‌افزارهای مذکور، مجدداً نتایج حاصل به جمعیت معرفی شد. این عملیات به وسیله تابع WriteRecords در بسته AlphaSimR و برنامه‌نویسی در محیط R انجام گرفت.

در این تحقیق برای مقایسه ضریب همخونی در هر برنامه، از سه روش زیر استفاده شد:

۱- ضریب همخونی شجره‌ای که ضریب همخونی مورد انتظار را بر مبنای روابط شجره‌ای برآورد می‌کند. برای محاسبه این نوع ضریب همخونی از نرم‌افزار CFC استفاده شد (Sargolzaei et al., 2006).

۲- ضریب همخونی ژنومی که ضریب همخونی را بر اساس کاهش هتروزیگوسیتی بین دو نسل اولیه (در این تحقیق نسل صفر) و نسل مورد نظر (در این تحقیق نسل دهم) برای هر جایگاه SNP طبق تابعی که در بند سوم بیان می‌شود، برآورد می‌نماید.

۳- ضریب همخونی حقیقی که ضریب همخونی را بر اساس کاهش هتروزیگوسیتی بین دو نسل اولیه (در این تحقیق نسل صفر) و نسل مورد نظر (در این تحقیق نسل دهم) برای هر جایگاه QTL طبق تابع زیر برآورد می‌نماید.

$$F = \frac{1}{n} \sum_{L=1}^n \left(1 - \frac{H_{OL}}{H_{EL}}\right)$$

در این رابطه،  $H_{EL}$  میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار برای جایگاه  $L$  ( $L = 1, 2, 3, \dots, n$ ) که از روی فراوانی‌های آلی در جمعیت پایه (در این تحقیق نسل صفر) قابل محاسبه است،  $H_{OL}$  میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده جایگاه  $L$  در نسل آخر (در این تحقیق نسل دهم) است. به منظور ارزیابی عملکرد یک برنامه به صورت همزمان در کلیه صفات هدف انتخاب از ویژگی ارزش اقتصادی کل که به اختصار با TEV نشان داده می‌شود (Zander et al., 2013) استفاده شد. TEV عبارت است از مجموع افزایش میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات هدف انتخاب (BW12، AFL، EW و EN) (اختلاف بین این ارزش‌ها در نسل صفر و نسل دهم)، که در ارزش اقتصادی هر یک از این صفات ضرب می‌شوند. گزارش شده است استفاده از داده‌های ژنومی و انتخاب در روز هیچ موجب کاهش ۵۰ درصدی در فاصله نسل مرغان لگهورن می‌شود (Wolc et al., 2015). در ارزیابی به کمک ssGBLUP فاصله نسل کاهش یافت، لیکن به دلیل نوع صفات و زمان مورد نیاز برای رکوردگیری در صفات مرغ بومی، این کاهش به

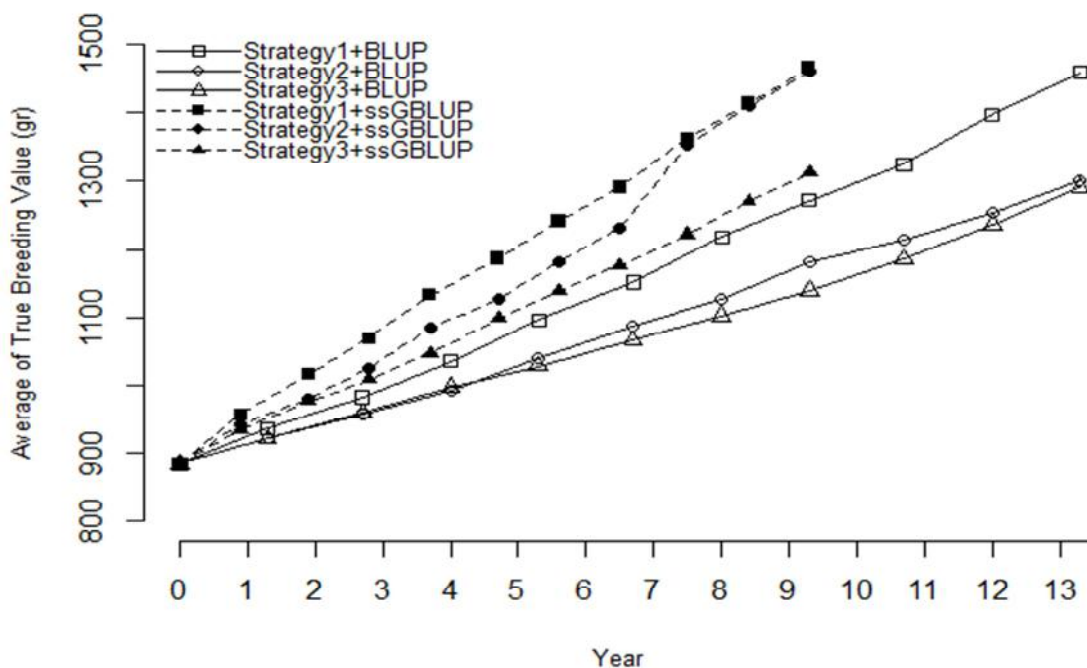


Fig. 1. The genetic trend of body weight at 12 weeks of age at studied strategies

شکل ۱- روند ژنتیکی وزن بدن در سن دوازده هفتگی در راهبردهای مورد مطالعه

BLUP و برنامه دوم به همراه BLUP به ترتیب بهترین عملکرد را در کاهش صفت AFL داشتند و سه برنامه دیگر عملکرد مطلوبی نداشتند (شکل ۲). برنامه انتخاب اول بدون استفاده از داده‌های ژنومی عملکرد مطلوبی در کاهش AFL داشت، ولی این برنامه انتخاب با استفاده از داده‌های ژنومی عملکرد قابل قبولی نداشت. برعکس این نتیجه در خصوص برنامه دوم بود که استفاده از داده‌های ژنومی موجب عملکرد بهتر شد. این نتایج نشان داد اثر متقابلی می‌تواند بین روش انتخاب و استفاده یا عدم استفاده از داده‌های ژنومی برای این صفت وجود داشته باشد.

صفت سن در اولین تخم‌گذاری یک صفت اقتصادی مهم است که تولید تخم‌مرغ را تحت تاثیر قرار می‌دهد. این صفت به عنوان هدف انتخاب در برنامه‌های اول و دوم در نظر گرفته شد. روند نزولی این صفت مطلوب خواهد بود چون با کاهش سن بلوغ، دوره تولید سریع‌تر آغاز شده و موجب طولانی‌تر شدن این دوره می‌شود. هر چند بلوغ خیلی زودرس موجب نقص‌های فیزیولوژیکی و آناتومیکی خواهد شد که مطلوب نخواهد بود. هنوز مطالعه‌ای در خصوص سن بلوغ بهینه برای مرغ بومی انجام نشده است، بنابراین کاهش حداکثری این صفت در این مطالعه مورد نظر بود. کاهش میانگین ژنتیکی برای AFL در دو لاین خالص با رنگ تخم قهوه‌ای طی هشت سال به میزان

می‌تواند موجب بهبود بیشتر در پیشرفت ژنتیکی این صفت شود و برنامه دوم و سوم در رتبه‌های بعدی قرار داشته و استفاده از داده‌های ژنومی در هر برنامه موجب بهبود عملکرد می‌شود. روند ژنتیکی سن در اولین تخم‌گذاری تحت تاثیر برنامه‌های مورد مطالعه طی ۱۰ نسل در شکل ۲ ارائه شده است. روند کاهشی سن در اولین تخم‌گذاری در تمام برنامه‌ها مشهود بود. علیرغم عدم وجود صفت AFL در صفات تحت انتخاب در برنامه سوم، روند کاهشی آن می‌تواند به دلیل همبستگی منفی این صفت با صفت EN باشد (جدول ۲)، که به عنوان تنها صفت تحت انتخاب در مرغ‌ها بوده است. هر چند میزان کاهش آن نسبت به سایر برنامه‌ها خیلی زیاد نبود. از طرفی میانگین ژنتیکی این صفت پس از اعمال برنامه سوم به همراه BLUP در نسل‌های پایانی یک روند رو به بالا را نشان داد که دلیل آن می‌تواند روند رو به رشد صفت EW باشد. در برنامه سوم، صفت AFL در هدف انتخاب حضور نداشت (بر خلاف دو برنامه دیگر که AFL در هدف انتخاب موجود بود)، بنابراین محدودیتی برای کاهش آن اعمال نشد. اما بهبود چشمگیر صفات وزن بدن منجر به بهبود EW در نسل‌های پایانی شد (شکل ۳).

همبستگی مثبت بین این صفت و AFL می‌تواند دلیلی بر روند مثبت این صفت در نسل دهم باشد (شکل ۲). برنامه دوم به همراه ssGBLUP، برنامه اول به همراه

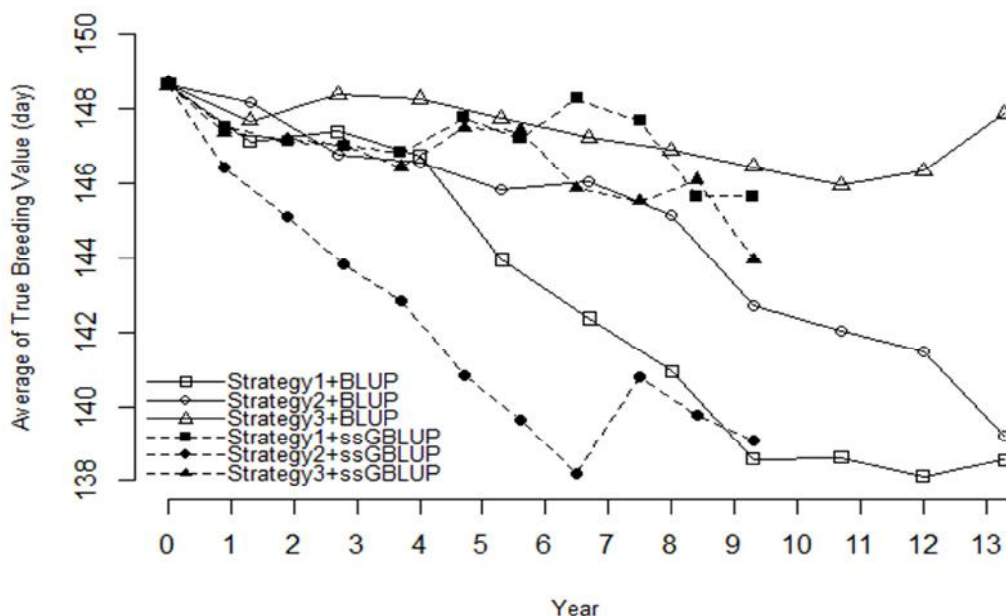


Fig. 2. The genetic trend of age at first egg at studied strategies

شکل ۲- روند ژنتیکی سن در اولین تخم گذاری در راهبردهای مورد مطالعه

در رتبه بعدی قرار داشت. تفاوت بین این دو برنامه، اعمال شاخص انتخاب در مرغ‌ها بود که در برنامه اول اعمال شد. در برنامه‌های اول و سوم، خروس‌ها صرفاً بر مبنای صفت BW12 انتخاب شدند، اما در برنامه دوم، شاخص انتخاب در خروس‌ها اعمال شد. همانطور که پیش از این اشاره شد بهبود صفات وزن بدن منجر به بهبود صفات وزن تخم مرغ هم می‌شود. بنابراین وجود شاخص با صفت EW در هدف و معیار انتخاب و بهبود صفات وزن بدن عامل موفقیت برنامه اول در بهبود صفت EW بود. نتایج نشان داد EW تابعی از وزن بدن است و انتخاب خروس‌ها به صورت مستقیم برای BW12 می‌تواند عملکرد صفت EW را نیز بهبود دهد. نتایج پژوهش‌های انجام گرفته نشان داده است مرغ‌های یک خط خونی که به لحاظ جثه بزرگتر هستند، نسبت به مرغ‌های خط خونی دیگر که جثه کوچکتری دارند تخم مرغ بزرگتری می‌گذارند (Du Plessis and Erasmus, 1972). بهبود این صفت بیشتر تحت تاثیر برنامه انتخاب بود و استفاده یا عدم استفاده از داده‌های ژنومی قادر نبود رتبه برنامه‌ها را تغییر دهد. محققین همبستگی منفی پایین (Goger et al., 2010) تا متوسطی (Shadparvar and Enayati, 2012) را بین دو صفت EN و EW گزارش کرده‌اند، بنابراین عملکرد بهتر برنامه انتخاب اول که در بهبود صفت EN موفق نبود، می‌تواند تا حدودی مربوط به این همبستگی منفی نیز باشد.

(Goger et al., 2010) و ۸/۳- روز گزارش شده است (Rosa et al., 2018). در یک مطالعه روی لگهورن سفید، میانگین سن بلوغ به میزان ۱۴۵/۷۴ روز گزارش شد (AFL). در مطالعه دیگر در مرغ بومی هند، میانگین AFL در هج‌های مختلف، ۱۶۴/۷۴، ۱۵۶/۷۹ و ۱۶۹/۲۴ روز بود (Hussain, 2016). در مطالعه‌ای دیگر طی ۱۵ نسل انتخاب این روند به میزان ۱/۶۵- روز گزارش شد (Ghorbani and Kamali, 2007). گزارش شده است که نوع مدیریت پرورش می‌تواند AFL را تحت تاثیر قرار دهد. به عنوان مثال مرغ‌هایی که در مزارع پرورش داده می‌شوند نسبت به مرغ‌های با چرای آزاد زودتر بالغ می‌شوند که می‌تواند ناشی از توازن مواد مغذی خوراک باشد (Malik and Singh, 2010). نتایج یک مطالعه در مرغ‌های بومی آذربایجان غربی نشان داد رابطه ژنتیکی متضادی بین BW12 و AFL وجود دارد، بدین معنی که انتخاب طولانی‌مدت برای بهبود BW12 موجب کاهش سن بلوغ جنسی می‌شود (Jafarnejad et al., 2017). از دیدگاه فیزیولوژیکی، سرعت رشد موجب تکمیل زودهنگام دستگاه تناسلی و در نهایت موجب بلوغ زودرس می‌شود (El-Dlebs hany, 2008).

روند ژنتیکی وزن تخم مرغ طی ۱۰ نسل در برنامه‌های مورد مطالعه در شکل ۳ ارائه شده است. راهبرد اول بهترین عملکرد را برای این صفت نشان داد و راهبرد سوم



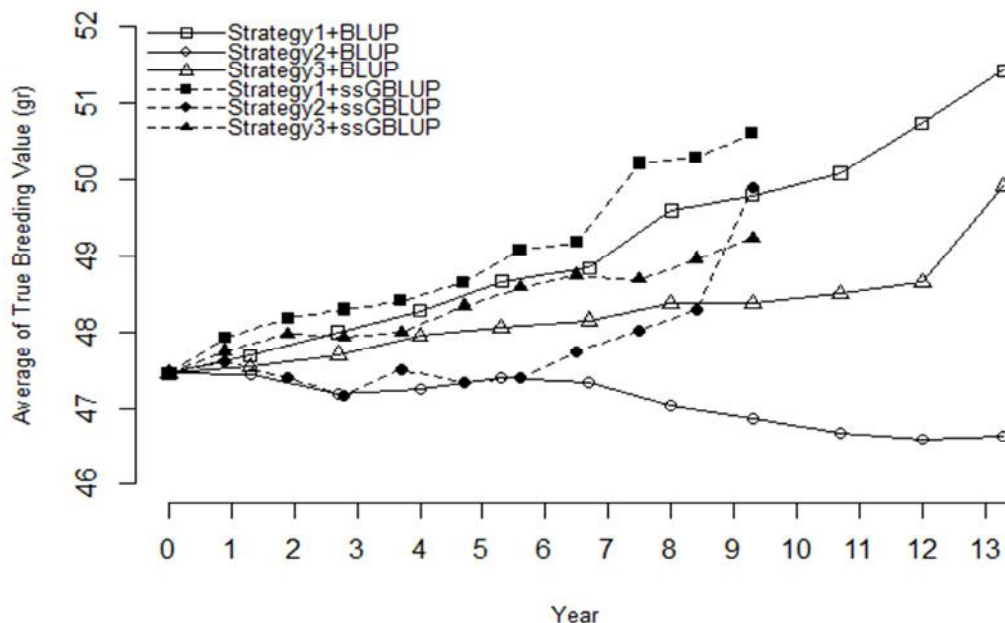


Fig. 3. The genetic trend of egg weight at studied strategies

شکل ۳- روند ژنتیکی وزن تخم مرغ در راهبردهای مورد مطالعه

نتایج نشان دهنده روند ژنتیکی مثبت برای صفت توده تخم مرغ به همراه یک روند ژنتیکی منفی برای EW بود. این نتیجه می تواند به دلیل روند مثبت برای EN باشد (Niknafs et al., 2013). نتایج یک تحقیق دیگر روند ژنتیکی مثبت برای EN را در کنار روند ژنتیکی منفی برای EW در پرندگان رودایسلند در نشان داد (Goger et al., 2010). همچنین نتیجه مشابهی در مرغ های بومی آذربایجان گزارش شده است (Jafarnejad et al., 2017)، که با نتایج برنامه دوم تحقیق حاضر مطابقت داشت. علت این نتیجه می تواند به دلیل عدم اعمال فشار زیاد برای بهبود BW12 و بهبود مناسب در EN باشد. نتایج یک پژوهش نشان داد روند ژنتیکی EN و EW مثبت است (Ghorbani and Kamali, 2007)، که با نتایج تحقیق حاضر به جز نتایج برنامه دوم مطابقت داشت.

تغییرات میزان هتروزیگوسیتی و همخونی در برنامه های مختلف در جدول ۴ ارائه شده است. میزان هتروزیگوسیتی در نسل پایه برابر ۱۷/۰۳۷ درصد بود و میزان هتروزیگوسیتی در همه استراتژی ها تحت تاثیر انتخاب کاهش یافت. برنامه دوم که شاخص انتخاب را برای هر دو جنس منظور کرد، هتروزیگوسیتی را بیشتر کاهش داد. بنابراین انتخاب هم جهت در دو جنس، نسبت به زمانی که مرغ و خروس بر اساس صفت یا شاخص متفاوت انتخاب شوند، بیشتر منجر به ایجاد همخونی خواهد شد.

نتایج مشابهی به وسیله سایر محققین در داده های مزرعه ای گزارش شده است (Goger et al., 2010). نتایج یک پژوهش دیگر نشان داد علیرغم همبستگی منفی بین دو صفت EN و EW، روند مثبتی برای دو صفت مشاهده شد که می تواند به دلیل استفاده از شاخص انتخاب و قراردادن دو صفت در هدف انتخاب باشد (Ghorbani and Kamali, 2007). نتایج این تحقیق با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. تعداد تخم مرغ یکی از صفات اقتصادی مهم در پرورش مرغ بومی و به خصوص در مناطق روستایی است و روند ژنتیکی این صفت در شکل ۴ نمایش داده شده است. نتایج نشان داد EN بیش از آن که تحت تاثیر استفاده یا عدم استفاده از داده های ژنومی باشد تابعی از برنامه انتخاب است (شکل ۴). برنامه سوم که در آن، مرغ ها به صورت مستقیم بر اساس صفت EN انتخاب شدند، عملکرد بهتری از سایر برنامه ها داشت، لیکن منظور نمودن داده های ژنومی موجب بهبود بیشتر این صفت شد. در رتبه بعد، برنامه دوم قرار داشت که در آن، راهبرد شاخص انتخاب برای انتخاب خروس ها و مرغ ها اعمال شد و با توجه به اینکه EN یکی از صفات هدف انتخاب بود، این برنامه توانست رتبه بعدی را به خود اختصاص دهد. مجدداً منظور نمودن داده های ژنومی موجب بهبود نسبی عملکرد این استراتژی شد.

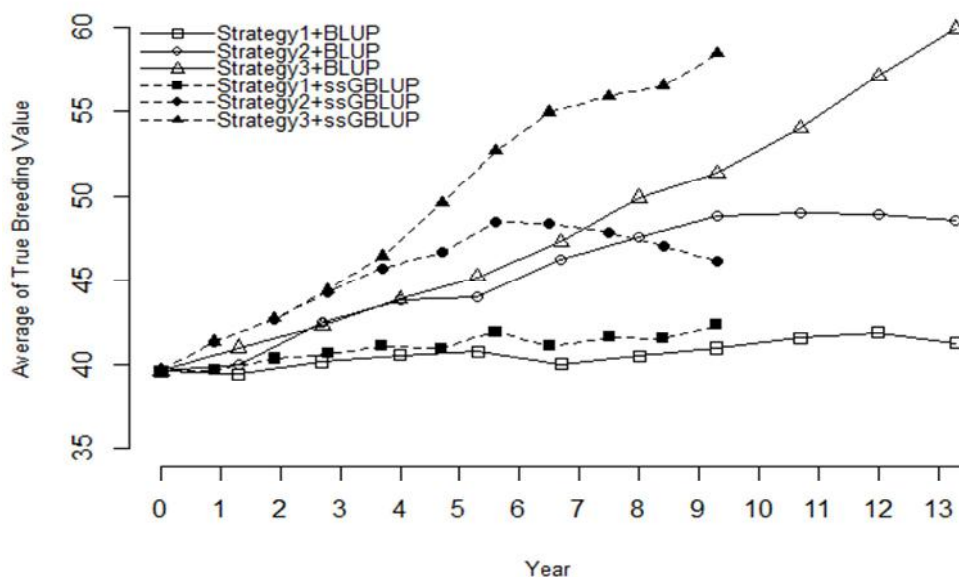


Fig. 4. The genetic trend of egg number at studied strategies

شکل ۴- روند ژنتیکی تعداد تخم‌مرغ در راهبردهای مورد مطالعه

جدول ۴- میزان هتروزایگوسیتی حقیقی، هتروزایگوسیتی ژنومی، همخونی حقیقی، همخونی ژنومی و همخونی شجره‌ای برای نسل دهم در هر برنامه مورد مطالعه

Table 4. True heterozygosity, genomic heterozygosity, true inbreeding, genomic inbreeding and pedigree inbreeding for tenth generation in each studied strategy

Title	Strategy1 +BLUP	Strategy2 +BLUP	Strategy3 +BLUP	Strategy1 +ssGBLUP	Strategy2 +ssGBLUP	Strategy3 +ssGBLUP
True heterozygosity <sup>1</sup> (%)	15.669	14.923	16.480	15.481	12.035	16.118
Genomic heterozygosity <sup>2</sup> (%)	15.890	15.194	16.582	15.614	12.005	16.156
True inbreeding <sup>3</sup>	0.072	0.116	0.024	0.083	0.287	0.046
Genomic inbreeding <sup>4</sup>	0.041	0.109	0.003	0.076	0.257	0.045
Pedigree inbreeding	0.048	0.078	0.038	0.047	0.228	0.036

<sup>1</sup> True heterozygosity at base generation was 17.037 and is heterozygosity at QTL's loci, <sup>2</sup> Genomic heterozygosity is heterozygosity at SNP's loci, <sup>3</sup> Decreased heterozygosity at QTL's loci, <sup>4</sup> Decreased heterozygosity at SNP's loci

است، در صورتی که آثار انتخاب به روش BLUP بر تمام نقاط ژنوم مؤثر است. آثار انتخاب در نهایت موجب تغییر فراوانی‌های آللی و تنوع ژنتیکی می‌شود (Haidaritabar *et al.*, 2014). کاهش نرخ همخونی ناشی از کاربرد انتخاب ژنومی برای صفاتی با وراثت‌پذیری پایین (Lillehammer *et al.*, 2011) زمانی به وقوع می‌پیوندد که بخش بزرگی از واریانس به وسیله نشانگرها توصیف شود (deRoose *et al.*, 2011). همخونی ژنومی در برنامه‌های اول، دوم و سوم به همراه ssGBLUP بیشتر از مقدار مربوطه در این سه برنامه به همراه BLUP بود، چون تابعی از میزان هتروزایگوسیتی است. نتایج یک پژوهش نشان داد همخونی ژنومی شاخص مناسبی از همخونی حقیقی است و می‌تواند به عنوان جایگزینی برای همخونی شجره‌ای در جمعیت‌های فاقد شجره باشد (Wang and Da, 2014). نتایج گزارش شده از یک پژوهش نشان داد همخونی شجره‌ای تمایل به حد پایین همخونی حقیقی دارد و

استفاده از داده‌های ژنومی موجب کاهش بیشتر هتروزایگوسیتی در تمام موارد شد. این موضوع می‌تواند به دلیل فشار بیشتر به ژنوم برای یافتن آللهایی باشد که برای چند صفت دارای اثر مطلوب هستند (برنامه دوم با استفاده از داده‌های ژنومی دارای بیشترین TEV و بیشترین همخونی بود).

هتروزایگوسیتی به وجود دو آلل متفاوت در یک جایگاه اطلاق می‌شود. گسترش فناوری‌های ژنومی توانایی تشخیص هزاران جایگاه را برای یافتن مناطقی با میزان هتروزایگوسیتی کم یا زیاد فراهم کرده است. تغییر در میزان هتروزایگوسیتی جایگاه‌های تعیین ژنوتیپ شده، نشانگر عمل انتخاب و افزایش همخونی در جمعیت خواهد بود (Baumung and Solkner, 2003). محققین با مطالعه داده‌های مزرعه‌ای گزارش کرده‌اند با شدت انتخاب یکسان، آثار انتخاب به روش GBLUP نسبت به BLUP بر مناطق خاصی از ژنوم بیشتر و بر برخی مناطق کمتر

وجود تفاوت ناچیز بین استفاده و عدم استفاده از داده‌های ژنومی در برنامه سوم علیرغم بهبود صحت برآوردها در زمان استفاده از داده‌های ژنومی، این ابهام را بر طرف خواهد کرد (شکل ۶).

همچنین میزان بهبود صفت BW12 در برنامه دوم به همراه ssGBLUP پس از گذشت چند سال (طی نسل‌های هشتم الی دهم) به نتایج برنامه اول به همراه ssGBLUP نزدیک شد. این نتیجه احتمالاً به دلیل کارایی شاخص انتخاب در گزینش QTLهایی با اثر مطلوب برای چند صفت است. همان طور که بیان شد در راهبرد اول، شاخص انتخاب صرفاً در مرغ‌ها و در راهبرد دوم، شاخص انتخاب در هر دو جنس اعمال شد. این گزینش منجر به فشار بیشتر بر ژنوم و افزایش همخوانی حقیقی شد که در نتایج جدول ۴ قابل مشاهده است. نتایج یک مطالعه شبیه‌سازی با یک برنامه انتخاب برشی برای مقایسه BLUP و GBLUP نشان داد میزان بهبود ژنتیکی حاصل از روش GBLUP، ۱۱ درصد بیشتر از BLUP بود. همچنین میزان همخوانی شجره‌ای برای GBLUP خیلی کمتر از BLUP بود، ولی تفاوت میزان همخوانی ژنومی بسیار ناچیز بود (Soneson *et al.*, 2012). همچنین با تغییر برنامه انتخاب به optimum contribution selection، بهبود ژنتیکی حاصل از GBLUP به میزان ۲۵ تا ۳۵ درصد بیشتر از BLUP بود.

اندازه‌گیری همخوانی بر اساس هتروزایگوسیتی قادر است اتوزایگوسیتی را با صحت بیشتری در سطح ژنوم برآورد نماید (Forutan *et al.*, 2018).

ارزش اقتصادی کل برای سناریوهای مورد بررسی در شکل ۵ نشان داده شده است. ارزش اقتصادی کل برای هر سه برنامه در زمانی که از ssBLUP استفاده شده بالاتر از زمانی بود که از BLUP استفاده شد (شکل ۵). میزان تفاوت بین استفاده ssGBLUP و BLUP در برنامه دوم بیشتر بود. این نتایج نشان داد زمانی که مجموعه‌ای از صفات در هدف انتخاب قرار داشته باشد استفاده از داده‌های ژنومی دارای مزیت بیشتری است. برخی از پژوهشگران بیان کرده‌اند یکی از اهداف اولیه استفاده از نشانگرها در اصلاح دام، غلبه بر همبستگی نامطلوب بین صفات است (Weller, 2016). این موضوع در انتخاب توام چند صفت به صورت همزمان می‌تواند سبب افزایش فراوانی آللهایی با آثار پلیوتروپی مثبت و یا منفی مطلوب بین صفات باشد. به همین دلیل تفاوت ناچیزی بین استفاده و عدم استفاده از داده‌های ژنومی در راهبرد سوم مشاهده شد که در برنامه انتخاب آن‌ها از شاخص انتخاب استفاده نشده بود. ممکن است به نظر رسد برتری برنامه‌ی اول و دوم به همراه ssGBLUP، نسبت به این دو برنامه به همراه BLUP ناشی از افزایش صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی در زمان استفاده از داده‌های ژنومی باشد، اما

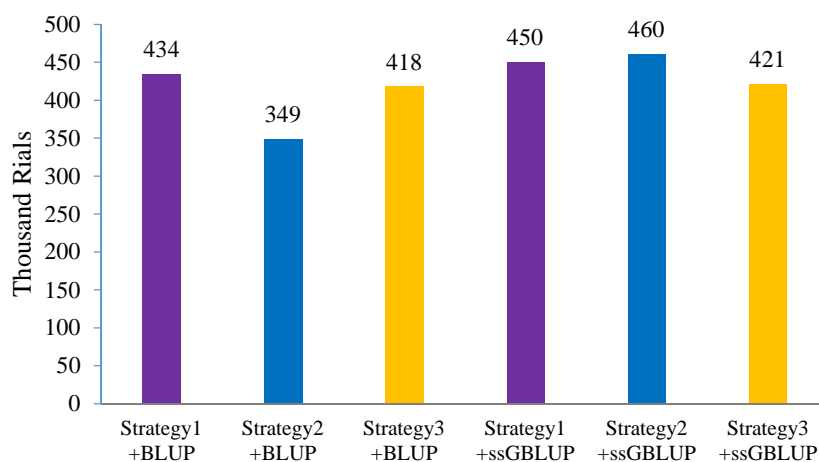


Fig. 5. Total economic values for different strategies

شکل ۵- ارزش اقتصادی کل برای راهبردهای مختلف

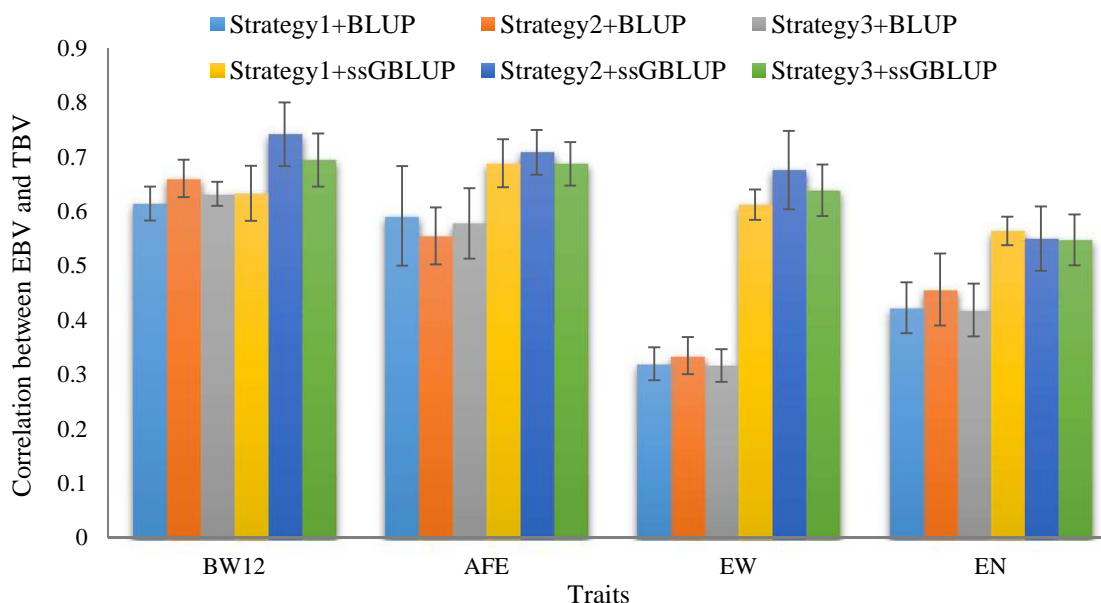


Fig. 6. Average accuracy of breeding value predictions for different strategies

شکل ۶- میانگین صحت پیش‌بینی‌های ارزش اصلاحی در راهبردهای مختلف

در تحقیق حاضر، بهترین عملکرد در ویژگی TEV به ازای یک درصد افزایش ضریب همخوانی حقیقی مربوط به راهبرد سوم بود (شکل ۷). راهبرد سوم به همراه BLUP نیز به صورت قابل توجهی بهتر از این راهبرد به همراه ssGBLUP بود. راهبرد دوم به همراه ssGBLUP بر اساس نتایج گزارش شده در شکل ۷ دارای بدترین عملکرد بود، علیرغم اینکه در شکل ۵ بالاترین عملکرد را نشان داد. این نتایج می‌تواند به دلیل جلوگیری از رشد همخوانی باشد.

صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با استفاده از داده‌های ژنومی افزایش می‌یابد و همبستگی بین EBVها را در بین خویشاوندان کاهش خواهد داد (Clark et al., 2013). بنابراین روش ژنومی می‌تواند ابزار مناسبی برای افزایش صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی برای صفاتی باشد که فاقد فنوتیپ هستند (Li et al., 2014). نتایج تحقیق حاضر نشان داد صحت پیش‌بینی برآوردها در صفات محدود به جنس (AFL، EW و EN) در سه راهبرد به همراه ssGBLUP، بیشتر بود (شکل ۶).

### نتیجه‌گیری کلی

به طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد استفاده از داده‌های ژنومی قادر است بهبود ژنتیکی بیشتری در صفات و همچنین در ارزش اقتصادی کل ایجاد نماید.

اگرچه به طور همزمان میزان همخوانی ژنومی برای GBLUP نیز افزایش یافت، تفاوت بین میزان همخوانی شجره‌ای برای دو نوع برآورد بسیار ناچیز بود (Soneson et al., 2012). بنابراین می‌توان بیان کرد روش برآورد میزان همخوانی به روش شجره قادر به برآورد میزان همخوانی ایجاد شده به وسیله روش انتخاب ژنومی نخواهد بود. نتایج یک مطالعه شبیه‌سازی دیگر نشان داد انتخاب ژنومی به میزان قابل ملاحظه‌ای نسبت به روش‌های کلاسیک در صفات تولید مثلی بهبود ژنتیکی ایجاد می‌کند. این پدیده می‌تواند ناشی از کاهش فاصله نسل و افزایش بیشتر در میزان همخوانی باشد (Zibei et al., 2016).

نتایج یک پژوهش با داده‌های شبیه‌سازی شده نشان داد میزان بهبود ژنتیکی در انتخاب ژنومی، بیشتر ولی میزان همخوانی در هر نسل با روش‌های کلاسیک یکسان خواهد بود. اما اگر میزان پیشرفت ژنتیکی بر اساس سال محاسبه شود، میزان همخوانی نسبت به روش‌های کلاسیک بیشتر خواهد شد (Roos et al., 2010). بنابراین منطقی به نظر می‌رسد که برای مقایسه راهبردهای مختلف، میزان بهبود به ازای افزایش یک درصدی ضریب همخوانی مقایسه شود و بهترین گزینه نیز ضریب همخوانی حقیقی باشد.

از داده‌های ژنومی به دلیل هزینه تعیین ژنوتیپ (وجود گله‌های بزرگ طیور)، رشد همخونی و اختلاف نه چندان چشمگیر در بهبود ژنتیکی صفات رکوردگیری شده در مراکز اصلاح نژاد مرغ بومی کشور، نمی‌تواند یک مزیت محسوب شود.

### تشکر و قدردانی

از آقای دکتر گریگور گورجانک (Gregor Gorjanc) از انستیتو روزلین (Roslin) وابسته به دانشگاه ادینبورگ کشور اسکاتلند که صمیمانه به سوالات و ابهامات در خصوص بسته AlphaSimR پاسخ دادند و همچنین از خانم دکتر آنا ولک (Anna Wolc) از دانشگاه آیوا به واسطه راهنمایی‌های ایشان تشکر و قدردانی می‌شود.

اگرچه استفاده از داده‌های ژنومی موجب افزایش بیشتر ضریب همخونی می‌شود، استفاده از BLUP در زمانی که افزایش ضریب همخونی عامل محدود کننده است، می‌تواند مطلوب باشد. مقایسه برنامه‌های انتخاب نشان داد زمانی که هدف داشتن یک گله مادر با هدف تولید جوجه‌های مستعد برای تولید گوشت است، برنامه انتخاب اول می‌تواند کاندید باشد. اما اگر هدف داشتن گله‌ای دو منظوره برای تولید تخم‌مرغ و گوشت، و ایجاد بهبود ژنتیکی یکنواخت برای صفات تولیدی است، برنامه انتخاب دوم، و اگر هدف ایجاد گله‌ای با حداکثر ارزش اقتصادی کل و حداقل همخونی است، برنامه انتخاب سوم می‌تواند بهترین باشد. شاخص مطلوب برای اظهار نظر در خصوص مزیت حفظ همخونی در بکارگیری انتخاب ژنومی در داده‌های مزرع‌های، برآورد همخونی ژنومی است. استفاده

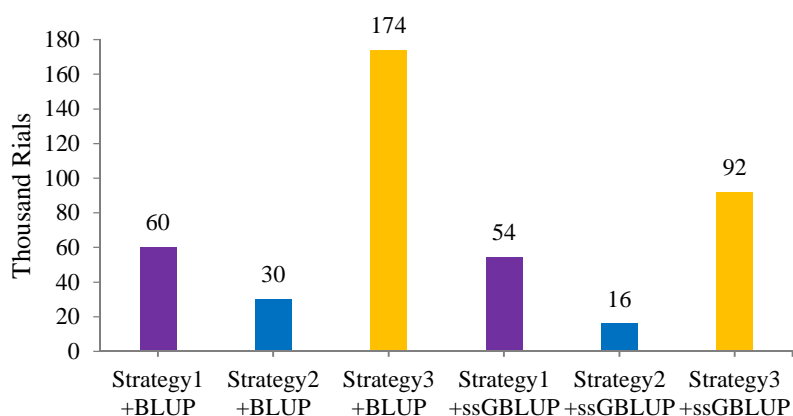


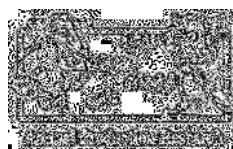
Fig. 7. Total economic value for different strategies per one percent increase in true inbreeding coefficient  
شکل ۷- ارزش اقتصادی کل برای راهبردهای مختلف به ازای یک درصد افزایش در ضریب همخونی حقیقی

### فهرست منابع

- عنایتی ب، رشیدی الف، آریناهی ر، و رزم کبیر م. ۱۳۹۷. ارزیابی استراتژی‌های اصلاح‌نژاد در مرغان بومی مازندران با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای. علوم دامی ایران، ۴۹(۴): ۴۸۱-۴۹۴.
- Aguilar I., Misztal I., Johnson D. L., Legarra A., Tsuruta S. and Lawlor T. J. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score1. *Journal of Dairy Science*, 93: 743-752.
- Ajayi F. O. 2010. Nigerian indigenous chickens: a valuable genetic resource for meat and egg production. *Asian Journal of Poultry Science*, 4: 164-172.
- Alders R. G. and Pym R. A. E. 2009. Village poultry: still important to millions eight thousand years after domestication. *World's Poultry Science Journal*, 65: 181-190.
- Assan N. 2015. Prospects for indigenous chicken's genetic improvement and conservation in Zimbabwe. *Agricultural Advances*, 4: 49-56.
- Baumung R. and Solkner J. 2003. Pedigree and marker information requirement to monitor genetic variability. *Genetics Selection Evolution*, 35: 369-383.
- Bernardo R. 2010. Breeding for quantitative traits in plants (2<sup>nd</sup> ed). Stemma Press, Woodsbury Minn. Pp. 390.

- Caballero A. and Toro M. A. 2002. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for management of conserved populations. *Genetics Research*, 75: 331-343.
- Chen C. Y., Misztal I., Aguilar I., Tsuruta S., Meuwissen T. H. E., Aggrey S. E., Wing T. and Muir W. M. 2011. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens. *Journal of Animal Science*, 89(1): 23-28.
- Chen G. K., Marjoram P. and Wall J. D. 2009. Fast and flexible simulation of DNA sequence data. *Genome Research*, 19: 136-142.
- Clark S. A., Kinghorn B. P., Hickey J. M. and Van der Werf J. H. J. 2013. The effect of genomic information on optimal contribution selection in livestock breeding programs. *Genetics Selection Evolution*, 45: 44-52.
- Dagnachew B. S. and Meuwissen T. H. 2014. An iterative algorithm for optimal contribution selection in large scale breeding program. In: *Proceedings of the 10<sup>th</sup> WCGALP, Vancouver, Canada*, Pp. 23.
- deRoos A. P. W., Schrooten C., Veerkamp R. F. and Van Arendonk J. A. M. 2011. Effects of genomic selection on genetic improvement, inbreeding, and merit of young versus proven bull. *Journal of Dairy Science*, 94: 1559-1567.
- Du Plessis P. H. S. and Erasmus J. 1972. The relationship between egg productions, egg weight and body weight in laying hens. *World's Poultry Science Journal*, 28(2): 73-78.
- El-Dlebhshany A. E. 2008. The relationship between age at sexual maturity and some productive traits in local chickens strain. *Egypt Poultry Science*, 28: 1253-1263.
- Falconer D. S. and Mackay T. F. C. 1996. *Introduction to quantitative genetics* (4<sup>th</sup> ed). Addison Wesley Longman, Harlow. Pp. 480.
- Forutan M., Ansari Mahyari S., Baed B., Melzer N., Schenkel F. S. and Sargolzaei M. 2018. Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. *BMC Genomics*, 19: 98-110.
- Gaya L. G., Costa A. M., Ferraz J. B., Rezende F. M., Mattos E. C., Eler J. P., Michelan-Filho T., Mourao G. B. and Figueiredo L. G. 2007. Genetic trend of absolute and relative heart weight in a male broiler line. *Genetics and Molecular Research*, 6(4): 1091-1096.
- Gaynor R. C., Gorjanc G. and Wilson D. L. AlphaSimR: An R Package for Breeding Program Simulations. Manuscript Prep. <https://alphagenes.roslin.ed.ac.uk/wp/software-2/alphasimr>.
- Ghorbani S. H. and Kamali M. A. 2007. Genetic trend in economic traits in Iranian native fowl. *Pakistan Journal of Biological Science*, 10: 3215-3219.
- Goger H., Yurtogullari S. and Demirtas S. 2010. Effect of applied index selection approach on egg production traits in two pure breed brown egg layers. *Trends in Animal and Veterinary Science Journal*, 1(2):75-78.
- Gorjanc G., Gaynor R. C. and Hickey J. M. 2018. Optimal cross selection for long-term genetic gain in two-part programs with rapid recurrent genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 131(9): 1953-1966.
- Heidaritabar M., Vereijken A., Muir W. M., Meuwissen T., Cheng H., Megens H. J., Groenen M. A. M. and Bastiaansen J. W. M. 2014. Systematic differences in the response of genetic variation to pedigree and genome-based selection methods. *Heredity*, 113(6): 503-513.
- Hickey J. M. and Gorjanc G. 2012. Simulated data for genomic selection and genome-wide association studies using a combination of coalescent and gene drop methods. *G3*, 2: 425-427.
- Hudson R. R. 2004. ms- a program for generating samples under neutral models. *Bioinformatics*, 18: 337-338.
- Hussain N. 2016. Evaluation and genetic analysis of production traits in Rajasri birds. MSc. thesis, Veterinary University. P. V. Narsimha Rao Telangana.
- Jafarnejad A., Kamali M. A., Fatemi S. J. and Aminafshar M. 2017. Genetic evaluation of laying traits in Iranian indigenous hens using univariate and bivariate animal models. *The Journal of Animal and Plant Sciences*, 27(1): 20-27.
- Korte A., Vilhjlmsson B. J., Segura V., Platt A., Long Q. and Nordborg M. 2012. A mixed model approach for genome-wide association studies of correlated traits in structured populations. *Nature Genetics*, 44: 1066-1071.
- Lillehammer M., Meuwissen T. H. E. and Sonesson A. K. 2011. A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection. *Journal of Dairy Science*, 94: 493-500.
- Liu T., Qu H., Luo C., Shu D., Wang J., Lund M. and Su G. 2014. Accuracy of genomic prediction for growth and carcass traits in Chinese triple-yellow chickens. *BMC Genetics*, 15: 110-118.
- Maier R., Moser G., Chen G. B., Ripke S., Coryell W. and Potash J. B. 2015. Joint analysis of psychiatric disorders increases accuracy of risk prediction for schizophrenia, bipolar disorder, and major depressive disorder. *The American Journal of Human Genetics*, 96: 283-294.
- Malik S. and Singh N. P. 2010. Performance of CARI Nirbheek in agro-climatic conditions of Tripura. *Indian Journal of Animal Sciences*, 80 (12): 1213-1216.
- Medrano J. F., Ahmadi A. and Casellas J. 2010. Dairy cattle breeding simulation program: a simulation program to teach animal breeding principles and practices. *Journal of Dairy Science*, 93: 2816-2826.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A. and Vitezica Z. 2015. Manual for BLUPF90 family of program. [http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf).

- Niknafs S., Abdi H., Fatemi S. and Baneh H. 2013. Genetic trend and inbreeding coefficients effects for growth and reproductive traits in Mazandaran indigenous chicken. *Journal of Biology*, 3(1): 25-31.
- Niknafs S., Nejati A., Mehrabani H. and Fatemi A. 2011. Genetic and phenotypic trends for body weight and egg production in Mazandaran indigenous chicken. *Journal of Animal Science*, 89:31-32.
- Petrus N. P., Mpfu I., Schneider M. B. and Nepembe M. 2011. The constraints and potentials of pig production among communal farmers in Etayi Constituency of Namibia. *Livestock Research for Rural Development*, 23(7).
- R Core Team .2018. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org>.
- Roos A. P. W., Schrooten C., Veerkamp R. F. and Arendonk J. A. M. 2010. Effects of genomic selection on genetic improvement, inbreeding, and merit of young versus proven bulls. *Journal of Dairy Science*, 94: 1559-1567.
- Rosa J. O., Venturini G. C., Chud T. C. S., Pires B. C., Buzanskas M. E., Stafuzza N. B., Furquim G. R., Cruz V. A. R., Schmidt G. S., Figueiredo E. A. P., Lima V. F. M. H., Ledur M. C. and Munari D. P. 2018. Bayesian inference of genetic parameters for reproductive and performance traits in White Leghorn hens. *Czech Journal of Animal Science*, 63(6): 230.236.
- Sargolzaei M., Iwaisaki H. and Colleau J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In: *Proceedings of the 8<sup>th</sup> World Congress on Genetic Application in Livestock Production*. Belo Horizonte. Brazil, Pp. 27-28.
- Shadparvar A. A. and Enayati B. 2012. Genetic parameters for body weight and laying traits in Mazandaran native breeder hens. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 2: 251-256.
- Sonesson A. K., Woolliams J. A. and Meuwissen T. H. E. 2012. Genomic selection requires genomic control of inbreeding. *Genetics Selection Evolution*, 44: 27-37.
- Sun X., Peng T. and Mumm R. H. 2011. The role and basics of computer simulation in support of critical decisions in plant breeding. *Molecular Breeding*, 28: 421-436.
- Szwaczkowski T. 2003. Use of mixed model methodology in poultry breeding: Estimation of genetic parameters. In: W.M. Muir, S.E. Aggrey (Editors). *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*. CAB International, 11, 165-201.
- Thiruvnkadan A. K., Panneerselvam S. and Prabakaran R. 2010. Layer breeding strategies-an overview. *World's Poultry Sciences Journal*, 66: 477-501.
- Thiruvnkadan A. K., Prabakaran R. and Panneerselvam S. 2011. Broiler breeding strategies over the decades: an overview. *World's Poultry Sciences Journal*, 67: 309-336.
- Wang C. and Da Y. 2014. Quantitative genetics model as the unifying model for defining genomic relationship and inbreeding coefficient. *PLoS One*, 9(12): 1-23.
- Weller J. I. 2016. *Genomic selection in animals* (1<sup>th</sup> ed). Wiley Backwell Press. Pp. 192.
- Wolc A. 2015. Genomic selection in layer and broiler breeding. *LOHMANN Information*, 49(1): 4-11.
- Wolc A., Zhao H., Arango J., Settari P., Fulton J. and O'Sullivan N. 2015. Response and inbreeding from a genomic selection experiment in layer chickens. *Genetics Selection Evolution*, 47(1): 59-71.
- Zander K. K., Signorello G., Salvo M. D., Gandini G. and Drucker A. G. 2013. Assessing the total economic value of threatened livestock breeds in Italy: Implications for conservation policy. *Ecological Economics*, 93: 219-229.
- Zibei L., Cogan N. O. L., Pembleton L. W., Spangenberg G. C., Forsrer J. W., Hayes B. J. and Daetwyler H. D. 2016. Genetic gain and inbreeding from genomic selection in a simulated commercial breeding program for Penennial Ryegrass. *The Plant Genome*, 9: 1-12.



## Evaluation of selection schemes with and without genomic data in Iranian native fowls

B. Enayati<sup>1</sup>, A. Rashidi<sup>2\*</sup>, R. Abdollahi-Arpanahi<sup>3</sup>, M. Razmkabir<sup>4</sup>

1. Ph.D Candidate, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

3. Assistant Professor, Department of Animal Science, Aburaihan Campus, University of Tehran, Pakdasht, Iran

4. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

(Received: 06-05-2019 – Accepted: 27-07-2019)

### Abstract

The aim of this study was to compare three selection strategies and two properties of breeding value estimations using computer simulation. Simulated traits were weights at birth (BW1), eight weeks (BW8), twelve weeks (BW12), maturation (BWM) and also age at first laying (AFL), weight of first egg (EWM), average egg weight (EW) and egg number (EN). The first strategy was to select cockerels based on breeding value of BW12 and selection of hens based on a selection index with four traits including BW12, AFL, EW and EN. In the second strategy, cockerels and hens were selected using a selection index, as already said. But in the third strategy, cockerels were selected based on breeding value of BW12 and hens based on breeding value of EN. The individual's breeding values for three schemes were estimated by BLUP and ssGBLUP. Matings were performed based on the optimal genetic contribution. The results showed that the total economic values of the first and second programs using ssGBLUP estimations were 450, 460 and 421, and using BLUP were 434, 349 and 418, respectively. The rate of true inbreeding coefficient for ssGBLUP estimations were more than BLUP estimations (0.083, 0.287 and 0.046 vs. 0.072, 0.116 and 0.024, respectively). The results showed that the first strategy for a breeding flock of broiler production, the second strategy for a dual-purpose flock for producing egg and meat and the third strategy for a flock to achieve the highest total economic value with the lowest possible rate of true inbreeding were desirable.

**Keywords:** Total economic value, Selection strategy, Selection index, True inbreeding coefficient

\*Corresponding author: arashidi@uok.ac.ir