



دانشگاه گیلان

تحقیقات تولیدات دامی

سال پنجم/شماره دوم/تابستان ۱۳۹۵ (۴۵-۳۷)



مقایسه پیشرفت ژنتیکی در تولید شیر گاو هلشتاین در ایران ناشی از آزمون نتاج و انتخاب ژنومی و اثر تعداد گاو نر جوان بر آن

رباب آران اردبیلی^۱، عبدالاحد شادپرور^{۲*}، ساحره جوزی شکالگورابی^۳

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

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

۳- استادیار، گروه علوم دامی، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

(تاریخ دریافت: ۹۳/۳/۳۱ - تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۲/۲۴)

چکیده

در این تحقیق رشد ژنتیکی حاصل از یک برنامه آزمون نتاج مطابق با مشخصات جمعیتی گاو هلشتاین در ایران و یک برنامه انتخاب ژنومی معادل از نظر تعداد والدین نر و ماده مورد نیاز مقایسه و اثر تعداد گاوهای نر جوان بر رشد ژنتیکی در این دو برنامه بررسی شد. هدف انتخاب صفت تولید شیر بود. رشد ژنتیکی حاصل از انتخاب چهار مسیری با استفاده از روش جریان ژن و در یک افق ۱۵۰ ساله برای صفت تولید شیر برآورد شد. نتایج نشان داد که آزمون نتاج و انتخاب ژنومی علاوه بر صحت انتخاب از نظر شدت انتخاب و نیز فاصله نسل متفاوتند. رشد ژنتیکی سالانه در آزمون نتاج برابر ۱۱۴/۷ و در انتخاب ژنومی برابر ۱۷۳/۷ کیلوگرم بود. نتایج حاصل از تغییر تعداد گاو نر جوان تحت آزمون از ۵۰ تا ۳۰۰ رأس نشان داد، رشد ژنتیکی در آزمون نتاج بین ۱۰۶/۱۱ تا ۱۱۷/۵۳ کیلوگرم و در انتخاب ژنومی بین ۱۶۰/۹۵ تا ۱۸۵/۳۸ کیلوگرم متغیر است. در هر دو برنامه رشد ژنتیکی نسبت به افزایش تعداد گاو نر جوان هنگامی که تعداد آن کمتر از ۱۰۰ رأس بود، حساسیت بیشتری داشت. بطور کلی این تحقیق نشان داد که رشد ژنتیکی حاصل از انتخاب ژنومی در مقایسه با آزمون نتاج به دلیل فاصله نسل کوتاه‌تر، می‌تواند بیش از ۵۰ درصد برتری داشته باشد. اما این برتری تحت تاثیر تعداد گاو نر جوان قرار داشته و در ازای ۷۵ رأس به کمترین مقدار خود می‌رسد.

واژه‌های کلیدی: انتخاب ژنومی، آزمون نتاج، رشد ژنتیکی، گاو هلشتاین

مقدمه

در ایران مطالعاتی در مورد برنامه آزمون نتاج انجام شده است. اولین تحقیق در این زمینه مربوط به بهینه-سازی نسبت انتخاب در آزمون نتاج گاوهای نر در شرایط ایران با استفاده از یک مدل شبیه‌سازی قطعی بود که حداکثر رشد ژنتیکی را به عنوان معیار بهینه-سازی در نظر گرفته بودند (عیوقی و همکاران، ۱۳۸۶). در تحقیق بعدی (شادپور و همکاران، ۱۳۸۸) نشان داده شد بیش‌ترین رشد ژنتیکی در یک نسل هنگامی که ۲۹ راس گاو نر تحت آزمون قرار می‌گیرند، حاصل می‌شود. جوزی و همکاران (۱۳۸۹) چهار مسیر انتخاب پدر نرها، پدر ماده‌ها، مادر نرها و مادر ماده‌ها را در آزمون نتاج گاو نر با استفاده از روش جریان ژن مطالعه کردند. (2001) *Meuwissen et al.* پیشنهاد کردند می‌توان با استفاده از نقشه‌های نشانگری متراکم که کل ژنوم را در بر می‌گیرد ارزش ژنتیکی یک فرد را برآورد نمود و این روش به ارزیابی ژنومی معروف شد. این نشانگرهای متراکم، چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP^1) بودند. (2006) *Schaeffer* اعلام کرد بیش از ۱۰۰۰۰ SNP برای گاو شناسایی شده‌اند و تعداد آن در حال افزایش است. بنابراین نشانگرهای SNP کل ژنوم را با فاصله کمتر از ۱ سانتی‌مورگان پوشش می‌دهند و کلیه ژنگاه‌های موثر بر صفت به نحوی با یکی از این ژنگاه‌ها در ارتباط هستند. فاصله نسل طولانی یکی از معایب عمده آزمون نتاج است. جوزی و همکاران (۱۳۸۹) با استفاده از رکوردهای زایش ثبت شده گاو هلشتاین در ایران در فاصله سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۷ نشان دادند که فاصله نسل در مسیرهای پدران ۶/۵ یا ۷/۵ سال است. در انتخاب ژنومی از گاو نر یکساله استفاده می‌شود؛ در حالی که در آزمون نتاج از گاوهای نری که دارای رکورد دختری می‌باشند، استفاده می‌شود که افزایش فاصله نسل را به دنبال دارد. در ایران مطالعاتی در مورد برنامه انتخاب ژنومی انجام گرفته است (مهربان و همکاران، ۱۳۹۲ و جهانبخشی و

همکاران، ۱۳۹۲) که همه آن‌ها بر مقایسه روش‌های مختلف پیش‌بینی ارزش ارثی ژنومی و عوامل موثر بر صحت آن متمرکز بودند. اجرای انتخاب ژنومی در ایران مستلزم بررسی ابعاد ژنتیکی و اقتصادی آن است. تاکنون مقایسه‌ای از نظر رشد ژنتیکی بین دو برنامه آزمون نتاج و انتخاب ژنومی در ایران صورت نگرفته است. لذا یکی از اهداف این پژوهش مقایسه رشد ژنتیکی دو برنامه اصلاحی انتخاب ژنومی و آزمون نتاج تحت شرایط جمعیتی گاو هلشتاین ایران از نظر تعداد افراد مورد نیاز و در دسترس مسیرهای مختلف انتخاب بود. با توجه به اینکه تعداد گاو نر تحت آزمون یکی از اجزای مهم آزمون نتاج و انتخاب ژنومی است، هدف دیگر این تحقیق بررسی اثر این عامل بر رشد ژنتیکی حاصل از این برنامه‌ها بود.

مواد و روش‌ها

اطلاعات مورد نیاز این بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. تعداد گاو نر جوان که باید تعیین ژنوتیپ شوند، تعداد گاو ماده ممتاز لازم برای بدست آوردن این تعداد گاو نر جوان و تعداد گاو نری که باید از میان آن‌ها به عنوان پدران آینده انتخاب شوند بر اساس معادلات ارائه شده به وسیله جوزی شکالگورابی و همکاران (۱۳۸۹) برآورد شدند و در جدول ۲ نشان داده است. صفت مورد انتخاب تولید شیر بود و وراثت-پذیری آن ۰/۲۹ در نظر گرفته شد که میانگین برآورد-های منتشر شده به وسیله طغیانی (۱۳۸۶)، رستمی انگاسی و سوداگرامیری (۱۳۸۹)، نصرتی و طهمورث‌پور (۱۳۹۰) و نافذ و همکاران (۱۳۹۱) بود. همچنین انحراف معیار ژنتیکی افزایشی برابر ۴۷۷ کیلوگرم فرض شد که میانگین حاصل از نتایج طغیانی (۱۳۸۶)، *Cheginini et al.* (2013) و نافذ و همکاران (۱۳۹۱) بود. برای محاسبه رشد ژنتیکی در واحد زمان از روش جریان ژن *Dekkers* (2004) استفاده شد. دوره زمانی برابر ۱۵۰ سال در نظر گرفته شد تا پاسخ انتخاب حدی بدست آید. در شرایط مینا، هر سال ۱۰۹ گاو نر

ژنومی برابر جذر وراثت پذیری در نظر گرفته شد. صحت انتخاب برای افراد DS در آزمون نتاج مانند مقدار آن برای DD بود، اما در انتخاب ژنومی فرض شد که کلیه افراد در دسترس انتخاب مسیر DS تعیین ژنوتیپ می‌شوند (König *et al.*, 2009) و صحت انتخاب در آن‌ها نیز برابر ۰/۷ در نظر گرفته شد.

در آزمون نتاج از هر گاو نر انتخاب شده برای ۴ سال استفاده می‌شود. بنابراین، برای این گروه از افراد ۴ گروه سنی با فراوانی یکسان در نظر گرفته شد. سن گاو نر در هنگامی که ارزش ارثی آن با استفاده از رکورد دختران مشخص شده و در مورد آن تصمیم‌گیری بعمل می‌آید ۵ سال فرض شد. در انتخاب ژنومی همین شرایط برقرار بود اما با این تفاوت که سن اولین گروه گاوهای نر ۱ سال بود. در این تحقیق ابتدا رشد ژنتیکی حاصل از انتخاب ژنومی و آزمون نتاج تحت شرایط توصیف شده در بالا (شرایط مبنا) برآورد شد، سپس برای بررسی اثر تعداد YB بر رشد ژنتیکی در دو برنامه اصلاحی، تعداد YB از ۵۰ تا ۳۰۰ با فاصله ۱ رأس افزایش یافت و به ازای هر یک از این مقادیر، رشد ژنتیکی در سال ۱۵۰ بدست آمد.

نتایج و بحث

در جدول ۳ شدت انتخاب و فاصله نسل مسیرهای مختلف انتخاب در شرایط مبنا مشاهده می‌شود. غیر از صحت انتخاب، دو تفاوت مهم بین آزمون نتاج و انتخاب ژنومی وجود دارد: یکی تفاوت در شدت انتخاب و دیگری تفاوت در فاصله نسل. شدت انتخاب در مسیر SD در آزمون نتاج بزرگتر از مقدار آن در انتخاب ژنومی است. این موضوع به اختصاص سهمی از آمیزش‌های جمعیت به افراد YB در آزمون نتاج مربوط می‌شود که قبلاً در بخش مواد و روش به آن اشاره شد. تفاوت مهم دیگر کوتاه بودن فاصله نسل مسیر پدران در انتخاب ژنومی نسبت به آزمون نتاج بود.

تحت ارزیابی ژنتیکی قرار می‌گرفت. در برنامه آزمون نتاج این کار با استفاده از رکورد تولید شیر ۱۰۰ رأس دختر انجام شده و از میان آن‌ها ۱۳ رأس گاو نر دارای بالاترین رتبه ارزش ارثی به عنوان پدر مادران (SD^1) و از میان این گروه ۲ رأس به عنوان پدر پدران (SS^2) انتخاب شدند. در انتخاب ژنومی به جای ۱۳ رأس، ۱۶ رأس از راه تعیین ژنوتیپ در سن یکسالگی انتخاب شدند. علت نیاز کمتر به گاو نر مسیر پدر مادران در آزمون نتاج، اختصاص سهمی از آمیزش‌های جمعیت به گاوهای نر جوان تحت آزمون نتاج (YB^3) بود.

اطلاعات مورد نیاز برای محاسبه تعداد مورد نیاز و در دسترس در هر یک از مسیرهای انتخاب از جوزی شکالگورایی (۱۳۸۹) برای جامعه هلشتاین ایران اقتباس شد. اندازه جمعیت مولد (N) ۵۰۲۰۰۰ رأس، سهم جمعیت تحت رکورد گیری شیر (t) ۳۳ درصد، تعداد تلقیح برای هر آبستنی (In) برابر ۲،۲۲ واحد، نسبت جایگزینی در گاوهای نر (rrss) ۲۵ درصد، تولید اسپرم از یک گاو نر تایید شده در هر سال (d) برابر ۱۸۰۰۰ دوز، نسبتی از گاوهای ماده تحت رکوردگیری تولید شیر که می‌توانند به عنوان مادر پدران (DS^4) در نظر گرفته شوند (e) ۳۰ درصد، نسبت دختر زنده به ازای هر گاو مسیر DD (w) ۴۰ درصد، سهمی از جمعیت که به آمیزش با YB اختصاص داده می‌شود (P) یا ظرفیت آزمون نتاج ۲۰ درصد، نسبت جایگزینی در گاوهای ماده (rrdd) ۲۱/۱۸ درصد، تعداد دختر به ازای هر YB در آزمون نتاج (n) ۱۰۰ رأس، تعداد مادر مورد نیاز برای تولید یک YB (j) ۶/۰۷ رأس بود. صحت انتخاب پدران در آزمون نتاج تابعی از تعداد دختر و وراثت‌پذیری صفت است که در تحقیق حاضر بدلیل استفاده از ۱۰۹ دختر ۰/۹۴ بود. صحت انتخاب در انتخاب ژنومی برای افراد مسیر پدران برابر ۰/۷ فرض شد (Scaffer, 2006; König *et al.*, 2009). صحت انتخاب برای افراد مسیر DD برای آزمون نتاج و انتخاب

1. Sire of Dams
2. Sire of Sires
3. Young Bulls
4. Dam of Sires

جدول ۱- پارامترهای پرورش و تولید گاو هلشتاین ایران در برنامه اصلاحی آزمون نتاج و انتخاب

ژنومی

Table 1. Breeding and production parameters of Holstein cows of Iran in progeny test and genomic selection breeding programs

Parameter	Progeny test	Genomic selection
Number of daughters per sire	100	-----
Number of young bulls needed	109	109
Number sire of sires needed	2	2
Number sire of dams needed	13	16
Number dam of sires needed	662	662
Number dam of dams needed	161561	161561

جدول ۲- معادلات مورد نیاز در مسیرهای مختلف انتخاب در برنامه اصلاحی آزمون نتاج و انتخاب ژنومی
Table 2. Required equations in different selection paths in progeny test and genomic selection breeding programs*

Path	No. of needed animals in	
	Progeny test	Genomic selection
Sire of sires	$n_{SS} = \frac{N.tr.e.In.rrss}{d}$	$n_{SS} = \frac{N.tr.e.In.rrss}{d}$
Sire of dams	$n_{SD} = \frac{[N.(1-P).In.rrss_d]}{d}$	$n_{SD} = \frac{(N.In.rrss_d)}{d}$
Dam of sires	$n_{SD} = \frac{(N_{YB}.J)}{O}$	$n_{SD} = \frac{(N_{YB}.J)}{O}$
Dam of dams	$n_{DD} = N.rddd$	$n_{DD} = N.rddd$
Young bulls	$n_{YB} = \frac{N.tr.p.rddd}{n}$	$n_{YB} = \frac{N.tr.p.rddd}{n}$

* n_{SS} =number of needed sire of sires, n_{SD} = number of needed sire of dams, n_{DS} = number of needed dam of sires, n_{DD} = number of needed dam of dams.

جدول ۳- فاصله نسل و شدت انتخاب مسیرهای مختلف انتخاب در برنامه آزمون نتاج و انتخاب ژنومی

Table 3. Generation interval and selection intensity for different selection paths in progeny test and genomic selection programs

Path	Selection intensity		Generation interval	
	Progeny test	Genomic selection	Progeny test	Genomic selection
Sire of Sires	2.37	2.37	6.5	2.5
Sire of Dams	1.65	1.55	6.5	2.5
Dam of Sires	2.57	2.57	4.05	4.05
Dam of Dams	.34	.34	3.93	3.93

در اینجا r_i و L به ترتیب نشان‌دهنده مقادیر شدت انتخاب، صحت انتخاب و فاصله نسل و زیرنویس‌های SS، SD، DS، DD، S و D به ترتیب نشان‌دهنده مسیر پدر پدران، پدر مادران، مادر پدران، مادر مادران و پدران و مادران است. صحت در دو مسیر پدران مساوی و در مسیر مادران نیز مساوی بود. در اینجا P نشان‌دهنده سهمی از آمیزش-های انجام شده در جمعیت که به نرهای جوان تحت آزمون نتاج اختصاص داده می‌شود است.

$$\Delta g_{CPTP} = \frac{(2.37 + 0.8 \times 1.65) 0.94 + (2.57 + 0.34) 0.54}{2 \times 6.5 + 4.05 + 3.93} \times 477 = 114.7$$

معادله مورد استفاده برای انتخاب ژنومی با اندکی تغییر که به ساختار آن مربوط است به شرح زیر بود:

$$\Delta g_{CPTP} = \frac{(i_{SS} + i_{SD} + i_{DS}) r_G + (i_{DD}) r_{DD}}{2 \times L_S + L_{DS} + L_{DD}} \times \sigma_g$$

در این معادله r_G صحت انتخاب ژنومی است.

$$\Delta g_{GSP} = \frac{(2.37 + 1.55 + 2.57) 0.7 + 0.34 \times 0.54}{2 \times 2.5 + 4.05 + 3.93} \times 477 = 173.7$$

(2006) Schaeffer و (2009) König *et al.* در مقایسه بین این دو برنامه اصلاحی به تفاوت در فاصله نسل توجه داشتند. در آزمون نتاج چهار گروه سنی برای مسیر پدران وجود داشت. فراوانی گروه‌ها با هم برابر بوده و بنابراین مساوی ۰/۲۵ است. با توجه به سن اولین گروه که ۵ سال فرض شد، فاصله نسل در این افراد برابر بود با:

$$L_{SS} = L_{SD} = 0.25(5 + 6 + 7 + 8) = 6.5$$

به طریق مشابه در انتخاب ژنومی چهار گروه سنی در مسیر پدران با فراوانی برابر (مساوی ۰/۲۵) وجود داشت و سن اولین گروه برابر ۱ سال بود. بنابراین، فاصله نسل در این افراد در انتخاب ژنومی برابر ۲/۵ سال بود.

تفاوت‌های ارائه شده بین آزمون نتاج و انتخاب ژنومی منجر به رشد ژنتیکی سالانه متفاوت در این دو برنامه شد. در آزمون نتاج رشد ژنتیکی سالانه (Δg_{PTP}) ۱۱۴/۷ کیلوگرم و در انتخاب ژنومی رشد (Δg_{GSP}) ۱۷۳/۷ کیلوگرم برای تولید شیر برآورد شد:

$$\Delta g_{CPTP} = \frac{(i_{SS} + (1 - P) \times i_{SD}) r_S + (i_{DS} + i_{DD}) r_D}{2 \times L_S + L_{DS} + L_{DD}} \times \sigma_g$$

در معادله مربوط به آزمون نتاج به شدت انتخاب مسیر SD ضریب ۰/۸ داده شد زیرا ۲۰ درصد از آمیزش‌های جمعیت برای انجام آزمون نتاج صرف می‌شود. این امر در واقع از نظر ژنتیکی هزینه‌ای است که باید برای آزمون نتاج پرداخت. این برتری ژنتیکی ۵۰ درصدی انتخاب ژنومی در حالی اتفاق افتاد که شدت انتخاب در مسیرهای پدران در آزمون نتاج بیشتر از انتخاب ژنومی بود. بعلاوه صحت انتخاب در مسیر پدران به مراتب بیشتر از مقدار آن در مسیر انتخاب ژنومی بود. بنابراین، مزیت اصلی انتخاب ژنومی بر آزمون نتاج مربوط به کوتاه بودن فاصله نسل آن هم در مسیر توارثی پدران است.

شکل ۱ تغییر رشد ژنتیکی سالانه حاصل از دو برنامه انتخاب ژنومی و آزمون نتاج را به ازای تعداد مختلف YB از ۵۰ تا ۳۰۰ رأس نشان می‌دهد. به ازای هر سطح از تعداد گاو نر جوان تحت آزمون، رشد ژنتیکی در سال ۱۵۰ بدست آمد. بنابراین این مقادیر رشد ژنتیکی نشان‌دهنده مقادیر حدی یعنی مقادیری که برنامه از نظر رشد ژنتیکی سالانه به تعادل می‌رسد است. رشد ژنتیکی بین ۱۰۶/۱۱ تا ۱۱۷/۵۳ کیلوگرم در آزمون نتاج و بین ۱۶۰/۹۵ تا ۱۸۵/۳۸ کیلوگرم برای انتخاب ژنومی متغیر بود. نمودار مربوط به آزمون نتاج بیانگر این است که با افزایش تعداد YB رشد ژنتیکی سالانه با شتاب زیادی افزایش می‌یابد اما به تدریج از شیب نمودار کاسته می‌شود. در هر دو نمودار کاهش شیب از YB بالاتر از ۱۰۰ چشم‌گیر است. به تدریج شیب نمودار به صفر نزدیک می‌شود. علت این نوع تغییر در رشد ژنتیکی سالانه عملکرد مخالف دو عامل شدت انتخاب و صحت انتخاب است. در اثر افزایش تعداد YB دو نوع تغییر در ساختار برنامه آزمون نتاج رخ می‌دهد. یکی افزایش شدت انتخاب در مسیر پدران و نیز مسیر DS است که به نوبه خود تمایل به افزایش رشد ژنتیکی سالانه دارند. از طرفی با افزایش تعداد YB در آزمون نتاج، به دلیل ثابت بودن ظرفیت آزمون، تعداد دختر به ازای هر رأس کاهش می‌یابد که موجب کاهش صحت انتخاب در مسیر

پدران می‌شود. شادپور و همکاران (۱۳۹۲) در تحقیقی در مورد برنامه آزمون نتاج چنین روندی مشاهده کرده و نتیجه‌گیری کردند که برای هر برنامه آزمون نتاج یک تعداد بهینه گاو نر جوان می‌تواند وجود داشته باشد که در ازای آن تعداد بیشترین رشد ژنتیکی و نیز کارایی اقتصادی حاصل خواهد شد. همان طور که از شکل ۱ ملاحظه می‌شود، نوع تغییر رشد ژنتیکی سالانه حاصل از انتخاب ژنومی در ازای تعداد متفاوت YB با روند مشاهده شده برای آزمون نتاج فرق دارد. در این برنامه شیب نمودار رشد ژنتیکی با افزایش تعداد YB کم می‌شود. این کاهش به دلیل تابعیت غیرخطی شدت انتخاب از نسبت انتخاب‌شوندگان است. اما این شیب به صفر نمی‌رسد. دلیل این نتیجه آن است که در انتخاب ژنومی همانطور که در قسمت مواد و روش اشاره شد، صحت انتخاب به تعداد دختر مورد استفاده بستگی ندارد. این تفاوت ساختاری بین این دو برنامه باعث می‌شود که از نظر رشد ژنتیکی سالانه برای انتخاب ژنومی تعداد بهینه گاو نر تحت آزمون وجود نداشته باشد.

شکل ۲ نسبت رشد ژنتیکی سالانه حاصل از دو برنامه انتخاب ژنومی و آزمون نتاج را در ازای مقادیر مختلف YB نشان می‌دهد. همانطور که ملاحظه می‌شود، با افزایش تعداد YB این نسبت ابتدا کاهش می‌یابد و در ازای تعداد ۷۵ گاو نر تحت آزمون به حداقل خود می‌رسد، اما پس از آن برتری انتخاب ژنومی نسبت به آزمون نتاج با شیب تندی افزایش می‌یابد. علت افزایش شیب در این مرحله کاهش راندمان انتخاب در آزمون نتاج در اثر افزایش تعداد YB است. بنابراین، مقایسه دو برنامه انتخاب ژنومی و آزمون نتاج بسته به اینکه تعداد YB چقدر باشد، متفاوت خواهد بود. اگرچه در این تحقیق این مقایسه فقط از نظر رشد ژنتیکی سالانه صورت گرفت و در همه موارد انتخاب ژنومی برتر از آزمون نتاج بود. اما لازم است در تحقیق دیگری از نظر سود یا کارایی اقتصادی نیز مقایسه‌ای بین این دو برنامه انجام شود. در این صورت ممکن است در تعداد YB برابر ۷۵ تفاوتی بین دو برنامه مشاهده نشود.

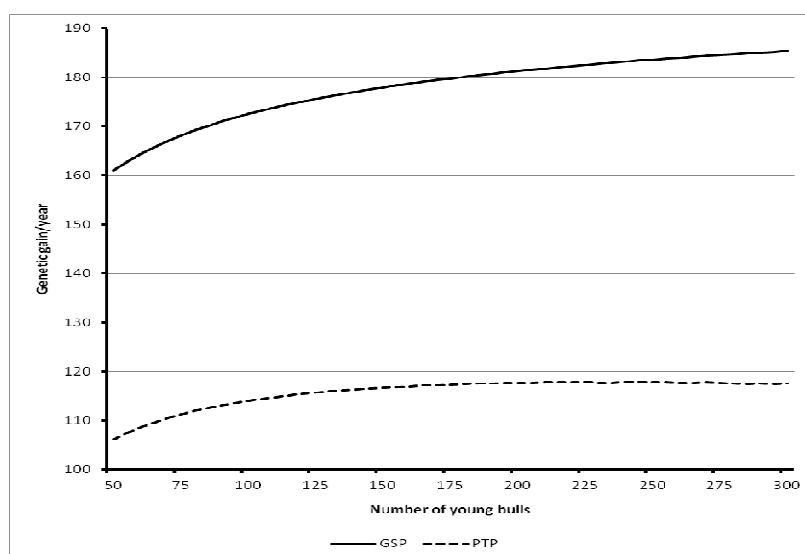


Fig.1. Asymptotic annual genetic gain resulted from genomic selection program (GSP) and progeny (PTP) by different numbers of young bulls

شکل ۱- رشد ژنتیکی سالانه حدی حاصل از برنامه انتخاب ژنومی (GSP) و آزمون نتاج (PTP) به ازای تعداد مختلف گاو نر جوان

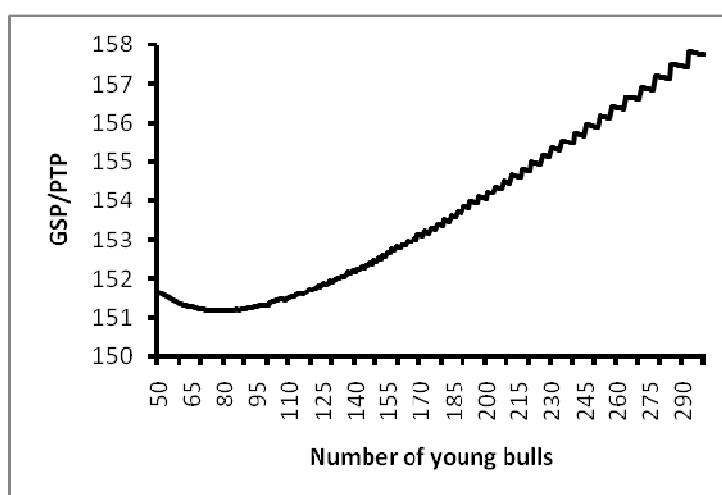


Fig. 2. Ratio of annual genetic gain resulted from genomic selection program (GSP) to annual genetic gain from progeny testing program (PTP) by different numbers of young bulls

شکل ۲- نسبت رشد ژنتیکی سالانه حاصل از برنامه انتخاب ژنومی (GSP) به رشد ژنتیکی سالانه حاصل از برنامه آزمون نتاج (PTP) به ازای تعداد مختلف گاو نر جوان

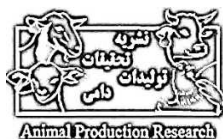
نتیجه‌گیری کلی

این برتری تاثیر داشته و در ازای ۷۵ رأس به کمترین مقدار خود می‌رسد. این نتیجه‌گیری با در نظر گرفتن فقط یک صفت حاصل شد و لازم است در تحقیقات دیگر شرایط انتخاب چند صفتی نیز بررسی شود.

این تحقیق نشان داد که برتری رشد ژنتیکی سالانه حاصل از انتخاب ژنومی از رشد حاصل از آزمون نتاج ثابت نبوده و تغییر تعداد گاو نر تحت آزمون بر میزان

فهرست منابع

- جوزی شکالگورابی س. ۱۳۸۹. بهینه‌سازی برنامه انتخاب گاوهای هلشتاین ایران. رساله ی دکتری دانشگاه تربیت مدرس، صفحه: ۱۴۶.
- جوزی شکالگورابی س.، شادپرور ع.، واعظ ترشیزی ر. و مرادی شهربابک م. ۱۳۸۹. توزیع سنی و فاصله نسل در مسیرهای مختلف انتخاب در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، ۴۱: ۲۳۰-۲۳۳.
- جهان‌بخشی ع. ۱۳۹۲. بکارگیری ماتریس روابط خویشاوندی در ارزیابی‌های ژنومی. همایش ملی دام و طیور شمال، اردبیهشت، ساری، صفحه: ۱۴۳۱-۱۴۲۸.
- رستمی انگاسی م. و سوداگرامیری ا. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی در جمعیت گاوهای هلشتاین ساری. فصلنامه تخصصی علوم دامی، ۳(۳): ۳۵-۴۱.
- شادپور س.، شادپرور ع. و عیوقی ن. ۱۳۸۸. بهینه سازی برنامه‌های آزمون نتاج برای گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، ۴۰(۲): ۷-۱۵.
- شادپور س.، شادپرور ع. و عیوقی ن. ۱۳۹۱. مقایسه مختلف انتخاب گاوهای نر در شرایط متغییر بودن ظرفیت آزمون نتاج. مجموعه مقالات پنجمین کنگره علوم دامی ایران، شهرپور، اصفهان، صفحه: ۱۳۹۲.
- طغیانی س. ۱۳۸۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی، باروری و تیپ در گاوهای هلشتاین ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان.
- عیوقی ن.، شادپرور ع.، امیری ز. و غلامی نیا ع. ۱۳۸۶. نسبت انتخاب بهینه در آزمون نتاج گاوهای نر در شرایط ایران. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، جلد دوم، صفحه: ۱۲۳۶-۱۲۳۸.
- مهربان ح.، ایبازاسکرچیج ن.، و حسین مردای م. ۱۳۹۲. استفاده از روش BayesB کروموزمی در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی. همایش ملی دام و طیور شمال، اردبیهشت، ساری، صفحه: ۱۳۷۸-۱۳۸۳.
- نافذ ن.، زره داران س.، حسنی س.، و سمیعی ر. ۱۳۹۱. ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثلی در گاو هلشتاین شمال کشور. نشریه پژوهش‌های علوم دامی ایران، ۴(۱): ۶۹-۷۷.
- نصرتی م. و طهمورث‌پور م. ۱۳۹۰. ارزیابی ژنتیکی و برآورد صفات تولیدی و تولیدمثلی گاوهای هلشتاین استان خراسان رضوی با استفاده از آنالیز چند متغیره. نشریه پژوهش‌های علوم دامی ایران، ۳(۳): ۲۸۰-۲۸۶.
- Chegini A., Shadparvar A. A. and Ghavi Hossein-Zadeh N. 2013. Genetic trends for milk yield, persistency of milk yield, somatic cell count and calving interval in Holstein dairy cows of Iran. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 3(3): 503-508.
- Dekkers J. C. M. 2004. Design and optimization of animal breeding programmes. University of Wageningen.
- König S., Simianer H. and Willam A. 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs *Journal of Dairy Science*, 92: 382-391.
- Meuwissen T. H. E., Hayes B. and Goddard M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819-1829.
- Schaeffer L. R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123: 218-223.
- VanVleck L. D. 1981. Potential genetic impact of artificial insemination, sex selection, embryo transfer, cloning and selfing in dairy cattle. Page 221 in new technologies in animal breeding. B. G. Brackett, G. E. Seidel Jr., and S. M. Seidel, ed. Academic press, London, Engl.



Comparison of genetic gain for milk production in Holstein cows in Iran resulted from progeny test and genomic selection and effect of number of young bulls on it

R. Aran Ardebili¹, A. A. Shadparvar^{2*}, S. Joezy Shakalgorabi³

1. Graduated MSc. student, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

2. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

3. Assistant Professor, Faculty of Agriculture, Islamic Azad University, Shahr-e-Qods Branch, Tehran, Iran

(Received: 21-6-2014 – Accepted: 14-3-2016)

Abstract

In this study genetic gain from a progeny testing program corresponding to the characteristics of Holstein population in Iran and an equivalent genomic selection program in terms of number of needed male and female parents were compared and the effect of number young bull on the genetic gain in these two programs was evaluated. Selection objective included the milk production. Genetic gain for milk production from four path selection was estimated using gene flow method over a 150-year horizon. The results showed that the progeny testing and genomic selection differed, in addition to selection accuracy, by selection intensity and generation interval. The annual genetic gain from progeny testing was 114.7 and from genomic selection was 173.7kg. The results of the change the number of young bulls from 50 to 300 showed genetic gains varied between 106.11 to 117.53 kg by progeny testing and between 160.95 to 185.38 kg in genomic selection. In both programs the genetic gain was more sensitive to the change in the number of young bull when it was less than 100. In general this study showed that the genetic gain obtained from genomic selection could be higher than that of progeny testing by more than 50% because of shorter generation interval. But this superiority was affected by the number of young bull and would reach to minimum level at 75 young bulls.

Keywords: Genomic selection, Progeny test, Genomic gain, Holstein cow

*Corresponding author: shad@guilan.ac.ir