

مقایسه روش انتخاب ژنومی و کلاسیک در اصلاح نژاد طیور بومی ایران

سارا ابراهیم پورطاهر^۱، صادق علیجانی^{۲*}، سید عباس رافت^۳ و احمد رضا شریفی^۳

تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۱ تاریخ پذیرش: ۹۶/۶/۱۵

^۱ دانشجوی دکتری گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

^۲ به ترتیب دانشیار و استاد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

^۳ دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه گوتینگن آلمان

*مسئول مکاتبه: Email: sad-ali@tabrizu.ac.ir

چکیده

زمینه مطالعاتی: در کشورهای در حال توسعه مخصوصاً ایران سرمایه‌های بومی نقش مهمی در اقتصاد روستایی ایفا می‌کنند. نژادهای بومی در مقایسه با سویه‌های تجاری می‌توانند سطوح بالاتری از عملکرد را در شرایط نامساعد محیطی حفظ کنند. **هدف:** این مطالعه به منظور مقایسه راهکارهای انتخاب ژنومی و انتخاب کلاسیک در طیور بومی ایران با استفاده از نرم‌افزار ZPLAN+ انجام شد. **روش کار:** یک سناریوی مرجع و یک سناریوی ژنومی با تعداد ۳۴۶۰ پرنده در هر دو سناریو شبیه‌سازی شد. سناریوی مرجع بر پایه اطلاعات فنوتیپی و سناریوی ژنومی بر پایه ترکیبی از اطلاعات فنوتیپی و ژنومی با دو جمعیت مرجع ۵۰۰ و ۱۰۰۰ حیوان برای هر دو جنس شبیه‌سازی شد. اطلاعات ژنومی مربوط به ۴۰۰۰ مرغ و تعداد متغیر خروس (۸۰۰ تا ۴۰۰۰) بود. صفات مورد مطالعه شامل تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن در هشت هفتگی، متوسط وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی بود. برای شبیه‌سازی این صفات از پارامترهای انحراف‌معیار فنوتیپی، وراثت‌پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی و ضرایب اقتصادی استفاده شد. **نتایج:** فاصله بین‌نسلی در هر دو سناریو برابر ۱۴/۵ ماه بود. با افزودن اطلاعات ژنومی به سناریوی مرجع دقت برآوردها از ۰/۶۲ برای خروس‌ها و ۰/۶۴ برای مرغ‌ها به ۰/۷۷ برای هر دو جنس در سناریوی ژنومی افزایش یافت. رشد ژنتیکی صفات با افزایش تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده و همچنین با افزایش تعداد پرنده در جمعیت مرجع افزایش یافت. مقادیر رشد ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن در هشت هفتگی، متوسط وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی به ترتیب از ۰/۲۲، ۲/۵۷، ۰/۰۹ و ۰/۲۳ در سناریوی مرجع به ۰/۳۰، ۳/۶۰، ۰/۱۱ و ۰/۲۷ در سناریوی ژنومی با جمعیت مرجع ۱۰۰۰ حیوان افزایش یافت. سود حاصل از برنامه اصلاحی تنها در سناریوی ژنومی با جمعیت مرجع ۱۰۰۰ پرنده نسبت به سناریوی مرجع بالاتر بود. **نتیجه‌گیری نهایی:** استفاده از اطلاعات ژنومی باعث افزایش رشد ژنتیکی در تمام صفات شد. در این تحقیق هزینه‌ها کاهش نیافتند اما اطلاعات ژنومی دقت انتخاب برنامه اصلاح نژادی را افزایش داد.

واژگان کلیدی: انتخاب ژنومی، شبیه‌سازی، طیور بومی، ZPLAN+

مقدمه

کشور ایران دارای منابع بالقوه‌ی زیادی است که در صورت استفاده بهینه از آنها می‌توان دست‌کم از لحاظ تولیدات کشاورزی و دامی در سطح روستاها خودکفا شد. از جمله این امکانات طبیعی می‌توان به مرغان بومی کشور اشاره کرد که پس از سالیان دراز انتخاب طبیعی و تحمل عوامل گوناگون محیطی، امروزه به عنوان یک سرمایه‌ی ملی مطرح می‌باشند. در کشورهای در حال توسعه مخصوصاً ایران سرمایه‌های بومی نقش مهمی در اقتصاد روستایی ایفا می‌کنند. نژادهای بومی در مقایسه با سویه‌های تجاری می‌توانند سطوح بالاتری از عملکرد را در شرایط نامساعد محیطی حفظ کنند. بنابراین حفظ این نژادها همراه با برنامه‌ریزی برای افزایش تولید و سودآوری آنها در همان شرایط پرورش روستایی امری ضروری می‌باشد.

با توجه به اهمیت طرح ملی اصلاح نژاد و احیای مرغ بومی و نقش آن در اشتغال و تولید، معاونت امور دام وزارت جهاد سازندگی از سال ۱۳۶۳ این طرح را در ۱۲ نقطه از کشور اجرا کرد. شش مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی در استان‌های آذربایجان غربی، اصفهان، فارس، یزد، خراسان رضوی و مازندران ایجاد شده است که در این مراکز برنامه اصلاح نژادی بر اساس صفات اقتصادی مثل رشد و تولید تخم‌مرغ انجام می‌شود، با این روش طی سال‌های مختلف روند تولید اصلاح و راندمان بهبود یافته است (آقازاده ۲۰۱۳). علی‌رغم بهبود راندمان، مشکلاتی چون افزایش نرخ همخونی، نیاز به حیوان بیشتر برای اصلاح نژاد، هزینه‌های اضافی برای رکوردبرداری و بالا بودن فاصله بین‌نسلی از جمله مشکلاتی است که متخصصان اصلاح نژادی را به طرف تکنیک‌های اصلاحی نوین از جمله انتخاب ژنومی سوق می‌دهد (واک و همکاران ۲۰۱۶).

طی ۵۰ سال گذشته انتخاب ژنومی در طیور بسیار موفق بوده است (واک ۲۰۱۵). رمزگشایی ژنوم پرندگان باعث پیشرفت متدهایی شد که قادر بودند به طور همزمان و

سریع هزاران مکان ژنومی در طیور را با هزینه‌های بسیار کمتر تعیین ژنوتیپ کنند. با انتشار پیش‌نویس ژنوم طیور توسط هیلیر و همکاران ۲۰۰۴، گروه EW^۱ در سال ۲۰۰۷ شروع به گسترش نخستین تراشه نوکلئوتیدی^۲ خود کردند. با پیشرفت سریع تکنولوژی، تراکم تراشه‌ها از ۶۰۰۰ به ۱۲۰۰۰ در سال ۲۰۱۱ تا ۴۲۰۰۰ در سال ۲۰۱۳ و اخیراً^۲ تا ۶۰۰۰۰۰ SNP افزایش یافت (واک ۲۰۱۵). کاربرد غیر تحقیقاتی و معمول انتخاب ژنومی در طیور تخمگذار در سال ۲۰۱۳ آغاز شد و در لاین‌های طیور گوشتی Aviagen از سال ۲۰۱۲ آغاز شد (واک ۲۰۱۵).

از مشکلات اصلاح نژاد مرغ بومی می‌توان به سرعت رشد پایین، عدم پیشرفت ژنتیکی قابل توجه، عدم ثبت دقیق شجره حیوانات به خاطر مشکلات اجرایی، پایین بودن دقت ارزیابی‌های ژنتیکی اشاره کرد (موویزین و همکاران ۲۰۱۶). برای برطرف کردن این مشکلات در برنامه‌های اصلاح نژادی مرغان بومی ایران به نظر می‌رسد یکی از راهکارها در کنار بالا بردن یا افزایش دقت و صحت رکوردبرداری‌ها می‌تواند استفاده از تکنولوژی اطلاعات ژنومی باشد. ولی استفاده از این تکنولوژی نیازمند هزینه‌های بالایی می‌باشد. بنابراین معقولانه به نظر می‌رسد که قبل از انتخاب ژنومی با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری مطالعه‌ای در این زمینه انجام شده و سناریوهای مختلف مورد بررسی قرار گیرند. از این‌رو هدف این تحقیق مقایسه راهکارهای انتخاب ژنومی و انتخاب کلاسیک در طیور بومی ایران بود.

اکثر مطالعات ژنومی انجام شده در زمینه مرغان بومی ایران به شناسایی ژن‌های مؤثر بر صفات مهم در مرغان بومی محدود شده است. مثل مطالعه انجام گرفته توسط سمساریان و همکاران (۲۰۱۳) که اثر ژن پرولاکتین را بر صفات وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ بررسی کرده است و یا خادم و همکاران (۲۰۱۰) ارتباط SNP‌ها در

¹ Erich Wesjohann

² SNP chips

(۲۰۰۷) توسعه یافت و بعدها توسط هابرلند و همکاران (۲۰۱۱) اصلاح گردید. این روش نیازمند تعریف همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده حقیقی (TEBV)^۲ و ارزش‌های اصلاحی برآورد شده ژنومی، $r_{Q\hat{Q}}$ می‌باشد این روش توسط اربه و همکاران (۲۰۱۱) براساس معادله ارائه شده توسط دوتلر و همکاران (۲۰۰۸ و ۲۰۱۰) انجام شد. معادله به شکل زیر می‌باشد:

$$r_{Q\hat{Q}} = w \sqrt{\frac{Nr_{TI}^2}{Nr_{TI}^2 + Me}}$$

در این معادله N: تعداد حیوانات موجود در جمعیت مرجع، w: فاکتور تنظیم که در این مطالعه ۰/۹ فرض گردید (استیزن استاک و همکاران ۲۰۱۳)، r_{TI}^2 : قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی برآورد شده برای حیوانات موجود در جمعیت مرجع می‌باشد و Me تعداد قطعات کروموزومی تفرق یافته به طور مستقل می‌باشد که توسط گودارد (۲۰۰۹) به صورت زیر بیان شد:

$$Me = \frac{2N_e L}{\ln(4N_e L)}$$

Ne: اندازه جمعیت موثر بوده که در این مطالعه ۸۰ فرض شد و L طول ژنوم بر حسب مورگان که به ۳۲ تنظیم گردید (استیزن استاک و همکاران ۲۰۱۳) در نتیجه براساس این معادله مقدار Me برابر ۵۵۴ شد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه یک سناریوی مرجع با انتخاب کلاسیک و یک سناریوی ژنومی با استفاده از اطلاعات ژنومی حیوانات شبیه‌سازی شد. صفات مورد هدف اصلاحی در این مطالعه شامل تعداد تخم‌مرغ در ۱۲ هفته اول تولید، وزن بدن در هشت هفتگی، متوسط وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و سن بلوغ جنسی بود.

نرم‌افزار ZPLAN+ به منظور مقایسه‌ی برنامه اصلاح نژادی مرسوم با برنامه اصلاح نژادی بر پایه اطلاعات ژنومی مورد استفاده قرار گرفت. این نرم‌افزار قادر است برنامه‌های اصلاح نژادی پیچیده را با دخالت دادن

ژن‌های IGFBPII و IGFII، IGFI را در مرغان بومی مازندران مطالعه کرده‌اند. در مطالعات محدودی نیز مثل مطالعه زرده‌داران و امام قلی بگلی (۲۰۱۰) پیشرفت ژنتیکی و همخوانی در مرغان بومی با روش شبیه‌سازی قطعی با استفاده از نرم‌افزار SelAction شبیه‌سازی شده است. در هیچ کدام از مطالعات انجام گرفته در مرغان بومی تا آنجایی که در این تحقیق بررسی منابع شده است مطالعه‌ای که به مقایسه برنامه‌های اصلاح نژادی ژنومی و کلاسیک از لحاظ پیشرفت ژنتیکی و از دیدگاه اقتصادی به طور همزمان پرداخته باشد صورت نگرفته است. از آنجایی که اکثر نرم‌افزارهای به کار رفته در زمینه شبیه‌سازی ژنومی از جمله نرم‌افزار SelAction قادر به شبیه‌سازی همزمان برنامه‌های اصلاح نژادی از دیدگاه پیشرفت ژنتیکی و اقتصادی نمی‌باشند یکی از مزایای این مطالعه استفاده از نرم‌افزار ZPLAN+ (تابرت و همکاران ۲۰۱۰) می‌باشد.

نرم‌افزار ZPLAN+ بر پایه متد شاخص انتخاب هزل و لاش (۱۹۴۲) و تئوری جریان ژن هزل (۱۹۴۳) پایه‌ریزی شده است و همچنین این نرم‌افزار قادر است تمام هزینه‌ها و درآمدهای حاصل از اجرای برنامه اصلاح نژادی مورد نظر را برآورد کند (استیزن استاک و همکاران ۲۰۱۳).

نرم‌افزار ZPLAN+ مجموعه‌ای جامع از نتایج دقیق را فراهم می‌سازد. برای هر مسیر انتخابی رشد ژنتیکی محاسبه می‌شود که این رشد ژنتیکی فراورده‌ی دقت شاخص انتخاب، شدت انتخاب و انحراف معیار هدف اصلاحی مربوطه در مسیر انتخابی مورد نظر می‌باشد (استیزن استاک و همکاران ۲۰۱۳).

در نرم‌افزار ZPLAN+ برای هر صفت فنوتیپی اندازه‌گیری شده می‌توان یک صفت ژنومی تعریف کرد که برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی (GEBV) این صفات براساس اندازه جمعیت مرجع می‌باشد. نحوه استفاده از اطلاعات ژنومی در شاخص انتخاب اولین بار توسط دکر

² True estimated breeding value

¹ Genomic estimated breeding value

پارامترهای زیستی، تکنیکی و اقتصادی مربوطه به خوبی مدل‌سازی کند.

هزینه‌های متغیر تنزیل یافته^۱ برای هر گروه انتخابی محاسبه می‌شود. هزینه‌های متغیر تنزیل یافته و هزینه‌های ثابت تنزیل یافته روی هم کل هزینه‌ها را تولید می‌کنند. درآمد تنزیلی^۲ از یک مسیر انتخابی از طریق رشد ژنتیکی پولی (GGM) بدست می‌آید که توسط ارزش بیان تنزیل یافته‌ی استاندارد شده (SDE) وزن داده شده است. ارزش بیان تنزیل یافته‌ی استاندارد شده از یک مسیر انتخابی نسبتی از حیوانات را شامل می‌شود که رشد ژنتیکی را تحقق می‌بخشند. درآمد تنزیلی کل شامل جمع برگشت‌های تمام مسیرهای انتخابی می‌باشد.

سود برنامه اصلاح نژادی برابر با درآمد تنزیل یافته کل، منهای هزینه‌های برگشتی تنزیل یافته کل می‌باشد. این سود در برنامه اصلاح نژادی بر اساس هر واحد حیوانی (تعداد حیواناتی که صفات هدف اصلاحی از آنها تحقق یافته است) محاسبه می‌شود.

برنامه اصلاحی کلاسیک (سناریوی مرجع)

در این سناریو در هر نسل ۴۰۰۰ جوجه خروس و ۴۰۰۰ جوجه مرغ تولید می‌شود. در سن ۸ هفتگی با توجه به وزن هشت هفتگی جوجه‌ها از بین ۴۰۰۰ جوجه مرغ ۲۵۰۰ جوجه و از بین ۴۰۰۰ جوجه خروس ۸۰۰ جوجه انتخاب شد. انتخاب این تعداد مرغ و خروس بر پایه برنامه اصلاحی معمولی است که در ایستگاه‌های اصلاح نژادی مرغان بومی ایران اجرا می‌شود. جوجه‌های انتخابی تا سن ۵ ماهگی پرورش یافته و با آمیزش آنها در سن ۵ ماهگی رکوردگیری صفات انجام گرفت. بعد از ثبت اطلاعات دومین مرحله انتخاب انجام شد و از بین ۲۵۰۰ مرغ بر اساس اطلاعات فردی حیوان ۸۸۰ مرغ انتخاب شده و از ۸۰۰ خروس نیز ۸۰ خروس بر پایه اطلاعات خواهر- برادر تنی (۱۰ خواهر و برادر تنی برای هر خروس) انتخاب شد. مرغ‌ها و خروس‌های انتخابی

آمیزش داده شدند و اطلاعات فنوتیپی آنها ثبت گردید. صفات رکوردگیری شده در این مطالعه شامل وزن بدن در ۸ هفتگی، تولید تخم‌مرغ طی ۱۲ هفته اول تولید، متوسط وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و سن بلوغ جنسی بودند. برنامه اصلاحی مرجع به صورت شماتیک در شکل ۱ نشان داده شده است.

همه صفات رکوردگیری شده جزو صفات هدف اصلاحی بودند. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی مورد نظر برای صفات مورد بررسی، از مطالعات انجام گرفته در طیور بومی (یوسفی ۲۰۱۲) و ضرایب اقتصادی از مطالعه کیانی‌منش و همکاران (۲۰۰۱) استخراج شد که در جدول ۱ آمده است. این پارامترها شامل انحراف معیار فنوتیپی، همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت‌پذیری و ضرایب اقتصادی صفات می‌باشد.

هزینه‌های متغیر برای پرورش یک مرغ یا خروس طی یک دوره‌ی ۲۰ هفته‌ای ۴۴۰۰۰۰ ریال فرض شد (استیژن استاک و همکاران ۲۰۱۳). در زمان تولید، هزینه تغذیه با مصرف روزانه ۰/۱۱ کیلوگرم خوراک به ازای هر حیوان معادل ۱۲۰۰۰ ریال در نظر گرفته شد. هزینه‌های مربوط به درمان ۲۰۰۰۰ ریال و هزینه‌ی آزمون عملکرد هر حیوان نیز ۴۰۰۰۰ ریال فرض شد. هزینه‌ها برحسب یورو برگرفته از مقاله استیژن استاک و همکاران (۲۰۱۳) بوده که در این مطالعه با در نظر گرفتن قیمت هر یورو ۴۰۰۰۰ ریال هزینه‌ها به ریال تبدیل شدند. تعیین کمیت هزینه‌های ثابت مشکل می‌باشد و طراحی برنامه اصلاح نژادی را پیچیده می‌کند به همین دلیل هزینه‌های ثابت در سناریوی مرجع نادیده گرفته شد ولی در آخر کار این هزینه‌ها باید از سود حاصل کسر شوند.

واحد زمانی (تعداد دوره اصلاحی) در این مطالعه ۲۰ سال در نظر گرفته شد. نرخ تنزیل برای محاسبه هزینه‌ها ۷ درصد و برای محاسبه درآمد ۲ درصد فرض شد.

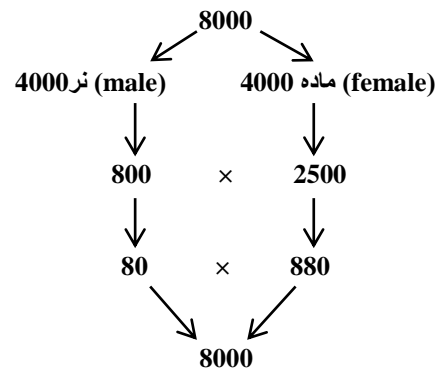
¹ Discounted variable costs

² Discounted fixed costs

³ Discounted return

موجود در جمعیت مرجع در این سناریو ۵۰۰ و ۱۰۰۰ در نظر گرفته شد. در این سناریو تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده بین ۸۰ تا ۴۰۰۰ متغیر بود ولی تعداد حیوانات انتخاب شده در ۸۰ ثابت ماند. در مرغ‌ها نیز همه ۲۵۰۰ حیوان انتخاب شده در مرحله اول انتخاب تعیین ژنوتیپ شدند.

هزینه‌های متغیر برای تعیین ژنوتیپ هر حیوان ۱۵۰ یورو معادل ۶۰۰۰۰۰۰ ریال در نظر گرفته شد. کل هزینه مربوط به برآورد GEBVها از ضرب ۶ میلیون ریال در تعداد حیوانات موجود در جمعیت مرجع (۵۰۰ و ۱۰۰۰) حاصل می‌شود. این هزینه‌ها، هزینه‌های ثابت برنامه اصلاحی ژنومی می‌باشند و به افق زمانی ۲۰ سال تقسیم می‌شوند. همه هزینه‌های متغیر در این سناریو مشابه سناریوی مرجع می‌باشد.



شکل ۱- ساختار شماتیک برنامه انتخاب کلاسیک
Figure1- Schematic structure of the classic selection program

برنامه اصلاحی ژنومی

در این مطالعه یک سناریوی ژنومی طراحی شد که در آن اطلاعات ژنومی خروس‌ها یا هر دو جنس به اطلاعات فنوتیپی سناریوی مرجع اضافه گردید. تعداد حیوانات

جدول ۱- پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی و ضرایب اقتصادی مورد استفاده در صفات مهم مرغان بومی ایران

Table 1- Genetic and phenotypic parameters and economic weights in native fowls

صفات Traits	ضرایب اقتصادی EW	انحراف معیار فنوتیپی SD	وزن بدن Body weight (gr)	تعداد تخم مرغ Egg number (No.)	متوسط وزن تخم مرغ Mean of egg weight (gr)	سن بلوغ جنسی Age at sexual maturity (day)
وزن بدن Body weight (gr)	3.36	83.04	0.22	0.76	0.40	-0.06
تعداد تخم مرغ Egg number (No.)	92.72	11.08	-0.27	0.15	-0.29	-0.81
متوسط وزن تخم مرغ Mean of egg weight (gr)	52.07	3.63	-0.45	0.60	0.55	0.23
سن بلوغ جنسی Age at sexual maturity (day)	-74.10	14.92	-0.46	0.60	0.89	0.39

ضرایب اقتصادی (کیانی منش و همکاران ۲۰۰۱)، انحراف معیار فنوتیپی، وراثت پذیری (قطر)، همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی‌های فنوتیپی (پایین قطر) از مطالعه یوسفی (۲۰۱۲) استخراج شد.

Economic weights (EW), phenotypic standard deviation (SD), heritabilities (diagonal), genetic correlations (above diagonal) and phenotypic correlations (below diagonal).

نتایج

سناریوی مرجع

خروس‌ها برابر ۰/۶۲ و برای مرغ‌ها ۰/۶۴ بدست آمد. رشد ژنتیکی سالانه به ازای تک تک صفات در حیوانات مورد مطالعه در جدول ۲ آمده است. نتایج هزینه‌ای در نرم‌افزار ZPLAN+ به ازای هر واحد حیوانی و برای هر

فاصله بین‌نسلی در سناریوی مرجع برابر ۱۴/۵ ماه برآورد شد. دقت شاخص انتخاب در زمان انتخاب، برای

مرجع و ژنومی مقایسه شده است. در این شکل رشد ژنتیکی صفات در حیوانات سناریوی مرجع به ۱۰۰ درصد تنظیم شد. با توجه به شکل ۳ رشد ژنتیکی صفت متوسط وزن تخم‌مرغ در حالت ۸۰۰ خروس تعیین ژنوتیپ شده تغییری نداشته است ولی رشد ژنتیکی در بقیه صفات نسبت به جمعیت مرجع روند افزایشی از خود نشان می‌دهد. در مقایسه دو جمعیت مرجع نیز مشاهده شد که رشد ژنتیکی صفات در جمعیت مرجع با ۱۰۰۰ حیوان نسبت به ۵۰۰ حیوان بیشتر بود. در حالتی که هر دو جنس تعیین ژنوتیپ شدند در جمعیت مرجع ۱۰۰۰ حیوان به جز صفت سن بلوغ جنسی تمامی صفات نسبت به سناریوی مرجع رشد ژنتیکی بالاتری داشتند و در جمعیت مرجع ۵۰۰ حیوان نیز صفت سن بلوغ جنسی در ۸۰۰ و ۱۶۰۰ خروس تعیین ژنوتیپ شده رشد کمتری نسبت به سناریوی مرجع داشت ولی در بقیه صفات و حالات، رشد ژنتیکی بالاتر از سناریوی مرجع بود (نتایج حالت تعیین ژنوتیپ دو جنس در شکل ۳ نشان داده نشده است).

جدول ۲- رشد ژنتیکی سالیانه در سناریوی مرجع، بیان

شده براساس واحد انحراف معیار ژنتیکی

Table 2- Genetic gain per year in the reference scenario, expressed in genetic standard deviation

صفات Traits	رشد ژنتیکی Genetic gain
تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تولید EN ₁₂ ¹ (number)	0.22
وزن بدن در هشت هفتگی BW ₈ ² (gr)	2.57
متوسط وزن تخم مرغ MEW ³ (gr)	0.09
سن بلوغ جنسی ASM* (day)	-0.23

*رشد ژنتیکی منفی برای این صفت مطلوب می باشد.

*negative genetic gains are in the desired direction.

¹Egg number at the first 12 weeks

²Body weight in 8 weeks of age

³Mean egg weight in 28, 30 and 32 weeks

⁴Mean age at sexual maturity

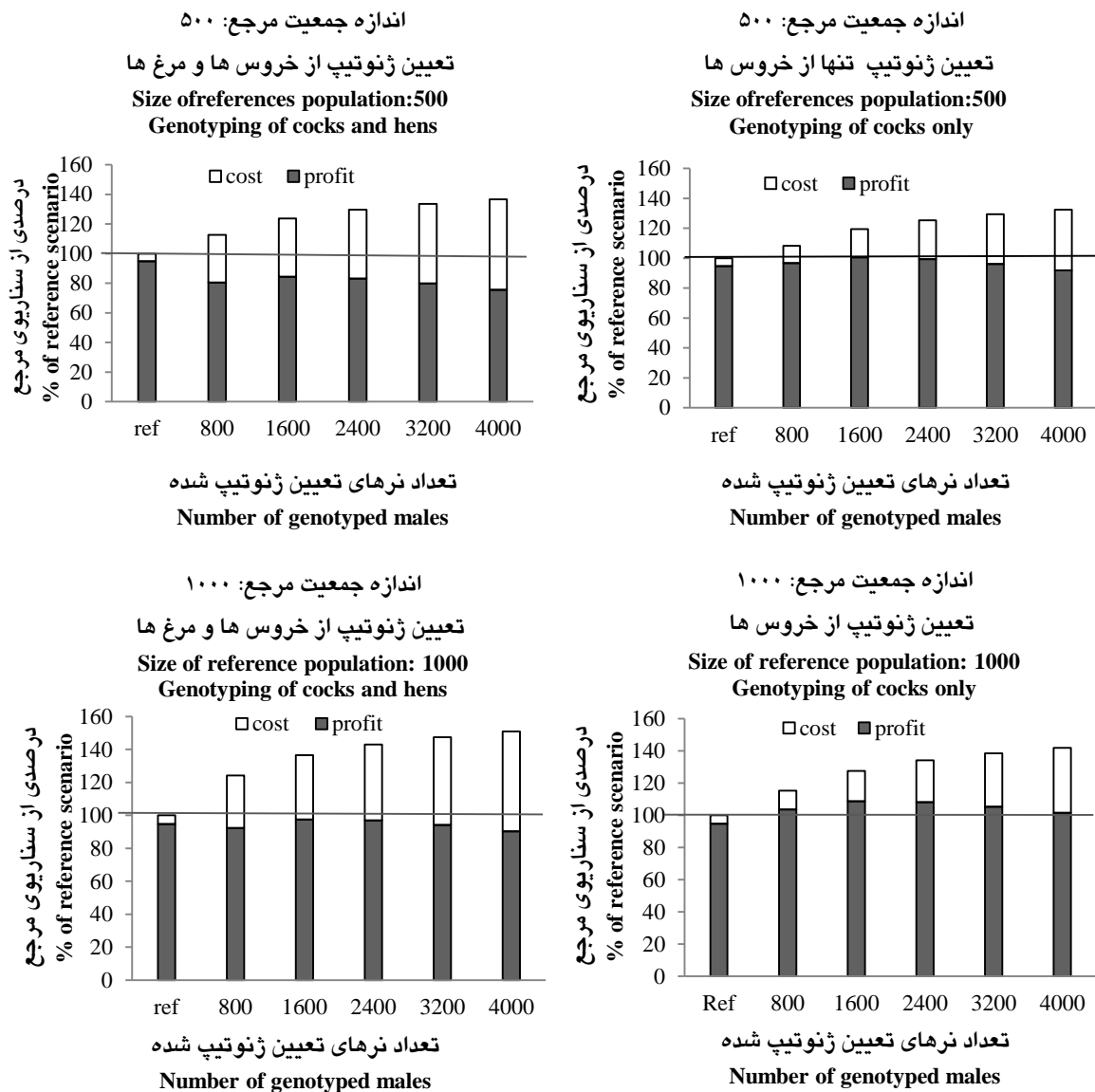
سال استاندارد شده‌اند. تعداد کل حیوانات در برنامه اصلاح نژادی ما ۳۴۶۰ حیوان بود. پول برگشتی تنزیل شده (درآمد) در این سناریو به ازای هر واحد حیوانی و به ازای هر سال ۲۰۱۰۲۴۰۰ ریال برآورد گردید. هزینه‌های متغیر به ازای هر واحد حیوانی برابر ۱۰۵۷۲۰۰ ریال بدست آمد. با تفریق هزینه‌ها از درآمد سود حاصل از هر واحد حیوانی در طول یک سال ۱۹۰۴۴۸۰۰ ریال بدست آمد.

سناریوی ژنومی

در این سناریو اطلاعات ژنومی در زمان انتخاب به سناریوی مرجع اضافه شد. فاصله بین‌نسلی و هزینه‌های مربوط به آزمون عملکرد حیوانات هیچ‌کدام در این سناریو کاهش نیافتند. دقت حاصل از این سناریو بالاتر از سناریوی مرجع بوده و در هر دو جنس برابر ۰/۷۷ بود. با افزایش تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده و همچنین با افزایش تعداد حیوانات جمعیت مرجع درآمد تنزیل شده افزایش یافت (شکل ۲).

تعداد اولیه حیوانات جمعیت مرجع تأثیر معنی‌داری بر کل هزینه‌ها ندارد، این هزینه‌ها در بین کل دوره اصلاحی یعنی ۲۰ سال و کل حیواناتی که رشد ژنتیکی جمعی دریافت می‌کنند، توزیع می‌شوند. مقادیر سود در سناریوی ژنومی نسبت به سناریوی مرجع در حالتی که فقط خروس‌ها تعیین ژنوتیپ شده‌اند یک روند تقریباً افزایشی داشت (سود به ازای هر واحد حیوانی در دامنه‌ای بین ۱۹۴۳۹۲۰۰ تا ۲۰۲۲۲۰۰۰ ریال قرار داشت) و در عین حال با افزایش خروس‌ها هزینه‌ها نیز افزایش پیدا کردند. در حالت دوم که هر دو جنس تعیین ژنوتیپ شده بودند مقادیر سود در مقایسه با سناریوی مرجع کاهش یافت و هزینه‌ها نیز با افزایش تعداد حیوانات تعیین ژنوتیپ شده افزایش یافت.

با افزایش تعداد حیوانات در جمعیت مرجع از ۵۰۰ به ۱۰۰۰ مقادیر سود نیز افزایش یافت. در شکل ۳ رشد ژنتیکی مورد انتظار صفات هدف اصلاحی دو سناریوی



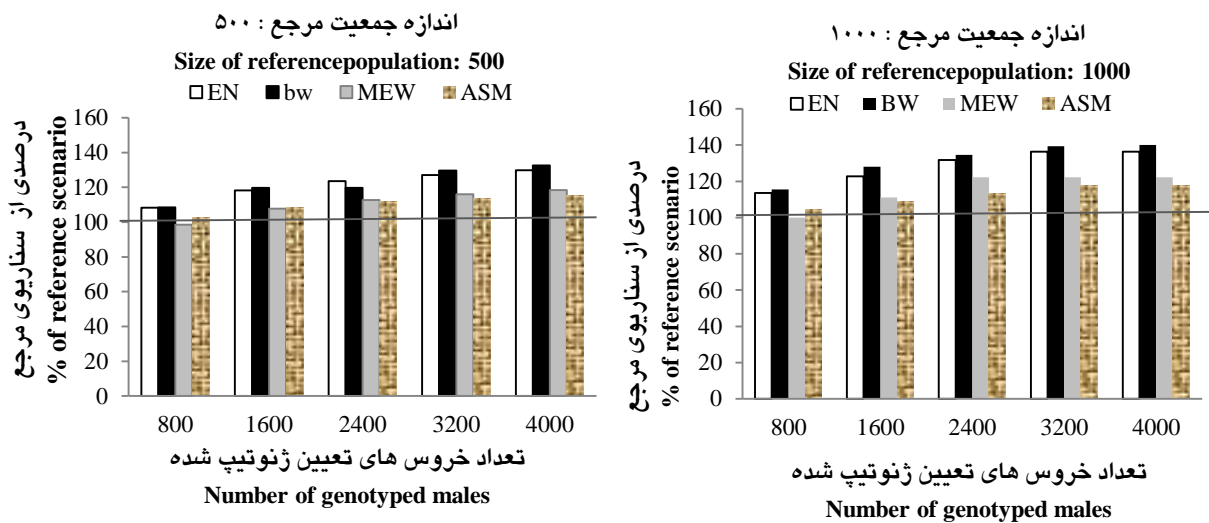
شکل ۲- سود و هزینه (مجموع = درآمد) برای سناریوی ژنومی. نتایج تعیین ژنوتیپ از خروس‌ها (شکل‌های سمت راست) و تعیین ژنوتیپ از خروس‌ها و مرغ‌ها (شکل‌های سمت چپ) که با سناریوی مرجع (درآمد سناریوی مرجع به ۱۰۰٪ تنظیم شده است) برای دو جمعیت مرجع ۵۰۰ و ۱۰۰۰ حیوان مقایسه شده‌اند.

Figure 2- Profit and cost (sum= returns) for genomic scenario. Results with genotyping of cocks (right panels) and both cocks and hens (left panels) are compared to the reference scenario (Ref; returns set to 100%) for two reference population sizes 500 and 1000 animals.

این مطالعه یک سناریوی دیگر بر پایه اطلاعات ژنومی در طیور بومی طراحی شد. در این سناریو اطلاعات ژنومی حیوانات به اطلاعات فنوتیپی و شجره‌ای در سناریوی مرجع اضافه گردید.

بحث و نتیجه گیری

به طور کلی این مطالعه نشان داد که در طیور بومی نیز می‌توان ساختارهای اصلاح نژادی جامعی با نرم‌افزار ZPLAN+ طراحی کرد. بر اساس سناریوی مرجع، در



شکل ۳- رشد ژنتیکی صفات در سناریوی ژنومی. EN: تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تولید، BW: وزن بدن در هشت هفتگی، MEW: متوسط وزن تخم مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و ASM: سن بلوغ جنسی. رشد ژنتیکی نسبت به سناریوی مرجع (به ۱۰۰٪ تنظیم شده است) با تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده متفاوت و دو اندازه جمعیت مرجع

Figure 3- Genetic gain for traits in genomic scenario. EN: Egg number at the first 12 weeks, BW8: Body weight in 8 weeks of age, MEW: Mean egg weight in 28, 30 and 32 weeks and ASM: Mean age at sexual maturity. Genetic gain relative to the reference scenario (set to 100%) with different numbers of genotyped cocks and different sizes of the reference population

در تحقیق ما می‌باشد. با توجه به اینکه در تحقیق استیزن استاک و همکاران (۲۰۱۳) به جز صفت وزن تخم‌مرغ سایر صفات مورد مطالعه متفاوت از صفات این تحقیق است در نتیجه ارتباط بین صفات متفاوت از این مطالعه است. در مطالعه ما صفت متوسط وزن تخم‌مرغ با اکثر صفات همبستگی مثبت داشته و از ضریب اقتصادی متوسطی برخوردار است.

در سناریوی ژنومی اطلاعات ژنومی تأثیر مثبتی بر رشد ژنتیکی هزینه‌ای نشان دادند. اندازه جمعیت مرجع و دقت اطلاعات ژنومی تأثیر زیادی بر سود حاصل از انتخاب ژنومی داشت. در مطالعه‌ی دکر (۲۰۰۷) که میزان پاسخ انتخاب به کمک نشانگر و انتخاب ژنومی را با استفاده از تئوری شاخص انتخاب بررسی کرده است میزان افزایش سود سناریوهای ژنومی را با افزایش اطلاعات نشانگری گزارش کرده است.

دقت برآوردها در این مطالعه برای سناریوی مرجع ۰/۶۲ برای مسیر خروس‌ها و ۰/۶۴ برای مسیر مرغ‌ها برآورد گردید. در مطالعه‌ای مشابه با این تحقیق که توسط استیزن استاک و همکاران (۲۰۱۳) بر روی مرغان تخمگذار تجاری صورت گرفته است. سناریوهای ژنومی با دو جمعیت مرجع ۵۰۰ و ۲۰۰۰ پرند طراحی شده است. مقادیر دقت برآوردهای مطالعه مذکور در برنامه اصلاحی مرجع به ترتیب برای مسیر خروس‌ها و مرغ‌ها برابر ۰/۵۱ و ۰/۵۴ گزارش شده است که این مقادیر کمتر از دقت‌های برآورد شده در این تحقیق می‌باشد. همچنین در مطالعه مذکور میزان رشد ژنتیکی در مورد صفت وزن تخم‌مرغ در سناریوهای ژنومی متفاوت شبیه‌سازی شده کمتر و یا برابر رشد ژنتیکی سناریوی مرجع گزارش شده است که احتمال ایجاد این امر را کوچک بودن ضریب اقتصادی صفت وزن تخم‌مرغ و همبستگی منفی این صفت با سایر صفات مورد مطالعه گزارش کرده‌اند. که این نتیجه خلاف نتیجه بدست آمده

با افزایش تعداد حیوانات در جمعیت مرجع دقت برآوردها و همچنین رشد ژنتیکی صفات افزایش یافت. همچنین میزان سود حاصل نیز علی رغم افزایش هزینه‌ها در جمعیت مرجع با ۱۰۰۰ پرنده بیشتر از جمعیت مرجع با ۵۰۰ حیوان بود. احتمالاً افزایش تعداد پرنده در جمعیت مرجع به دلیل افزایش میزان دقت انتخاب برآوردها و همچنین افزایش رشد ژنتیکی صفات مورد مطالعه جبران افزایش هزینه‌ها را کرده باشد.

این تحقیق نشان داد که برنامه‌های اصلاحی ژنومی در طیور بومی نیز مانند سایر گونه‌ها می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی را افزایش بدهد. ساختارهای اصلاحی و شرایط بیولوژیکی در طیور اجازه کاهش هزینه‌ها را نمی‌دهد اما اطلاعات ژنومی می‌توانند برای افزایش دقت انتخاب در برنامه‌های اصلاحی استفاده شوند. برای غلبه بر مشکل هزینه پیشنهاد می‌شود تراشه‌های SNP با تراکم کم مورد بررسی و استفاده قرار گیرند.

در سناریوی مرجع انتخاب خروس‌ها و مرغ‌ها در سن یک سالگی یعنی بعد از آزمون عملکرد مرغ‌ها انجام گرفت به همین دلیل فاصله بین نسلی ۱۴/۵ ماه شد.

افزایش رشد ژنتیکی در صفات با یک افزایش قوی در هزینه‌ها همراه بود که عمدتاً مربوط به تعیین ژنوتیپ حیوانات می‌باشد. بازده مورد انتظار بیشتر، می‌تواند تا حدودی جبران این هزینه‌ها را بکند. این افزایش هزینه‌ها در مطالعه استیزن استاک و همکاران (۲۰۱۳) نیز گزارش شده است.

رشد ژنتیکی مورد انتظار تقریباً در همه صفات نسبت به سناریوی مرجع یک روند افزایشی داشت. این افزایش در رشد ژنتیکی نشان دهنده تأثیر استفاده از اطلاعات ژنومی می‌باشد. که این نتیجه توسط واک و همکاران (۲۰۱۱) نیز تأیید شده است. واک و همکاران (۲۰۱۳) نشان دادند که با استفاده از داده‌های واقعی و انتخاب مرغ‌ها بر اساس اطلاعات ژنومی و بدون اطلاعات فنوتیپی دقت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده افزایش پیدا می‌کنند.

منابع مورد استفاده

- Aghazadeh Bokat M, 2013, Genetic evaluation of egg number trait for Azerbaijan native's chickens in different time period by random regression, Master thesis, Faculty of Agriculture and University of Tabriz.
- Daetwyler HD, Villanueva B and Wooliams JA, 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of diseases using genome-wide approach. *Plos One* 3: 1-8.
- Daetwyler HD, Pong-Wong R, Villanueva B and Wooliams JA, 2010. The impact of genetic architecture on genome wide evaluation methods. *Genetics* 185: 1021-1031.
- Dekkers JCM, 2007. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using the selection index theory. *Journal Animal Breeding Genetic* 124: 331-341.
- Dekkers JCM, Stricker C, Fernando RL, Garrick DJ, Lamont SJ, O'Sullivan NP, Fulton JE, Arango J, Settar P, Kranis A, McKay J, Watson KA, Koerhuis A and Preisinger R, 2010. Implementation of genomic selection in egg layer chickens. *Journal of Animal Science* 87: 6.
- Erbe M, Reinhardt F and Simianer H, 2011. Empirical determination of the number of independent chromosome segments based on cross-validated data. Pp.115. In proceedings of the 62nd annual meeting of the European federation of Animal Science Stavanger.
- Goddard M, 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximization of long term response. *Genetica* 136: 245-257.
- Haberland A, Ytournal F, Simianer H, 2011. Integration of genomic information into the selection index. In Proceeding of the conference of the Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ) and the Gesellschaft für Tierzuchtwissenschaften (GfT). Freising-Weihenstephan, Germany.
- Hazel LN and Lush JL, 1942. The efficiency of three methods of selection. *Journal of Hered* 33: 393-399.
- Hazel LN, 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28: 476-490.

- Hillier LW, Miller W, Birney E, Warren W, Hardison RC, Ponting CP, Bork P, Burt DW, Groenen MA, Delany ME, Dodgson JB, Chinvala AT, Cliften PF, Clifton SW, Delehaunty KD and Skjødt Karsten, 2004. Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* 432(7018): 695-716.
- Khadem A, Hafezian H and Rahimi-Mianji GH, 2010. Association of single nucleotide polymorphisms in IGFI, IGF-II and IGFBP-II with production traits in breeder hens of Mazandaran native fowls breeding station. *African Journal of Biotechnology* 9(6): 805-810.
- Kianimanesh H R, Nejati A and Rahimi G, 2001. Estimation of economic indices for production traits of Iranian native fowls. Pp. In Proc. 1st Sem. Genetic Breeding. App. 283-288.
- König S, Simianer H and Willam A, 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science* 92: 382-391.
- Meuwissen T, Hayes B and Goddard M, 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers* 6: 6-14.
- Semsarian S, Eskandari Nasab MP, Zarehdaran S and Dehghani AA, 2013. Prediction of the weight and number of eggs in Mazandaran native fowl using artificial neural network. *International journal of Advanced Biological and Biomedical Research* 1: 532-537.
- Sitzenstock F, Ytournal F, Sharifi AR, Cavero D, Täubert H, Preisinger R and Simianer H, 2013. Efficiency of genomic selection in an established commercial layer breeding program. *Genetic Selection Evolution* 45:29.
- Täubert H, Reinhardt F and Seminar H, 2010. ZPLAN+ A new software to evaluate and optimize bird breeding programs. Leipzig: In Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 1-4.
- Wolc A, Arango J, Settar P, Fulton JE, O'Sullivan NP, Preisinger R, Habier D, Fernando RL, Garrick DJ, Lamont SJ and Dekkers JCM, 2013. Genomic selection in layer chickens outperforms pedigree-based selection. *Journal of Animal Science* 91: 23.
- Wolc A, 2015. Genomic selection in layer and broiler breeding. *LOHMANN Information* 49 (1): 4-11.
- Wolc A, Kranis A, Arango J, Settar P, Fulton JE, O'Sullivan NP, Avendano A, Watson KA, Hickey JM, de los Campos G, Fernando RL, Garrick DJ and Dekkers JCM, 2016. Implementation of genomic selection in the poultry industry. *Animal Frontiers* 6: 23-31.
- Yousefi zonuz A, 2012, Maternal genetic and environmental effects on genetic evaluation of some economic traits in Iranian pedigreed native chickens using Bayesian and REML methods, Master Thesis, Faculty of Agriculture and University of Tabriz.
- Zerehdaran S and Emamgholibaghli H, 2010. Effect of using genetic markers in breeding programs of native fowl. *Journal of Animal Science Researches* 22(1): 1-9.

Comparison of genomic and classic selection method in breeding of Iranian native chickens

S Ebrahimpourtaher¹, S Alijani^{2*}, SA Rafat² and AR Sharifi³

Received: November 21, 2016

Accepted: August 27, 2017

¹PhD Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

²Associate Professor and Professor, respectively, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

³Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Gottingen, Gottingen, Germany

*Corresponding author: Email: sad-ali@tabrizu.ac.ir

Introduction: The indigenous stocks play an important role in villager economy in developing countries, especially in Iran. Indigenous breeds could maintain higher level of performance under incompatible environment compared to commercial strains. In classic breeding programs for poultry, selection of birds was based on phenotypic and pedigree information. The development of genomic selection prefers new strategies in animal breeding. Genomic selection has a major limitation for implementation. This method need genotyping of large numbers of markers for implementation and the costs of genotyping for these markers is high, especially for developing countries. To overcome this problem, before applying genomic selection, different scenarios have to be compared using computer simulation. The objective of this study was comparison of results in genomic selection and classic selection method in Iranian native fowls by using ZPLAN+ software (Täubert 2010). ZPLAN+ software is a very useful tool to optimize conventional and genomic breeding programs this software allows modeling of all relevant breeding structures, while taking all relevant biological, technological and economic parameters for complex breeding programs into account (Sitzenstock et al. 2013). This software then generates results such as the annual genetic gain for the breeding objective using a pure deterministic approach (Dekkers 2007). This program has been based on the discounted gene flow-method (Hazel 1943) and selection index theory (Hazel and Lush 1942). This software calculates genetic gain, discounted return, profit and costs within and over selection paths. The results of monetary in ZPLAN+ are standardized to an animal unit and are given per year (Sitzenstock et al. 2013).

Material and methods: A reference scenario and a genomic scenario were simulated on 3460 birds in both sexes. Reference scenario was simulated based on phenotypic information and genomic scenario was simulated based on combination of phenotypic and genomic data with two reference populations of 500 and 1000 birds. Genomic data was based on the information of 4000 hens and variable numbers of cocks (800 to 4000). Studied traits included egg number, body weight at 8 weeks, mean of egg weight and age at sexual maturity. In this simulation, genetic and phenotypic parameters were used (Table 1). These parameters included: phenotypic standard deviation, heritability, genetic and phenotypic correlations and traits economic coefficients. Economic weights were based on the study of Kianimanesh et al. (2001) and the other parameters were extracted from the study of Yousefi 2012. The variable costs of rearing a cock or a hen were assumed to be 440000 Rial per animal (over a period of 20 weeks). During production, daily feeding costs resulted from a feed consumption of 0.11 kg per day at a price of 12000 Rial per kg. For each cock and hen, additional costs for the animal care (20000 Rial) were assumed. The costs of selection were assumed 40000 Rial per animal. The fixed costs were not considered in conventional scenario, because it was difficult to quantify them in breeding program. But these costs must reduce from profit. The interest rate was set to %7 for discounted costs and %2 for discounted returns (Sitzenstock et al. 2013).

Results and discussion: The generation interval for both scenarios was 14.5 months. By adding genomic information to reference scenario, accuracy of estimations increased from 0.62 for cocks and 0.64 for hens in reference scenario to 0.77 for both sex in genomic scenario. Genetic development of traits increased with increase in the number of genotyped birds and the number of birds of reference population. Genetic development for traits egg number, body weight at 8 weeks, mean of egg weight and age at sexual maturity increased from 0.22, 2.57, 0.09 and -0.23 (Table 2) respectively in reference scenario to 0.30, 3.60, 0.11 and -0.27 respectively in genomic selection with 1000 reference population. The profit of breeding program was higher than reference scenario only in genomic scenario with reference population with 1000 birds (Figure 2). The discounted return per animal unit in the conventional scenario was 20102400 Rial per year. The variable costs for conventional scenario were 1057200 Rial per animal unit. This resulted in a profit of 19044800 Rial per animal unit. The accuracy of the genomic information and the size of the reference population have a large impact on the benefits from genomic selection. Dekkers 2007 showed that with increasing of marker information increased the benefits from genomic scenarios.

Conclusion: The use of genomic information caused increasing genetic development in all traits. Although in this study costs were not reduced, but genomic information increased the accuracy of selection of breeding program. This study showed that genomic selection can increase the genetic improvement rate of native chickens. However, the costs of genomic scenarios were higher than conventional scenario, but genomic information increased accuracy of selection and genetic gain of breeding goals traits. To overcome this problem, use of low density SNP chips is suggested.

Keywords: Genomic selection, Native fowls, Simulation, ZAPLAN+