



مقایسه پاسخ به انتخاب، میزان ضریب درون زادآوری و واریانس ژنتیکی در روش‌های انتخاب ژنومی و رایج

صاحب فروتنی فر^{۱*}، حسن مهربانی یگانه^۲، محمد مرادی شهرباک^۳

۱- استادیار گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی

۲- دانشیار گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

۳- استاد گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱۱/۲۷ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۶)

چکیده

به منظور بررسی اثر انتخاب ژنومی و رایج بر پاسخ به انتخاب، ضریب درون زادآوری و واریانس ژنتیکی در بلندمدت، تعداد ۱۰۰ حیوان غیرخویشاوند شبیه‌سازی شد و به مدت ۵۰ نسل جهت ایجاد عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها آمیزش تصادفی داشتند. برای هر حیوان ژنومی با طول ۱۰ مورگان و تعداد ۱۰ کروموزوم باطول یکسان ۱ مورگان، شبیه‌سازی شد. تعداد ۱۰۰۰ نشانگر SNP در فواصل مساوی بر روی هر کروموزوم قرار گرفتند. برای هر حیوان دو صفت با توارث پذیری ۰/۵ و ۰/۱ در نظر گرفته شد و برای هر صفت تعداد ۲۰۰ جایگاه ژنی مؤثر، بصورت تصادفی روی ژنوم پخش شدند. از روش BLUP برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی رایج و اثر نشانگرها در جمعیت مرجع استفاده و ارزش‌های اصلاحی ژنومی افراد از مجموع اثرات نشانگرها با توجه به ژنوتیپ آنها محاسبه شد. بعد از نسل ۵۱ حیوانات به مدت ۱۵ نسل با یکی از روش‌های رایج و ژنومی انتخاب شده و نسل بعد را ایجاد می‌کردند. نتایج نشان داد که برای هر دو صفت پاسخ به انتخاب تجمعی برای روش انتخاب ژنومی (۷/۳۵ و ۲/۴۵) بیشتر از انتخاب رایج (۶/۵۸ و ۱/۹۹)، ولی واریانس ژنتیکی (۰/۴۲ و ۰/۷۱) در مقابل (۰/۵۶ و ۰/۷۷) کمتر بود. میزان پاسخ به انتخاب و کاهش واریانس ژنتیکی برای صفت با توارث پذیری بالا بیشتر بود. انتخاب رایج نسبت به انتخاب ژنومی باعث افزایش تقریباً دو برابری میزان ضریب درون زادآوری (۰/۱۳ در مقابل ۰/۰۷) بعد از ۱۵ نسل انتخاب شد و با افزایش تعداد نسل‌ها تفاوت نرخ مزبور دو روش افزایش یافت.

واژه‌های کلیدی: انتخاب رایج، انتخاب ژنومی، پاسخ به انتخاب، نرخ درون زادآوری، واریانس ژنتیکی

مقدمه

نرخ درون‌زادآوری بود. انتخاب رایج صحت ارزش‌های اصلاحی را با ترکیب اطلاعات فنوتیپ خویشاوندان در محاسبات افزایش می‌دهد. اما وارد کردن اطلاعات خانواده‌ها در محاسبات باعث افزایش همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی افراد خویشاوند شده و این احتمال که افراد خویشاوند انتخاب شوند را افزایش می‌دهد. بنابراین در حالی که افزایش شدت انتخاب و صحت ارزش‌های اصلاحی بالاتر منجر به پیشرفت ژنتیکی کوتاه مدت بالا از طریق انتخاب شده ولی در دراز مدت ممکن است تنوع ژنتیکی کاهش و نرخ درون‌زادآوری افزایش یابد (Daetwyler *et al.* 2007). انتخاب برای یک یا چند صفت باعث تغییر در میانگین صفات و همچنین فراوانی آللی ژن‌های مؤثر بر آن صفات می‌شود. تغییر فراوانی آللی منجر به تغییر واریانس ژنتیکی صفات می‌شود و این تغییر برای راهبردهای مختلف انتخاب متفاوت است (Falconer *et al.* 1996). بیشتر مطالعات انجام شده در زمینه انتخاب ژنومی به بررسی عوامل مؤثر بر صحت ارزش‌های اصلاحی در کوتاه مدت پرداختند ولی برای پیشرفت ژنتیکی پایدار علاوه بر پاسخ‌های کوتاه مدت بررسی تاثیر انتخاب ژنومی در بلند مدت بر پاسخ به انتخاب، درون‌زادآوری و واریانس ژنتیکی صفات هم ضروری به نظر می‌رسد. بنابراین هدف از این مطالعه مقایسه اثر انتخاب ژنومی و رایج بر پاسخ به انتخاب، میزان ضریب درون‌زادآوری و واریانس ژنتیکی در بلند مدت بود.

مواد و روش‌ها

برای شبیه‌سازی از مدل تصادفی استفاده شد. کدهای برنامه مورد نیاز برای شبیه‌سازی جمعیت و تجزیه داده‌ها در نرم افزار R نسخه ۲,۱۳ نوشته شد. اندازه جمعیت مؤثر نسل پایه ۱۰۰ حیوان (۵۰ نر و ۵۰ ماده) غیر خویشاوند بود که جهت ایجاد عدم تعادل پیوستگی (LD) بین جایگاه‌ها، ۵۰ نسل به صورت کاملاً تصادفی با هم آمیزش داشتند. در همه نسل‌ها تعداد حیوانات ثابت بود و محدودیتی در تعداد فرزند به ازای هر جفت والد در نظر گرفته نشد، اما تعداد حیوانات نر و ماده مساوی بود. در نسل ۵۱ برای ایجاد جمعیت مرجع، تعداد نتاج تولید شده به ۱۰۰۰ حیوان افزایش یافت. در نسل‌های ۵۲ تا ۶۷ (جمعیت تأیید) تعداد حیوانات در هر نسل ۱۲۰۰ فرد بود (۶۰۰ نر

پیشرفت فن‌آوری‌های ژنوتیپ کردن با سرعت و دقت بالا و هزینه پایین و ارایه چیپ‌های SNP تجاری برای گونه‌های مختلف حیوانات اهلی و کاهش مداوم هزینه ژنوتیپ کردن منجر به استفاده از این نشانگرها در انتخاب حیوانات اهلی شده است که به این روش انتخاب ژنومی گفته می‌شود. انتخاب ژنومی با استفاده از نقشه‌های نشانگری با تراکم بالا، بخصوص SNP‌هایی که کل ژنوم را در برمی‌گیرند و اغلب در عدم تعادل پیوستگی با جایگاه‌های ژنی مجاور خود هستند، ارزش ژنتیکی کل را پیش‌بینی می‌کند (Meuwissen *et al.* 2001; Goddard *et al.* 2010). انتخاب ژنومی شامل دو مرحله است که در مرحله اول اثرات نشانگرها بر اساس ژنوتیپ و فنوتیپ افراد در جمعیت مرجع برای هر صفت برآورد می‌شوند و در مرحله دوم ارزش‌های اصلاحی ژنومی (GEBV) بر اساس اثرات برآورد شده و ژنوتیپ نشانگرها پیش‌بینی می‌شوند (Goddard and Hayes, 2007).

در مطالعه‌ای استفاده از نشانگرهای با تراکم بالا برای محاسبه ماتریس رابطه آللی کل (TAR) و استفاده از این ماتریس در مدل‌های مختلط به جای ماتریس رابطه ژنتیکی افزایشی مشتق شده از شجره، باعث افزایش صحت ارزیابی‌ها و پاسخ به انتخاب شد (Nejati-Javaremi *et al.* 1997). در مطالعه شبیه‌سازی دیگری استفاده از نشانگرهای با تراکم بالا که همه سطح ژنوم را پوشش می‌دهند، ارزش‌های اصلاحی حیوانات را با صحت بالا بدون نیاز به اطلاعات فنوتیپی فرد و خویشاوندانش برآورد کرد (Meuwissen *et al.* 2001). ارزش‌های اصلاحی ژنومی پیش‌بینی شده را می‌توان برای هر دو جنس و در مراحل اولیه زندگی حیوان محاسبه کرد. بنابراین انتخاب ژنومی سودآوری را با کاهش هزینه‌ها و افزایش پیشرفت ژنتیکی ناشی از کاهش فاصله نسل و افزایش صحت انتخاب افزایش می‌دهد. هدف اولیه انتخاب ژنومی رسیدن به یک روش دقیق برای برآورد ارزش اصلاحی حیوانات است. حیوانات انتخاب شده بر اساس ارزش‌های اصلاحی ژنومی قطعات کروموزومی را به توارث می‌برند که بر فنوتیپ مورد نظر مؤثرند (VanRaden 2008). در سالیان گذشته یکی از معایب استفاده از روش رایج انتخاب افزایش

صفر و واریانس باقیمانده گرفته شد. واریانس باقیمانده به گونه‌ای محاسبه شد که توارث پذیری مورد نظر برای هر یک از صفات حاصل گردد.

برای بدست آوردن اثرات نشانگرها در جمعیت مرجع (نسل ۵۱) از مدل‌های مختلط هندرسون بصورت زیر استفاده شد.

$$\begin{bmatrix} 1'y \\ X'y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1'X \\ X'X + I\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{m} \end{bmatrix}$$

که در اینجا y بردار رکوردهای فنوتیپی، \hat{b} میانگین صفت، \hat{m} بردار اثرات نشانگرها، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده مشاهدات به بردار اثر نشانگرها و $\alpha = \sigma_a^2 / \sigma_m^2$ است. عناصر ماتریس X اعداد صفر، یک و دو بوده و نشان دهنده تعداد آل‌های ۱ (مطلوب) هر یک از نشانگرها با توجه به ژنوتیپ فرد است. در این مدل واریانس آثار نشانگرها یکسان در نظر گرفته شد. بدین منظور واریانس ژنتیکی افزایشی صفات بر تعداد SNPها تقسیم شد ($\sigma_m^2 = \sigma_a^2 / m$). برای پیش بینی ارزش‌های اصلاحی رایج با استفاده از اطلاعات شجره از مدل‌های مختلط مشابهی استفاده شد با این تفاوت که به جای ماتریس I از ماتریس خویشاوندی بین حیوانات و $\alpha = \sigma_a^2 / \sigma_g^2$ استفاده شد.

پس از برآورد اثرات جایگاه‌ها برای هر یک از صفات، ارزش اصلاحی ژنومی هر یک از صفات برای افراد جمعیت تایید که فاقد فنوتیپ هستند از مجموع اثرات نشانگرها و با توجه به ژنوتیپ آنها محاسبه شد. انتخاب افراد در هر نسل بر اساس ارزش‌های اصلاحی ژنومی و یا رایج صورت گرفت و از تلاقی حیوانات برتر نسل بعدی ایجاد می‌شد.

مقایسه سناریوهای مختلف براساس پاسخ به انتخاب، نرخ درون‌زادآوری و واریانس ژنتیکی صفات صورت گرفت. هر سناریو برای ۱۵ نسل ادامه یافت و نتایج حاصل بر اساس ۵۰ تکرار به دست آمد. پاسخ به انتخاب در هر نسل از تفاضل میانگین حاضر جامعه از نسل قبل محاسبه شد. واریانس ژنتیکی برای هر صفت از مجموع واریانس جایگاه‌های ژنی موثر بر هر صفت به دست آمد. برای

و ۶۰۰ ماده) که از آمیزش تصادفی ۲۰۰ فرد برتر افراد نسل بعد ایجاد می‌شد و ۱۰۰۰ حیوان باقیمانده برای دوباره برآورد کردن اثرات نشانگرها به جمعیت مرجع منتقل می‌شدند و اثرات نشانگرها در نسل بعدی با استفاده از اطلاعات این حیوانات محاسبه می‌شد. برای حیوانات نر و ماده نسل‌های ۵۱ تا ۶۷ یک ارزش فنوتیپی شبیه سازی شد و در نتیجه این حیوانات هم دارای ارزش فنوتیپی بودند و هم اطلاعات ژنومی آنها در دسترس بود. در همه نسل‌های ۵۲ تا ۶۷ ارزیابی و انتخاب حیوانات برای حیوانات جوان فاقد فنوتیپ بود و فرض شد که حیوانات قبل از رسیدن به سن تولید ارزیابی و انتخاب شوند.

ژنومی با طول ۱۰ مورگان و تعداد ۱۰ کروموزوم باطول یکسان ۱ مورگان شبیه سازی شد و تعداد ۱۰۰۰ نشانگر SNP در فواصل مساوی بر روی هر کروموزوم قرار گرفت (در مجموع ۱۰۰۰۰ نشانگر SNP). تعداد ۲۰۰ جایگاه ژنی به طور تصادفی بر روی کل سطح ژنوم پخش شدند. هر فرد در نسل پایه برای هر لوکوس به صورت تصادفی و با فراوانی ۰/۵ آلل ۰ و یا ۱ (آلل مطلوب) را دریافت کرد و بنابراین فراوانی آللی اولیه جایگاه‌های ژنی و SNPها در نسل پایه ۰/۵ در نظر گرفته شد. شانس رخداد یک نوترکیبی بین دو جایگاه مجاور بر روی یک کروموزوم با استفاده از تابع نوترکیبی هالدین و فاصله بین آنها محاسبه شد (Haldane, 1919).

در این مطالعه دو صفت با توارث پذیری‌های بالا (۰/۵) و پایین (۰/۱) در نظر گرفته شد. فرض شد که تعداد ۲۰۰ جایگاه ژنی هر صفت را تحت تاثیر قرار می‌دهند. اثر جایگزینی جایگاه‌های ژنی از توزیع نرمال تک متغیره گرفته شد. جایگاه‌های ژنی در نظر گرفته شده تمام واریانس ژنتیکی را در بر می‌گیرند و ارزش‌های اصلاحی واقعی حیوانات از فرمول $TBV_i = \sum_{j=1}^n x_{ij} b_j$ بدست آمد.

که در اینجا TBV_i ارزش اصلاحی حیوان برای صفت مورد نظر، n تعداد جایگاه‌های ژنی مؤثر بر صفت، x_{ij} تعداد آلل‌های ۱ (مطلوب) که فرد i در لوکوس j حمل می‌کند و b_j اثر ژامین جایگاه ژنی است. برای شبیه سازی فنوتیپ از فرمول $y_i = TBV_i + e_i$ استفاده شد. که y_i فنوتیپ فرد i برای صفت مورد نظر و e_i از توزیع نرمال با میانگین

ایجاد شد. میانگین LD از نسل ۱ تا ۵۰ به تدریج افزایش یافت و در نسل ۵۰ به بیشینه مقدار خود ($r^2=0/20$) در تراکم cM (۰/۱) رسید.

میانگین پاسخ به انتخاب تجمعی از نسل‌های ۱ تا ۱۵ برای روش‌های انتخاب رایج و ژنومی در شکل ۱ آمده است. همانطور که در شکل دیده می‌شود روش انتخاب ژنومی باعث افزایش پاسخ به انتخاب در هر دو صفات با توارث پذیری بالا (صفت ۱) و پایین (صفت ۲) نسبت به روش انتخاب رایج شد. بالاتر بودن پاسخ‌های روش انتخاب ژنومی به خاطر بالاتر بودن صحت ارزش‌های اصلاحی برآوردی در این روش در مقایسه با انتخاب رایج به دلیل استفاده از همه واریانس‌های بین و درون خانواده در ارزیابی‌ها است.

محاسبه درون‌زادآوری از روش Meuwissen and Luo (1992) استفاده شد و نسل ۵۰ به عنوان نسل پایه در نظر گرفته شد. برای اندازه‌گیری میزان عدم تعادل پیوستگی (LD) در این مطالعه از میانگین $r^2=D^2/p_1p_2q_1q_2$ بین دو نشانگر مجاور در ۳۰ تکرار استفاده شد. در این فرمول D ضریب عدم تعادل پیوستگی p_1, p_2, q_1, q_2 فراوانی‌های آلی در جایگاه‌های ۱ و ۲ هستند. برای مقایسه آماری نتایج حاصل از روش‌های ژنومی و رایج از آزمون t استفاده شد.

نتایج و بحث

بعد از ۵۰ نسل آمیزش تصادفی بین حیوانات نسل پایه، عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و جایگاه‌های ژنی

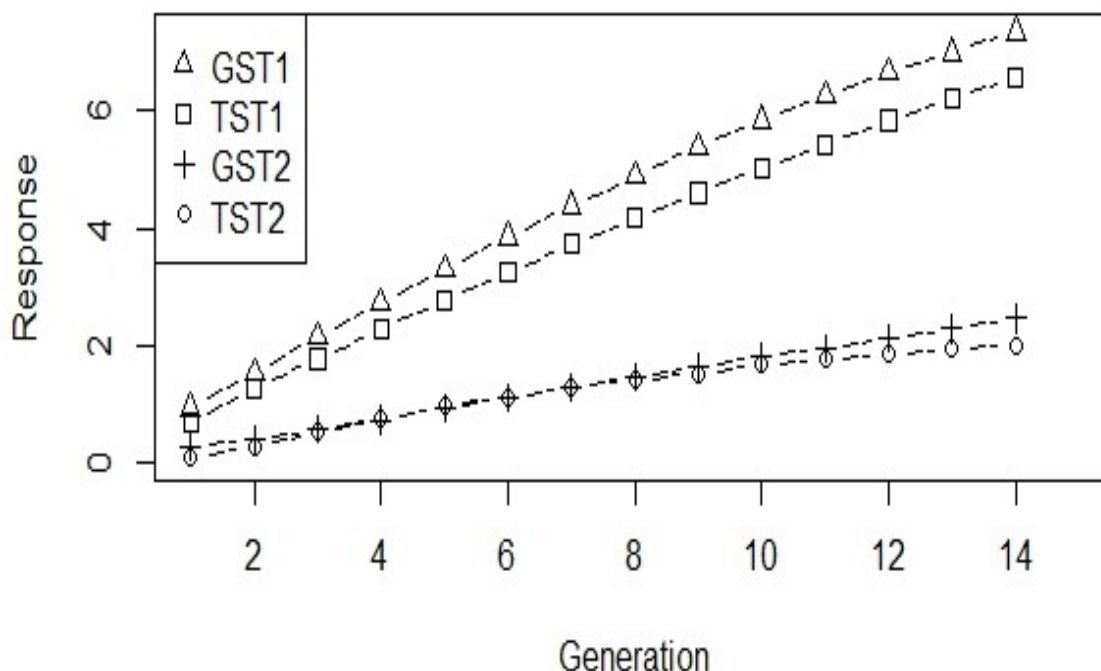


Figure 1. Cumulative response to selection after 15 generations selection based on genomic and traditional selection methods.

شکل ۱- پاسخ به انتخاب تجمعی بعد از ۱۵ نسل انتخاب بر اساس روش‌های انتخاب رایج و ژنومی (GS1 و GS2): به ترتیب انتخاب ژنومی برای صفت اول و دوم؛ TS1 و TS2: به ترتیب انتخاب رایج برای صفت اول و دوم).

در موافقت با نتایج این تحقیق پاسخ بالاتری برای انتخاب ژنومی نسبت به روش رایج انتخاب گزارش کردند (Nielsen *et al.* 2011). در مطالعه دیگری انتخاب ژنومی برای یک محصول زراعی درون زاد بکار برده شد و استفاده از ارزش‌های اصلاحی ژنومی قبل از رکورد برداری فنوتیپ مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این تحقیق نشان داد که استفاده از ارزش‌های اصلاحی ژنومی قبل از رکورد برداری با افزایش پیشرفت ژنتیکی اولیه نسبت به انتخاب فنوتیپی همراه بود و استفاده از اطلاعات فنوتیپی به همراه انتخاب ژنومی باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی بیشتری در بلند مدت شد. آنها همچنین مشاهده کردند که افزایش ضریب وزنی نشانگرهای مطلوب با فراوانی پایین باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی در بلند مدت می‌شود (Jannink, 2010). همچنین در آزمایشی که بر روی طیور به منظور مقایسه روش‌های انتخاب ژنومی و انتخاب رایج انجام شد، مشاهده گردید که در ۱۷ صفت مورد بررسی روش انتخاب ژنومی پاسخ به انتخاب بالاتری داشت (Wolc, 2015).

شکل ۲ واریانس ژنتیکی صفات بعد از ۱۵ نسل انتخاب را نشان می‌دهد. واریانس ژنتیکی در نسل اول برابر با یک بود. بعد از ۱۵ نسل انتخاب، بیشترین کاهش واریانس برای هر دو صفت مربوط به روش انتخاب ژنومی بود.

بالاتر بودن صحت ارزش‌های اصلاحی انتخاب ژنومی نسبت به انتخاب رایج در مطالعه‌ای با همین صفات و جمعیت مورد مطالعه مشابه این پژوهش گزارش شده است (فروتنی فر و همکاران، ۱۳۹۱). در این مطالعه به دلیل اینکه برای همه حیوانات در همه نسل‌ها فنوتیپ و ژنوتیپ وجود داشت و اثرات نشانگرها در هر نسل باز برآورد می‌شد، کاهش صحت ارزش‌های اصلاحی با افزایش فاصله نسل بین جمعیت تایید و مرجع وجود نداشت. همچنین همانطور که در شکل مشخص است پاسخ به انتخاب در صفت با توارث پذیری پایین (صفت ۲) نسبت به صفات با توارث پذیری بالا (صفت ۱) در هر دو روش انتخاب رایج و ژنومی کمتر بود. دلیل کاهش پاسخ به انتخاب، پایین تر بودن صحت ارزش‌های اصلاحی به دلیل افزایش واریانس نمونه‌گیری برآورد ارزش‌های اصلاحی و اثرات نشانگر با افزایش واریانس محیطی است (فروتنی فر و همکاران، ۱۳۹۱). برآورد با صحت بالای واریانس نمونه‌گیری مندلی در روش انتخاب ژنومی منجر به افزایش پاسخ به انتخاب می‌شود (Daetwyler *et al.* 2007; Dekkers, 2007). تحقیق حاضر نیز پاسخ بالاتری در روش انتخاب ژنومی نسبت به روش رایج انتخاب داشت که مطلب فوق را تایید می‌کند. همچنین محققان دیگری

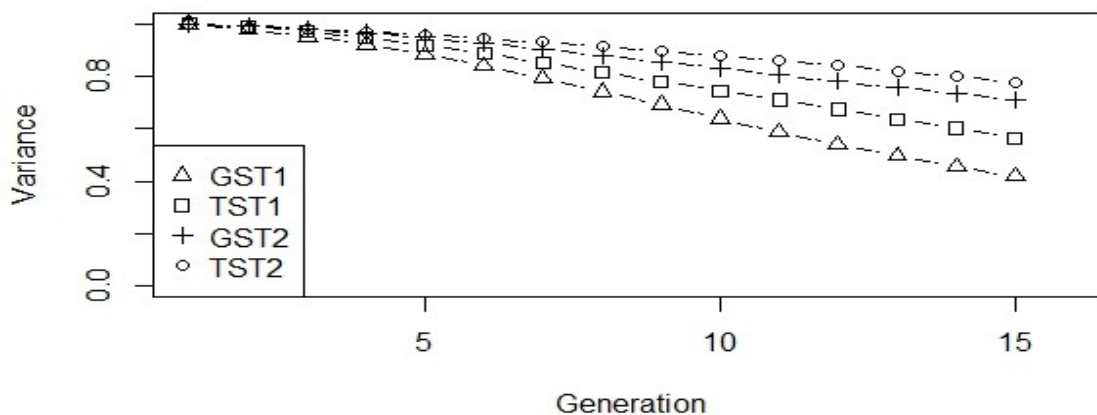


Figure 2. genetic variance of trait 1 and trait 2 after 15 generation selection based on genomic and traditional selection.

شکل ۲- واریانس ژنتیکی صفت ۱ و صفت ۲ بعد از ۱۵ نسل انتخاب براساس روش‌های انتخاب رایج و ژنومی (GS2 و GS1): به ترتیب انتخاب ژنومی برای صفت اول و دوم؛ TS1 و TS2: به ترتیب انتخاب رایج برای صفت اول و دوم).

همچنین در هر دو سناریوهای انتخاب، واریانس ژنتیکی در صفت ۲ بیشتر از صفت ۱ بود. می‌توان اثرات انتخاب بر واریانس ژنتیکی را به دو بخش اثرات دائمی ایجاد شده توسط تغییر در فراوانی آللی جایگاه‌های ژنی و اثرات موقت به دلیل ارتباط غیرتصادفی آلل‌ها در جایگاه‌های مختلف که اثر بالمر نامیده می‌شود تقسیم بندی کرد (Jannink, 2010). بعد از نسل ۱ اثر بالمر باعث کاهش واریانس ژنتیکی شد که به طور مستقیم پاسخ به انتخاب را کاهش داد. کاهش صحت انتخاب در روش انتخاب ژنومی نسبت به روش رایج انتخاب بیشتر بود، چون انتخاب با صحت بالاتر منجر به افزایش اثر بالمر می‌شود. هر دو روش انتخاب واریانس ژنتیکی را بعد از ۱۵ نسل کاهش دادند که این کاهش به دلیل اینکه بیشترین مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در فراوانی آللی ۰/۵ جایگاه ژنی است، مورد انتظار بود. فراوانی اولیه جایگاه‌های ژنی برابر با ۰/۵ بود و بنابراین تغییر در فراوانی آللی به علت انتخاب باعث کاهش واریانس ژنتیکی صفات می‌شود. به دلیل بالاتر بودن صحت انتخاب در صفت ۱ میزان کاهش واریانس ژنتیکی در صفت ۱ نسبت به صفت ۲ بیشتر بود. در تایید این نتایج مطالعات دیگر نیز گزارش کردند که کاهش واریانس ژنتیکی در روش ژنومی با سرعت بیشتری نسبت به انتخاب رایج بود (Nielsen et al. 2011;).

شکل ۳ تغییر میانگین درون‌زادآوری طی ۱۵ سال را نشان می‌دهد. میانگین ضریب درون‌زادآوری در نسل ۱۵ برای روش‌های انتخاب رایج و ژنومی به ترتیب ۰/۱۳ و ۰/۰۷ بود. همانطور که در شکل نیز مشخص است روش رایج انتخاب باعث افزایش تقریباً دو برابری درون‌زادآوری نسبت به روش انتخاب ژنومی شد و هر چه از نسل اول به سمت نسل ۱۵ پیش می‌رود تفاوت بین دو روش بیشتر می‌شود.

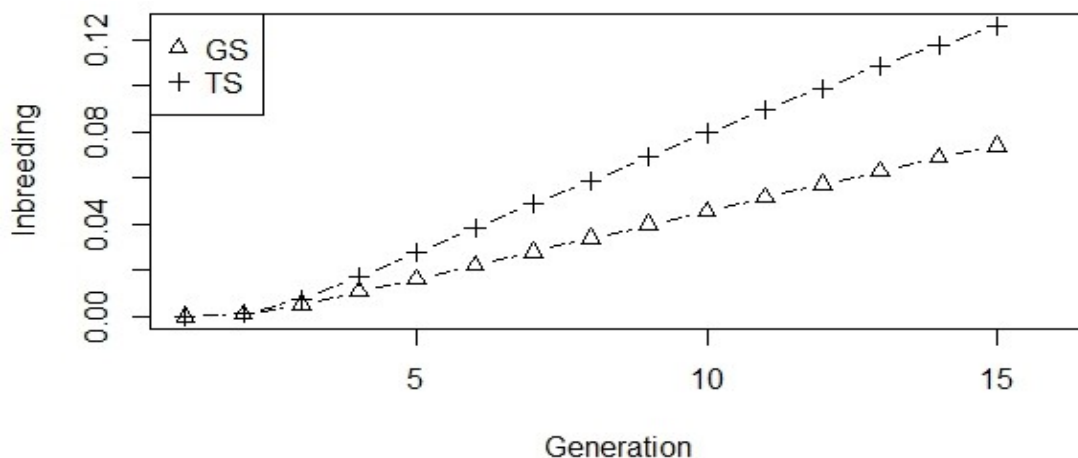


Figure 3. inbreeding coefficient after 15 generation selection based on genomic (GS) and traditional (TS) selection.

شکل ۳- نرخ ضریب درون‌زادآوری بعد از ۱۵ نسل انتخاب براساس روش‌های انتخاب رایج (TS) و ژنومی (GS).

از ترکیب اطلاعات نشانگرها و اطلاعات فنوتیپی نرخ درون‌زادآوری تقریباً ۵۰ درصد کاهش پیدا کرد و وقتی از نشانگرها به تنهایی استفاده شد میزان کاهش در نرخ درون‌زادآوری حتی بیشتر از این مقدار بود (Dekkers 2007). همچنین کاهش نرخ درون‌زادآوری در روش‌های ژنومی نسبت به روش رایج انتخاب توسط محققان دیگری هم گزارش شد (Daetwyler *et al.* 2007; Dekkers 2007). هرچند انتخاب ژنومی نسبت به انتخاب رایج باعث کاهش همخونی در واحد نسل می‌شود، اما با توجه به اینکه فاصله نسل را به شدت کاهش می‌دهد ممکن است باعث افزایش همخونی در واحد سال گردد.

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که انتخاب ژنومی نسبت به انتخاب رایج باعث پاسخ به انتخاب بیشتر در هر دو صفت مورد بررسی بعد از ۱۵ نسل انتخاب می‌شود. همچنین پاسخ به انتخاب برای صفت با توارث پذیری پایین کمتر از صفت با توارث پذیری بالا بود. از طرف دیگر بیشترین کاهش واریانس ژنتیکی برای انتخاب ژنومی و صفت با توارث پذیری بالا بود. همچنین مشخص شد که انتخاب رایج نسبت به انتخاب ژنومی باعث افزایش تقریباً دو برابری نرخ درون‌زادآوری بعد از ۱۵ نسل انتخاب می‌شود.

همچنین افزایش نرخ درون‌زادآوری در روش انتخاب رایج نسبت به انتخاب ژنومی دارای شیب تندتری است. استفاده از اطلاعات خویشاوندان در روش رایج انتخاب باعث افزایش همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی خویشاوندان می‌شود و بنابراین انتخاب به سمت انتخاب فامیلی گرایش پیدا می‌کند. تفاوت بین روش رایج و روش ژنومی انتخاب در این است که انتخاب ژنومی از نشانگرها برای برآورد دقیق واریانس نمونه‌گیری مندلی استفاده می‌کند و بنابراین انتخاب به سمت انتخاب داخل فامیلی سوق پیدا کرده و همبستگی کمتری بین ارزش‌های اصلاحی افراد انتخاب شده وجود دارد. در نتیجه کاهش نرخ درون‌زادآوری در روش انتخاب ژنومی به دلیل افزایش احتمالات انتخاب داخل فامیلی بود که این امر در روش رایج انتخاب امکان پذیر نیست (Daetwyler *et al.* 2007). نرخ درون‌زادآوری بیانگر شباهت اجدادی در همه جایگاه‌ها است که روش انتخاب رایج نسبت به انتخاب ژنومی با توجه به همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی باعث افزایش آن می‌شود. واریانس ژنتیکی با توجه به فراوانی آلی جایگاه‌های ژنی موثر بر صفات محاسبه می‌شود و همانطور که قبلاً گفته شد، انتخاب ژنومی باعث تغییر فراوانی آلی در نواحی تحت انتخاب و نه در همه نواحی ژنوم می‌شود. بنابراین در روش انتخاب ژنومی واریانس ژنتیکی بیشتر کاهش پیدا می‌کند ولی همخونی کمتر از روش رایج است. تحقیق دیگری گزارش کرد که با استفاده

فهرست منابع

- فروتنی فر ص.، مهربانی یگانه ح.، و مرادی شهرباک م. ۱۳۹۱. مقایسه صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی و رایج با استفاده از تجزیه دوصفتی و تک صفتی. مجله علوم دامی ایران. ۴۳ (۴): ۴۹۷-۵۰۴.
- Daetwyler H. D., Villanueva B., Bijma P. and Woolliams J.A. 2007. Inbreeding in genome-wide selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124: 369-76.
- Dekkers J.C.M. 2007. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124: 331-41.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. and Frankham, R. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics* (4th edn). Trends in Genetics, 12: 280.
- Goddard M.E. and Hayes B.J. 2007. Genomic selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124: 323-30.
- Goddard M.E., Hayes B.J. and Meuwissen T.H. 2010. Genomic selection in livestock populations. *Genetics Researches*, 92: 413-21.
- Jannink J.L. 2010. Dynamics of long-term genomic selection. *Genetics Selection Evolution*, 42: 35.
- Haldane J. 1919. The combination of linkage values and the calculation of distances between the loci of linked factors. *Genetics*, 8(29): 299-309.
- 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*, 113:503.
- Meuwissen T. and Luo Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24: 1-9.

- Meuwissen T.H., Hayes B.J. and Goddard M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819-29.
- Nejati-Javaremi A., Smith C. and Gibson J.P. 1997. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. *Journal of Animal Science*, 75: 1738-45.
- Nielsen H.M., Sonesson A.K. and Meuwissen T.H.E. 2011. Optimum contribution selection using traditional best linear unbiased prediction and genomic breeding values in aquaculture breeding schemes. *Journal of Animal Science*, 89: 630-8.
- Sonesson A.K. and Meuwissen T.H. 2009. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. *Genetics Selection Evolution*, 41: 37.
- VanRaden P. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91: 4414-23.
- Wolc, A., Zhao H.H., Arango J., Settar P., Fulton J.E., O'Sullivan N.P., Preisinger R., Stricker C., Habier D., Fernando R.L., Garrick D.J Lamont., S.J., and Dekkers J.C. 2015. Response and inbreeding from a genomic selection experiment in layer chickens. *Genetics Selection Evolution*, 47: 59.



The comparison of response to selection, inbreeding and genetic variance in traditional and genomic selection methods

S. Foroutanifar^{1*}, H. Mehrabani-Yeganeh², M. Moradi-Shahrbabak³

1. Assistant professor of animal science, College of agriculture and natural resources, Razi University.

2. Associate professor of animal science, College of agriculture and natural resources, University of Tehran.

3. Professor of animal science, College of agriculture and natural resources, University of Tehran.

(Received: 2-15-2017 – Accepted: 4-26-2017)

Abstract

In order to evaluate the effects of genomic and traditional selection methods on long term response to selection, genetic variance and inbreeding, a base population of 100 animals was randomly mated for 50 generations. The simulated genome size for each animal was 10 Morgan that was equally divided between 10 chromosomes. On each chromosome, 1000 SNP markers were evenly located. Two traits with the heritability of 0.5 and 0.1 were simulated for each animal and 200 QTL were randomly distributed over the genome for each trait. BLUP method was used for prediction of traditional breeding value as well as estimation of SNP effects. Genomic breeding values of the animals for each trait were sum of SNP effects for all loci. After generation 51, animals were selected based on traditional breeding values or genomic breeding values for 15 generations. The results of this study showed that for both traits the genomic selection method increased response to selection, but decreased genetic variance relative to the traditional selection. Greater response to selection and reduction in genetic variance was for trait with higher heritability. A twofold increase in the inbreeding coefficient was observed for traditional selection relative to genomic selection after 15 generations of selection.

Keywords: Genomic selection, Genetic variance, Inbreeding, Response to selection, Traditional selection

*Corresponding author: s.foroutanifar@razi.ac.ir