دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی ژنتیکی صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا با استفاده از روش تک مرحله‌ای بهترین پیش‌بینی خطی نااریب ژنومی (ssGBLUP)

مصطفی مدد[۱]، جلیل شجاع[۲]، صادق علیجانی[۳]، سید عباس رافت[۲] و جک سی. ام دکرز[۴]

۱- دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۲- استاد، گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۳- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران، (نویسنده مسوول: sad-ali@tabrizu.ac.ir)
۴- استاد، گروه علوم دامی، دانشگاه ایالتی آیووا، ایمز، ایالات متحده آمریکا
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۲/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۳/۲۲
صفحه: ۱۳۹ تا ۱۵۰

چکیده

در این تحقیق به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند ژنتیکی صفات وزن بدن از اطلاعات ۱۹۱۷۱ راس گاو گوشتی نژاد سیمنتال آمریکا شامل ۸۷۵۸ راس گاو نر و ۱۰۴۱۳ راس گاو ماده مربوط به سال‌های ۱۳۷۸ تا ۱۳۹۴ استفاده شد. از تعداد ۵۱۹۹، ۱۰۹۲۶، ۷۳۶۲ و ۵۶۳۶ راس گاو ژنوتیپ شده بر اساس نشانگرهای SNP به‌ترتیب برای ارزیابی ژنتیکی صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یک سالگی و افزایش وزن پس از شیر گیری تا یک سالگی استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی تک صفتی و دو صفتی و به کمک نرم افزار BLUPf90 برآورد شد. در آنالیز تک صفتی وراثت پذیری وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یک سالگی و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی به‌ترتیب ۰/۰۲ ± ۰/۳۸ ، ۰/۰۱ ± ۰/۲۴، ۰/۰۱ ± ۰/۳۵ و ۰/۰۲ ± ۰/۲۲ برآورد شد. همبستگی ژنتیکی وزن تولد با افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی ۰/۳۱ به دست آمد. بیشترین صحت پیش بینی ژنومی مربوط به وزن شیرگیری (۰/۶۸) و کمترین آن مربوط به افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی (۰/۲۷) برآورد شد. روند ژنتیکی وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یک سالگی و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی به‌ترتیب ۰/۱۳، ۰/۲۸، ۳/۴۳ و ۰/۰۵ کیلوگرم در سال بدست آمد. علاوه‌براین، نوسانات اندکی در روند ژنتیکی تمامی صفات به‌ویژه وزن شیرگیری و وزن یکسالگی طی سال‌های مورد بررسی مشاهده شد که نشان از وجود اهداف و معیار انتخاب مشخص در هر یک از این صفات می‌باشد. همچنین، در مجموع سهQTL با اثر عمده روی کروموزوم‌های شش در موقعیت ۳۷ میلیون باز، کروموزوم هفت در موقعیت ۹۰ میلیون باز و کروموزوم چهارده در موقعیت ۲۲ میلیون باز شناسایی شد. با توجه به همبستگی مطلوب صفات وزن بدن، برنامه اصلاح نژادی بایستی بر اساس انتخاب همزمان برای صفات مذکور از طریق یک شاخص انتخاب صورت گیرد.

واژه‌های کلیدی: انتخاب ژنومی، پارامترهای ژنتیکی، روش تک‌مرحله‌ای، روند ژنتیکی، صحت ژنومی

مقدمه

به‌بود ژنتیکی گاو گوشتی به‌عنوان ابزاری برای افزایش بهره‌وری تولید در دهه‌های گذشته مورد توجه قرار گرفته است. روندهای ژنتیکی گواهی می‌دهد که این تلاش‌ها موفقیت‌آمیز بوده است. این دستاوردها در پیشرفت ژنتیکی مربوط به صفاتی شامل وزن بدن، وزن ازشیرگیری، وزن سالانه و وزن بلوغ گاو که در مدیریت گله مفید می‌باشند، مشاهده شده است (۲۴). گاو سیمنتال یکی از قدیمی‌ترین و در عین حال گسترده‌ترین نژاد گاو از همه نژادهای گاو در دنیا می‌باشد. اگر چه اولین گله گاو رسمی سیمنتال در سال ۱۸۰۶ در سوئیس برن تاسیس شد، اما شواهدی از گاو بزرگ و مولد (قرمز و سفید) وجود دارد که قبلا در سوئیس غربی یافت شده است. علاوه‌براین، گاو سیمنتال تنها در ایالات متحده آمریکا برای تولید کارآمد و مقرون به صرفه از گوشت و همچنین کیفیت گوشت انتخاب می‌شود. برخلاف بسیاری از برنامه‌های عملکردی در اروپا که بیشتر بر روی اندازه گیری تولید شیر در گاو سیمنتال تاکید دارد، برنامه‌های عملکردی ایالات متحده آمریکا در گاو سیمنتال بر تولید گوشت تمرکز یافته است (https://simmental.org/site/index.php/simmental).

ارزیابی برنامه‌های اصلاح نژادی از طریق برآورد روند ژنتیکی صفات مورد مطالعه در محدوده زمانی مشخص تعیین می‌شود به‌طوریکه روند ژنتیکی بیانگر به‌بود میانگین ارزش اصلاحی می‌باشد. علاوه‌براین، آگاهی از پارامترهای ژنتیکی صفات می‌تواند در تصمیم‌گیری برای ادامه پرورش نقش مهمی را ایفا نماید.

ارزیابی ژنومی با استفاده از روش‌های چند مرحله‌ای بر مبنای داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی صورت گرفته و اثرات نشانگرها برآورد می‌شود. در مدل آنالیز برای مرحله دوم، تنها اثرات در نظرگرفته شده، اثرات نشانگرها خواهد بود و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای دام‌های تعیین ژنوتیپ شده جوان با استفاده از این اثرات صورت خواهد گرفت (۲۳،۱۰،۲۶،۴۰). به‌دلیل معایب روش‌های چندمرحله‌ای در توسعه مدل‌ها، روش تک مرحله‌ای پیشنهاد شد که در این روش به‌طور همزمان اطلاعات فنوتیپی، ژنومی و شجره‌ای در مدل قرار داده می‌شوند. در این روش برای حیوانات تعیین ژنوتیپ‌شده و نشده به‌طور همزمان ارزش اصلاحی برآورد می‌شود (۱،۷،۲۱). علاوه‌براین، در سال‌های اخیر تعداد بسیار زیادی جهش تک‌نوکلئوتیدی با SNP[1] در سطح ژنوم گاو

1- Single-Nucleotide Polymorphism

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

گوشتی شناسایی شده است که امکان تهیه نقشه ژنتیکی با تراکم خیلی بالا فراهم شده است. از طرف دیگر، با پیشرفت‌های به وجود آمده برای تعیین ژنوتیپ با توان عملیاتی بالا، تراشه‌های SNP با تراکم بالا برای ژنوم گاو گوشتی در دسترس می‌باشد که امکان پویش کامل ژنوم وجود دارد. تلاش‌های زیادی برای شناسایی نشانگرهای مولکولی و جایگاه‌های صفت کمی (QTLs)[1] با استفاده از مطالعه پویش ژنومی (GWAS)[2] در دام‌های اهلی به‌وجود آمده است. مطالعه پویش ژنومی می‌تواند به شناسایی دقیق جایگاه‌های صفت کمی و واریانت‌های مرتبط با صفات اقتصادی کمک کند. این اطلاعات می‌تواند برای انتخاب به کمک نشانگر مفید بوده و به درک مکانیزم مولکولی صفات مورد مطالعه کمک نماید.

وراثت‌پذیری برآورد شده با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML)[3] برای صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی نژادهای مختلف متوسط به بالا گزارش شده است (۱۶، ۳). ولی محققین دیگر وراثت‌پذیری وزن شیرگیری را پایین گزارش نموده‌اند (۳۴)، که این تنوع در وراثت‌پذیری مشاهده شده را می‌توان به تعداد رکورد، نوع مدل مورد استفاده، جمعیت حیوانی مورد استفاده، اطلاعات شجره و عوامل متنوع محیطی (نظیر جنس، سال و فصل زایش و...) نسبت داد (۳۴، ۱۵). با این حال، مطالعات انجام شده در خصوص ارزیابی ژنتیکی با استفاده از اطلاعات ژنومی و متعاقب آن مطالعه پویش ژنومی در ارتباط با صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا بسیار محدود می‌باشد درحالی‌که اندازه صفات وزن بدن یکی از عوامل مهم تعیین‌کننده در بازدهی اقتصادی گله است (۲،۲۴،۳۵).

بنابراین، هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند ژنتیکی با استفاده از روش ssGBLUP[4] و شناسایی جایگاه‌های صفت کمی (QTLs) با اثر عمده برای صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی

در این تحقیق از تعداد ۱۷۹۴۸، ۱۹۱۷۱، ۱۲۴۷۶ و ۱۰۵۴۴ رکورد مربوط به وزن تولد (Birth weight)، وزن شیرگیری (Weaning weight)، وزن یکسالگی (Yearling weight) و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی (Post weaning weight gain) گاوهای سیمنتال آمریکا استفاده شد. داده‌های مزبور در سال‌های ۱۳۷۸ تا ۱۳۹۴ توسط انجمن پرورش‌دهندگان گاوهای سیمنتال آمریکا (American Simmental Association) جمع‌آوری شدند. جهت ویرایش اطلاعات و حذف داده‌های خارج از سه انحراف معیار از میانگین، وزن تولد گاوها بین ۱۶/۲۴ تا ۵۵/۶۹ کیلوگرم، مقدار وزن شیرگیری بین ۱۲۳/۸۹ تا ۴۴۷/۹۴ کیلوگرم، افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی بین ۴۵/۴۴ تا ۴۱۳/۷۳ کیلوگرم و وزن یکسالگی بین ۱۷۰/۳۶ تا ۷۵۲/۶۱ کیلوگرم در نظر گرفته شد. مشخصات شجره‌ای داده‌های تحقیق حاضر در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱- مشخصات شجره

Table 1. Pedigree characteristics

مشخصات	تعداد
تعداد کل حیوانات شجره	۳۱۸۱۶
تعداد کل پدرها	۲۷۶۳
تعداد کل مادرها	۱۵۹۱۸
تعداد کل حیوانات با هر دو والد مشخص	۲۱۶۵۳
تعداد کل حیوانات با نتاج	۱۸۶۸۱
تعداد کل حیوانات بدون نتاج	۱۳۱۳۵
تعداد حیوانات همخون[5]	۷۳۱

فایل ژنوتیپ شامل ۵۲۵۹۷ نشانگرهای چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) (GeneSeek Inc., Lincoln, Nebraska, USA) مربوط به گاوهای سیمنتال تعیین ژنوتیپ شده از بانک اطلاعات ژنومی انجمن پرورش‌دهندگان گاوهای سیمنتال آمریکا دریافت شد. کنترل کیفیت مقدماتی با نرم‌افزار PLINK (۳۲) انجام شد، به طوری که SNPهای روی کروموزم‌های جنسی و یا با موقعیت نامشخص حذف گردیدند. علاوه‌براین، نشانگرهای با حداقل فراوانی آللی (MAF) کمتر از یک درصد، نرخ خوانش دام کمتر از ۱۰ درصد، نرخ خوانش SNP کمتر از ۱۰ درصد حذف شدند وSNP های باقیمانده در صورت عدم تعادل هاردی- وینبرگ به‌عنوان معیاری جهت بررسی تفاوت بین فراوانی‌های مشاهده شده و موردانتظار جایگاه‌های باp-value کمتر از $۱۰^{-۵}$ از داده‌ها کنار گذاشته شدند (۴۲). در مجموع تعداد ۴۶۳۳۵ نشانگر SNP برای آنالیزهای نهایی باقی‌ماند. برای بررسی میزان توانایی پیش‌بینی مدل و تأثیر ارزیابی ژنومی بر صحت پیش‌بینی‌ها از آزمون اعتبارسنجی (Cross- Validation) استفاده شد. اعتبارسنجی براساس لایه‌بندی نسلی می‌باشد و خویشاوندی بین دام‌ها عامل مهمی برای تقسیم‌بندی داده‌ها به دو گروه مرجع (Training) و تأیید (Testing) است (۴۱،۳۰،۲۷). برای اعتبارسنجی هر صفت ۲۰ درصد از جوانترین افراد به عنوان جمعیت تایید در نظر گرفته شد و صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی از طریق همبستگی بین ارزش اصلاحی ژنومی تخمین‌زده شده (GEBV) و ارزش‌های فنوتیپی محاسبه گردید.

مدل آماری

پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با استفاده از روش تک مرحله‌ای بهترین پیش‌بینی خطی نااریب ژنومی (ssGBLUP)

1- Quantitative Trait Loci
2- Genome-Wide Association Study
3- Restricted maximum likelihood
4- Single-step genomic best linear unbiased prediction
5- Inbred Animal

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

با تشکیل ماتریس ترکیبی H ،حاصل از ترکیب ماتریس روابط خویشاوندی شجره همه دام‌ها و ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی افراد دارای ژنوتیپ براساس اطلاعات تراشه‌های SNP ،انجام شد (۲۵). روش تک‌مرحله‌ای از اطلاعات ژنومی و غیر ژنومی افراد به طور همزمان استفاده می‌کند. این عمل از طریق ترکیب کردن ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی (G) و ماتریس روابط خویشاوندی شجره‌ای (A) صورت می‌گیرد. فرم ماتریسی این روش در غالب مدل دام به صورت زیر می‌باشد:

$$y = X\beta + Za + e \qquad (۱)$$

در رابطه (۱)، y بردار ستونی مشاهدات مربوط به هر صفت برای گاوهای ژنوتیپ شده و ژنوتیپ نشده، $\boldsymbol{\beta}$ بردار ستونی اثرات ثابت مدل شامل گروه همزمان (جنس، پرورش دهنده، گله)، a بردار ستونی اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوانات ژنوتیپ‌شده و نشده که $a \sim N(0, H\sigma_a^2)$، e بردار ستونی اثر تصادفی باقیمانده که $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که رکوردها را به‌ترتیب به اثر عوامل ثابت و تصادفی ربط می‌دهند. ماتریس H ماتریس روابط خویشاوندی ژنتیکی تغییر یافته می‌باشد که ترکیبی از اطلاعات ماتریس روابط خوشاوندی شجره‌ای است:

$$H = \begin{bmatrix} A_{21}A_{11}^{-1}GA_{11}^{-1}A_{12} + (A_{22} - A_{21}A_{11}^{-1}A_{12})A_{21}A_{11}^{-1}G \\ GA_{11}^{-1}A_{12} \qquad G \end{bmatrix} \qquad (۲)$$

که در معادله (۲)، A_{11} زیر ماتریسی از ماتریس روابط خویشاوندی شجره‌ای (A) برای حیوانات ژنوتیپ شده می باشد، A_{22} زیر ماتریسی از ماتریس روابط خویشاوندی شجره‌ای (A) برای حیوانات ژنوتیپ‌نشده می‌باشد، A_{12} یا A_{21} زیر ماتریسی از ماتریس A برای ارتباط بین حیوانات ژنوتیپ‌شده و نشده و G ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی (۳۹،۳۶) برای حیوانات ژنوتیپ‌شده است. علاوه براین اثر ژنتیک و محیطی مادری تنها برای صفت وزن شیرگیری در نظر گرفته شد.

برای آزمون اثر عوامل ثابت، داده‌ها با استفاده از روش GLM نرم‌افزار SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. برای آنالیز داده‌ها در این تحقیق از نرم‌افزار BLUPf90 (۲۵) استفاده شد. برای برآورد اجزای واریانس، توارث‌پذیری و صحت پیش‌بینی ژنومی صفات از مدل حیوانی تک صفتی و برای تعیین همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات از مدل حیوانی دو صفتی استفاده شد. مدل حیوانی دو صفتی به فرم ماتریسی به شرح زیر است (۱۳):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \qquad (۳)$$

در مدل (۳) y_1 و y_2 به‌ترتیب اولین و دومین صفت مورد نظر در مدل می‌باشند. بردارهای اثر عوامل ثابت برای صفت اول β_1و صفت دوم β_2 مشابه و شامل اثر گروه همزمان (جنس، پرورش دهنده، گله) می‌باشد. بردارهای a_1 و a_2 اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و e_1 و e_2 نیز اثرات تصادفی باقیمانده به‌ترتیب برای صفت اول و دوم می‌باشند. ماتریس‌های X_1 و X_2 عناصر β_1 و β_2 را به‌ترتیب به رکوردهای y_1 و y_2 ربط داده و ماتریس‌های Z_1 و Z_2 عناصر a_1 و a_2 را به‌ترتیب به رکوردهای y_1 و y_2 ربط می‌دهند. مقادیر واریانس و کوواریانس عوامل تصادفی به‌صورت زیر است:

$$\mathrm{Var}\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} H\sigma_{a_1}^2 & H\sigma_{a_{12}} & 0 & 0 \\ H\sigma_{a_{21}} & H\sigma_{a_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e_1}^2 & I\sigma_{e_{12}} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e_{21}} & I\sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix} \qquad (۴)$$

در رابطه (۴)، $\sigma_{a_1}^2$ و $\sigma_{a_2}^2$ واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، $\sigma_{e_1}^2$ و $\sigma_{e_2}^2$ واریانس‌های باقیمانده به ترتیب برای صفات اول و دوم، $\sigma_{a_{12}}$ و e_{12} نیز به‌ترتیب کوواریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی بین صفت اول و دوم می‌باشند. در این روش تجزیه و تحلیل، از واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و باقیمانده برآورد شده از تجزیه و تحلیل تک‌متغیره به‌عنوان پیش برآورد واریانس‌های مورد نیاز استفاده شد. روند تغییرات ژنتیکی صفات مورد بررسی با استفاده از محاسبه میانگین ارزش اصلاحی ژنومی در طی سال‌های ۱۳۷۸ تا ۱۳۹۴ از طریق تجزیه و تحلیل تک‌صفته بدست آمد.

مطالعه پویش ژنومی

به‌منظور مطالعه پویش ژنومی از روش‌های بیز C و بیز B استفاده گردید که فرم ماتریسی مدل مورد استفاده به‌صورت زیر بود:

$$y = xb + zu + e \qquad (۵)$$

در مدل (۵)، y بردار ستونی مشاهدات شامل ارزش‌های اصلاحی ژنومی تخمین‌زده شده هر صفت برای گاوهای ژنوتیپ‌شده (۹،۸)، b بردار ستونی اثرات ثابت مدل شامل میانگین جمعیت، u بردار ستونی اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به اثرات نشانگری حیوانات ژنوتیپ‌شده، e بردار ستونی اثر تصادفی باقیمانده که $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که رکوردها را به‌ترتیب به اثر عوامل ثابت و تصادفی ربط می‌دهند. به‌منظور پیاده‌سازی روش‌های بیزی C و بیز B از بسته نرم‌افزاری JWAS در زبان برنامه‌نویسی JULIA استفاده گردید به‌طوریکه ابتدا مقادیر π به وسیله روش بیز C تخمین زده شد و سپس از مقادیر π تخمین زده شده در روش بیز B برای اجرای مطاله پویش ژنومی استفاده گردید (۴، ۳۵). برای تجزیه و تحلیل داده‌ها از زنجیره مارکوف مونت کارلو با زنجیره‌ای به طول ۵۰۰۰۰ نمونه شامل ۱۰۰۰۰ نمونه برای گرم کردن و ۴۰۰۰۰ نمونه بعدی برای استنباط‌های توزیع پسین استفاده شد. همچنین، در این مطالعه نشانگرهای تک‌نوکلئوتیدی (SNPs) در غالب پنجره‌های ژنومی (genome windows) با طول یک میلیون باز مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت به‌طوریکه هر

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

پنجره ژنومی با واریانس ژنتیکی افزایشی بیشتر از ۱ درصد و احتمال پسینی از ارتباط پنجره (WPPA)[1] بالاتر از ۰/۹۵ به‌عنوان QTL با اثر عمده درنظر گرفته شد (۳۵)

نتایج و بحث

آمار توصیفی صفات مورد بررسی

آمار توصیفی صفات مورد بررسی در این تحقیق در جدول ۲ ارائه شده است. میانگین وزن تولد گاوهای گوشتی سیمنتال در این تحقیق۳۷/۲۳ کیلوگرم بود که بالاتر از مقدار به دست آمده برای گاوهای هانوو (۲۷/۴۱ کیلوگرم) می‌باشد (۱۶). میانگین وزن بدن در گاوهای گوشتی شارولی فرانسه نیز ۴۷/۱۰ کیلوگرم بود (۳۱). میانگین وزن شبرگیری در این مطالعه ۲۸۳/۶۶ کیلوگرم بود که تقریبا مشابه میانگین وزن شیرگیری برای گاوهای شارولی فرانسه (۲۷۹/۸۰ کیلوگرم) و بالاتر از گاوهای نژاد لیموزین (Limousin) و مین-آنجو (Maine-Anjou) می‌باشد (۳۱). میانگین افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی گزارش شده برای گاوهای گوشتی نژاد آنگوس قرمز (۱۶۰ کیلوگرم) پایین‌تر از مقدار محاسبه شده در این تحقیق است (۳). علاوه‌براین مقدار میانگین وزن یکسالگی با برآوردهای بلد و همگاران (۳) مطابقت داشت. به طور کلی دلیل اختلاف میانگین صفات در مطالعات مختلف تا اندازه زیادی به تفاوت در شرایط ژنتیکی و محیطی، نوع اطلاعات و نحوه ویرایش داده‌های مورد بررسی مربوط می‌شود.

جدول ۲- آمار توصیفی صفات مورد مطالعه

Table 2. Descriptive statistics for the studied traits

صفت	حیوانات دارای فنوتایپ	حیوانات دارای فنوتایپ و ژنوتایپ	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	ضریب تغییرات (٪)	حداقل (کیلوگرم)	حداکثر (کیلوگرم)
وزن تولد	۱۷۹۴۸	۵۱۹۹	۳۷/۲۳	۴/۴۳	۱۱/۸۹	۱۶/۲۴	۵۵/۶۹
وزن شیرگیری	۱۹۱۷۱	۱۰۹۲۶	۲۸۳/۶۶	۴۲/۰۷	۱۴/۸۳	۱۲۳/۸۹	۴۴۷/۹۴
وزن یکسالگی	۱۲۴۷۶	۷۳۶۲	۴۸۱/۴۵	۷۶/۹۲	۱۵/۹۷	۱۸۸/۶۰	۷۷۵/۷۶
افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی	۱۰۵۴۴	۵۶۳۶	۲۰۰/۱۰	۶۶/۶۵	۳۳/۳۰	۴۵/۴۴	۴۱۳/۷۳

تخمین اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی

برآورد واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و باقیمانده حاصل از تجزیه و تحلیل تک صفتی در جدول۳ ارائه شده است. این جدول بیانگر این نکته است که سهم واریانس ژنتیکی افزایشی از واریانس فنوتیپی در صفت افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی کمتر از صفات وزن تولد و وزن شیرگیری بود. وراثت‌پذیری صفات مربوط به وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یکسالگی و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی در تحقیق حاضر به‌ترتیب برابر با ۰/۰۲ ± ۰/۳۸، ۰/۰۱ ± ۰/۲۴، ۰/۰۱ ± ۰/۳۵ و ۰/۰۲ ± ۰/۲۲ برآورد گردید (جدول ۴). وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات مذکور در تحقیق حاضر در دامنه برآوردهای گزارش شده در تحقیقات مشابه می‌باشد. وراثت‌پذیری وزن تولد و وزن شیرگیری در گاوهای آنگس استرالیا به ترتیب ۰/۳۳ و ۰/۲۶ تخمین‌زده شد (۳۸). وراثت‌پذیری افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی و وزن یکسالگی در گاوهای گوشتی آنگوس قرمز به‌ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۳۲ برآورد گردید (۳). البته وراثت‌پذیری وزن شیرگیری به‌ترتیب در گاوهای هانوو و گاوهای گوشتی آنگوس آمریکا ۰/۵۱ و ۰/۱۴ بود و نشان‌دهنده آن است که وراثت‌پذیری یک صفت از یک جمعیت به جمعیت دیگر متفاوت می‌باشد (۳۴،۱۶). این امر به دلیل تفاوت در شرایط محیطی، نحوه مدیریت، روش برآورد وراثت‌پذیری و ظرفیت ژنتیکی حیوانات است. تحقیقات مختلف نشان داده‌اند که وراثت‌پذیری صفات با سطح تولید گله‌ها تغییر می‌کند (۳،۱۹)، به نحوی که در گله‌هایی با سطح رشد بالاتر وراثت‌پذیری صفاتی نظیر صفات وزن بدن بیشتر از گله‌هایی است که میانگین رشد آنها کمتر است. به طور کلی پایین‌تر بودن وراثت‌پذیری صفت وزن شیرگیری نسبت به وزن تولد نشان دهنده این امر است که سهم قابل توجه‌ای از تفاوت‌های فنوتیپی صفت مذکور در بین حیوانات مختلف، ناشی از تفاوت‌های مربوط به اثرات ژنتیکی غیرافزایشی، محیطی از جمله محیطی دائمی مادری بین آنهاست. لذا به منظور افزایش عملکرد وزن شیرگیری گاوهای سیمنتال آمریکا، توجه عمده به به‌بود شرایط محیطی پرورش، بهداشت گله و همچنین تغذیه بهتر دام‌ها یک امر ضروری است.

جدول ۳- برآورد اجزای واریانس صفات مورد مطالعه

Table 3. Estimates of variance components for the studied traits

اجزای واریانس / صفت	وزن تولد	وزن شیرگیری	وزن یکسالگی	افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی
واریانس ژنتیکی افزایشی (σ_a^2)	۳۶/۶۲	۱۰۶۰/۲۲	۱۸۳۹/۶۱	۷۲۳/۰۸
واریانس ژنتیکی افزایشی مادری (σ_m^2)	---	۵۶۲/۷۲	---	---
واریانس محیطی دائمی مادری (σ_{pe}^2)	---	۳۵۶/۰۸	---	---
واریانس باقیمانده (σ_e^2)	۶۰/۸۲	۲۵۲۷/۹۰	۳۴۱۶/۴۱	۲۵۲۷/۹۰
واریانس فنوتیپی (σ_p^2)	۹۷/۴۴	۴۵۰۶/۹۲	۵۲۵۶/۰۳	۳۲۵۰/۹۸

1- Window posterior probability of association

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

جدول ۴- وراثت‌پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی فنوتیپی (پایین قطر) صفات مورد مطالعه

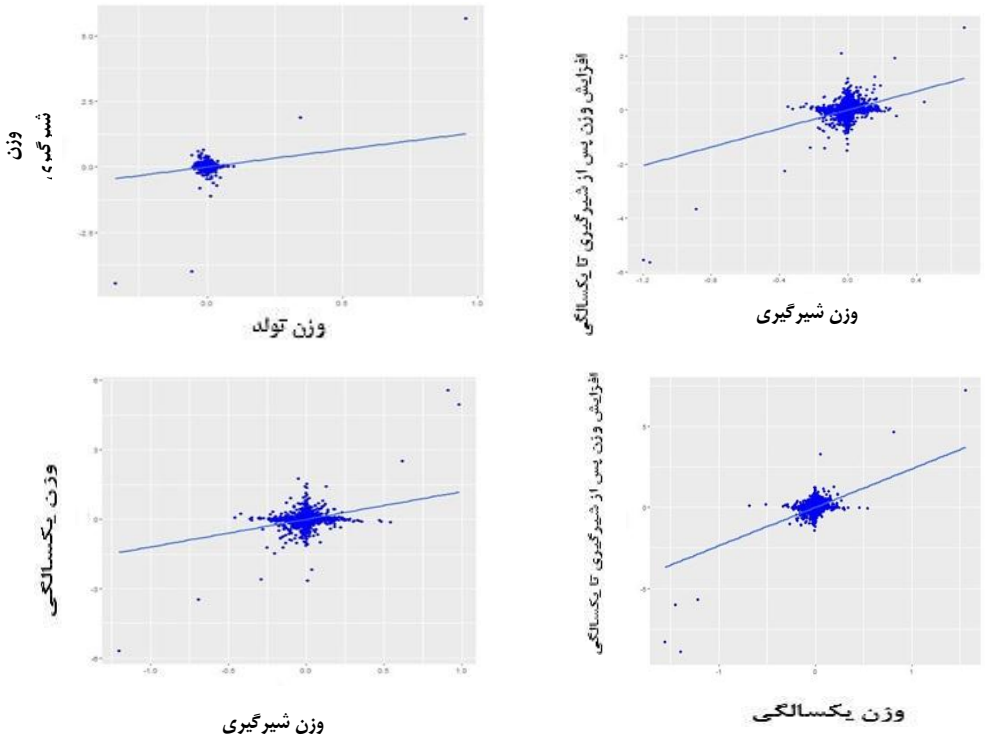
Table 4. Heritability (diagonal), genetic (above diagonal) and phenotypic (below diagonal) correlations for the studied traits

صفت	وزن تولد	وزن شیرگیری	وزن یکسالگی	افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی
وزن تولد	۰/۳۸ ۰۲/۰±	۰/۴۹	۰/۴۲	۰/۳۱
وزن شیرگیری	۰/۳۶	۰/۲۴ ± ۰/۰۱	۰/۵۴	۰/۵۰
وزن یک سالگی	۰/۳۱	۰/۲۹	۰/۳۵ ± ۰/۰۱	۰/۵۱
افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی	۰/۱۹	۰/۳۳	۰/۴۶	۰/۲۲ ± ۰/۰۲

همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد مطالعه در جدول ۴ ارائه شده است. همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن بدن در این مطالعه مثبت و متوسط بود و دامنه‌ای از ۰/۳۱ (بین وزن تولد با افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی) تا ۰/۵۴ (بین وزن شیرگیری با وزن یکسالگی) داشت. علاوه‌براین، رابطه بین اثرات نشانگری تخمین‌زده شده در صفات وزن بدن با بالاترین همبستگی ژنتیکی در شکل ۱ ارائه شده است. این نتایج نشان می‌دهند که ژن‌های مشابهی این صفات را تحت کنترل داشته‌اند و لذا می‌توان وزن تولد را به عنوان معیار مناسبی برای به‌بود وزن در سایر سنین در نظر گرفت.

برآوردهای همبستگی‌های فنوتیپی بین همه صفات تولیدی، مثبت و عموما از همبستگی‌های ژنتیکی کمتر بودند که خود بیانگر پایین‌تر بودن ضریب تغییرات ژنتیکی نسبت به فنوتیپی و در نتیجه تاثیر کمتر محیط بر این صفات می‌باشد (۱۵،۳۸). در بین صفات مربوط به وزن بدن، کمترین همبستگی فنوتیپی مربوط به صفت وزن تولد با افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی (۰/۱۹) گزارش شد. سایر برآوردهای مربوط به همبستگی‌های فنوتیپی، مثبت و متوسط به پایین بوده و دامنه‌ای از ۰/۲۹ (بین وزن شیرگیری با وزن یکسالگی) تا ۰/۴۶ (وزن یکسالگی با افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی) داشتند.

به‌طورکلی، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات وزن بدن در سنین مختلف، با برآوردهای سایر محققین در نژادهای مختلف گاو گوشتی توسط تورس و همکاران (۳۸) و ایروین لوپز و همکاران (۱۶) مطابقت داشت. علاوه براین، هیبر و همکاران (۱۵) همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن تولد با وزن شیرگیری و وزن یکسالگی را به‌ترتیب ۰/۶۰ و ۰/۵۳ در گاو گوشتی تخمین زدند که تا حدودی از مقادیر برآورد شده در این مطالعه بیشتر بود.



شکل ۱- توزیع ارتباط اثرات نشانگری تخمین زده شده بین صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا با استفاده از تجزیه و تحلیل دو صفته

Figure 1. The distortion of the association estimated marker effects between body weight traits in American Simmental beef cattle using bivariate analysis.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا با استفاده از روش ssGBLUP در جدول ۵ نشان داده شده است. ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای صفات وزن بدن با صحت نسبتا بالایی برآورد شدند. بیشترین صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنومی در بین صفات مورد مطالعه مربوط به وزن شیرگیری و وزن یکسالگی بود. از آنجاییکه وراثت‌پذیری تخمین‌زده شده برای این صفات بالا و همین‌طور تعداد افراد جمعیت مرجع در این صفات بیشتر از دو صفت دیگر بود، بنابراین می توان گفت که نتایج مورد انتظار می باشد. ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای صفت افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی با صحت پایین‌تری نسبت به وزن تولد برآورد شدند. این نتایج نیز مورد انتظار بود چرا که وراثت پذیری این صفت نسبت به وزن تولد نیز پایین‌تر و معادل ۰/۲۲ بود. مطالعات قبلی انجام شده بر روی انتخاب ژنومی همچنین نشان داده است که صحّت انتخاب به کمک کل ژنوم در صفاتی که وراثت‌پذیری بالایی دارند بیشتر از صفاتی است که وراثت‌پذیری کمتری دارند (۲۶،۱۴). ساعتچی و همکاران (۳۴) دامنه صحّت پیش‌بینی ژنومی را برای صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی آنگوس از ۰/۲۲ تا ۰/۶۹ تخمین زدند که با مقادیر برآورد شده در این مطالعه مشابهت داشت. لی و همکاران (۲۰) صحت پیش‌بینی را با استفاده از روش‌های تک مرحله‌ای در تراشه ۵۰K و صفات لاشه بین دامنه ۰/۲۷ تا ۰/۵۲ گزارش کردند. در سایر گزارشات توسط دات‌وایلر و همکاران (۵) و پایوسچ و همکاران (۲۹) نشان دادند که تراکم نشانگری و میزان LD از مهمترین فاکتورهای موثر بر صحت پیش‌بینی می‌باشند به طوریکه استفاده از از این تراکم‌های نشانگری در کنار اطلاعات فنوتیپی می‌تواند باعث افزایش صحت پیش‌بینی شود.

جدول ۵- صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی و ضریب تابعیت ارزش‌های فنوتیپی به ارزش‌های اصلاحی ژنومی تخمین‌زده شده صفات وزن بدن

Table 5. Genomic prediction accuracies and regression of phenotype on genomic estimated breeding value between body weights traits

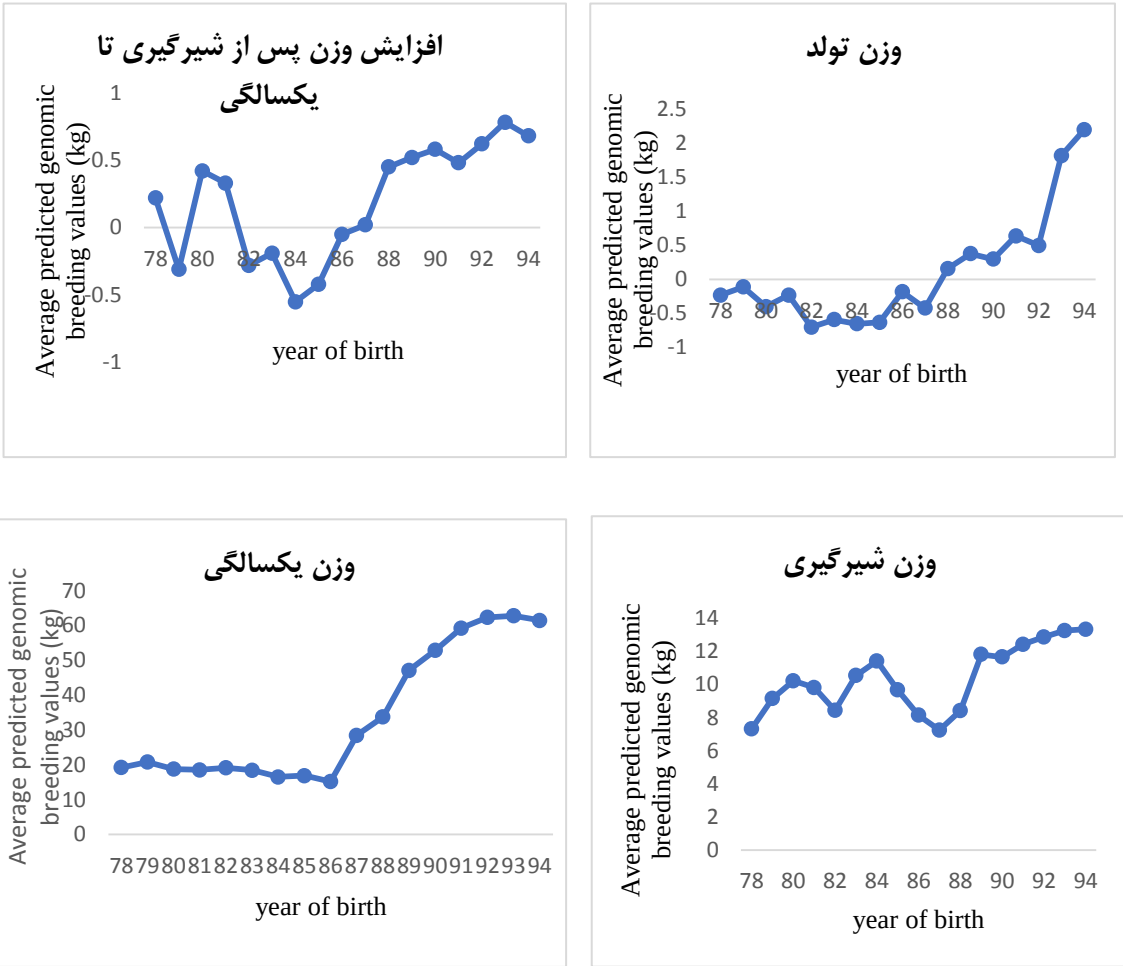
صفت	$r_{PA,GEBV}$	$b_{PA,GEBV}$
وزن تولد	۰/۳۸	۰/۸۹
وزن شیرگیری	۰/۶۸	۱/۲۶
وزن یکسالگی	۰/۵۷	۱/۰۷
افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی	۰/۲۷	۱/۶۷

ضریب تابعیت ارزش‌های فنوتیپی به ارزش‌های اصلاحی تخمین‌زده شده، در جدول ۵ نشان داده شده است. ضریب تابعیت پیش‌بینی ژنومی به‌ترتیب برای وزن تولد و وزن یکسالگی ۰/۸۹ و ۱/۰۷ تخمین‌زده شد. ضریب تابعیت پیش‌بینی ژنومی کمتر از یک نشان می‌دهد که واریانس ارزش‌های اصلاحی ژنومی بیش از حد برآورد شده است. دلیل احتمالی این مسئله این است که نشانگرها در LD کامل با ژن‌های عامل عمده نبوده و لذا واریانس ژنتیکی کل به‌طور کامل محاسبه نمی‌شود. با توجه به مقادیر برآورد شده می‌توان گفت که ارزش‌های اصلاحی ژنومی بدست آمده برای وزن یکسالگی نسبت به سایر صفات نااریب‌تر بوده است، زیرا که ضریب تابعیت آن نزدیک به یک تخمین‌زده شده است.

روند تغییرات ژنتیکی

میانگین ارزش اصلاحی ژنومی پیش‌بینی شده صفات وزن بدن بر حسب سال تولد با استفاده از تجزیه و تحلیل تک صفته در شکل ۲ نشان داده شده است. روند ژنتیکی وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یکسالگی و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی به‌ترتیب ۰/۱۳، ۰/۲۸، ۳/۴۳ و ۰/۰۵ کیلوگرم در سال بدست آمد. همانطور که در این شکل مشخص است، نوسانات اندکی در روند ژنتیکی تمامی صفات به‌ویژه وزن شیرگیری و وزن یکسالگی طی سال‌های مورد بررسی مشاهده می‌شود که نشان از وجود اهداف و معیار انتخاب مشخص در هر یک از این صفات می‌باشد. به عبارت دیگر در بازه زمانی مورد بررسی، خط مشی مشخص در خصوص اصلاح و به‌بود ژنتیکی صفات وزن بدن در گاو گوشتی سیمنتال آمریکا وجود داشته است. اگرچه از سال ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۶ روند ژنتیکی نزولی در تمامی صفات به‌ویژه صفات وزن تولد و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یک سالگی دیده می‌شود ولی این روند پایدار نبوده و بعد از سال ۱۳۸۷ روند ژنتیکی صعودی با نوسانات اندکی مشاهده شده است.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]



شکل ۲- میانگین ارزش‌های اصلاحی ژنومی پیش بینی شده صفات وزن بدن طی سال‌های تولد.
Figure 2. The mean of predicted genomic breeding values of body weight traits during years of birth

صعود آنی میانگین ارزش اصلاحی ژنومی بعد از سال ۱۳۸۷ را می‌توان به ورود دام‌هایی با ارزش اصلاحی بالاتر مربوط دانست که البته در صفت افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی استمرار نداشت (۱۳،۱۲). همچنین، کاهش میانگین ارزش اصلاحی ژنومی بـرای صفات وزن بدن طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۶ را می‌توان به تفاوت بین گاوهای نر از نظر تعداد نتاج نسبت داد، به‌طوریکه بعضی از گاوهای نر برتر به علل تولید مثلی و مدیریتی حذف شده و قدرت بارور کردن تعداد گاوهای ماده کمتری را داشته‌اند (۶،۱۲،۳۷). میانگین ارزش اصلاحی ژنومی بالاتر به ازای هر سال برای صفات وزن شیرگیری و وزن یکسالگی در این مطالعه را می‌توان به واریانس ژنتیکی افزایشی بالاتر این دو صفت در مقایسه با صفات وزن تولد و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی نسبت داد (۲۲،۳۳).

جایگاه‌های صفت کمی (QTLs) موثر بر صفات وزن بدن

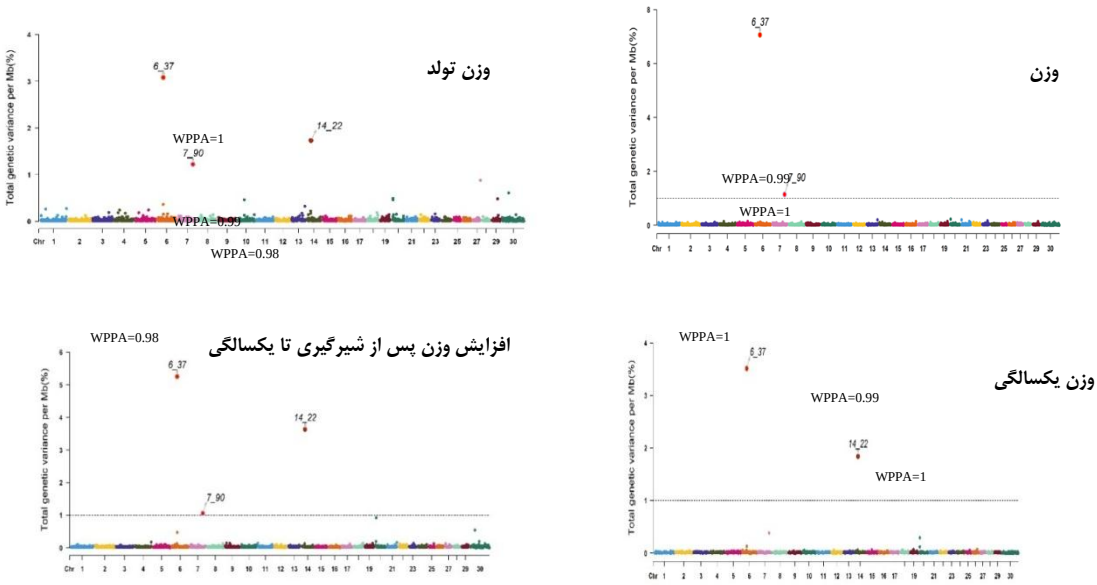
مقادیر مختلف π تخمین زده شده با استفاده از روش بیز C در زنجیره‌ای به طول ۴۰۰۰۰ نمونه برای صفات مربوط به وزن بدن در شکل ۳ نشان داده شده است. میانگین مقادیر π تخمین زده شده بعد از همگرایی نمونه به‌ترتیب برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن یکسالگی و افزایش وزن پس ازشیرگیری تا یکسالگی ۰/۵۱، ۰/۶۷، ۰/۶۵ و ۰.۵۹ برآورد گردید که از این مقادیر برای شناسایی QTLsهای با اثر عمده به‌وسیله روش بیز B استفاده شد (۳۴،۲۰).

در مجموع تعداد سه QTL با اثر عمده در این مطالعه شناسایی گردید که بر روی بیشتر از یک صفت موثر بودند. این QTLها بر روی کروموزوم‌های شش در موقعیت ۳۷ میلیون باز، کروموزوم هفت در موقعیت ۹۰ میلیون باز و کروموزوم چهارده در موقعیت ۲۲ میلیون باز شناسایی شد. به طور کلی، QTL بر روی کروموزوم شش در موقعیت ۳۷ میلیون باز بالاترین مقدار کل واریانس ژنتیکی افزایشی را نشان داد. علاوه بر این، این QTL با احتمال پسینی از ارتباط پنجره (WPPA) ۰/۹۹ تا ۱ در هر چهار صفت وزن بدن مشاهده شد (شکل ۴).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

شکل ۳- توزیع مقادیر π تخمین زده شده با زنجیره‌ای به طول ۴۰۰۰۰ نمونه مربوط به صفات وزن بدن
Figure 3. The distribution of estimated π values with 40000 iteration related to body weights traits

بالاترین مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مربوط به QTL بر روی کروموزوم شش در صفت وزن تولد بدست آمد که مقدار آن ۶/۶۳ درصد از کل واریانس ژنتیکی افزایشی بود. ساعتچی و همکاران (۳۵) مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مربوط به این QTL را ۰/۳۲ درصد برای این صفت در گاو گوشتی هرفورد تخمین زدند. مطالعات متعددی وجود QTL بر روی کروموزوم شش و در موقیت های نزدیک به ۳۷ میلیون باز را در صفات وزن بدن، صفات رشد و صفات لاشه در گاو گوشتی نشان دادند (۳۴،۸). علاوه‌براین، موقیت ۳۷ میلیون بازی شناسایی شده در کروموزوم شش نزدیک به ژن LAP3 (leucine aminopeptidase 3) در موقعیت ۳۸/۵۷-۳۸/۶۰ میلیون بازی واقع شده است به‌طوریکه این ژن در پلیمریزه کردن (polymerization) و تجزیه پروتئین‌ها در سلول‌های عضلانی نقش دارد (۴۳).



شکل ۴- پلات منهتن ترسیم شده برای صفات وزن بدن به همراه مقادیر از احتمال پسینی از ارتباط پنجره (WPPA)
Figure 4. Manhattan plot for body weights traits with window posterior probability of association (WPPA) values

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

QTL شناسایی شده بر روی کروموزوم هفت و موقعیت ۹۰ میلیون باز در صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن یکسالگی مشاهده شد. بالاترین واریانس ژنتیکی افزایشی بدست آمده برای این QTL ۱/۱۶ درصد مربوط به صفت وزن شیرگیری بود. در مطالعه دیگری مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی تخمین‌زده شده برای این QTL در صفت ناحیه عضله ریب–آی (ribeye muscle area) ۰/۱۶ درصد در گاو گوشتی گلبی (Gelbvieh) گزارش شد (۳۵). QTL بر روی کروموزوم ۱۴ و موقعیت ۲۲ میلیون باز در صفات وزن شیرگیری، وزن یکسالگی و افزایش وزن پس از شیرگیری تا یکسالگی مشاهده شد. بالاترین واریانس ژنتیکی اقزایشی بدست آمده برای این QTL ۳/۰۴ درصد مربوط به صفت وزن یکسالگی بود. مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی تخمین زده شده برای این QTL در موقعیت ۲۶ میلیون بازی برای صفت وزن لاشه ۲ درصد در گاو گوشتی گلبی (Gelbvieh) برآورد گردید که از مقدار محاسبه شده در این مطالعه پایین‌تر بود (۳۵). کریم و همکاران (۱۸) و نیشیمورا و همکاران (۲۸) به ترتیب نشان دادند که ژن PLAG1 (pleiomorphic adenoma gene 1) بر روی کروموزوم ۱۴ می‌تواند با اندازه گاو در نسل دوم هلشتاین × جرسی و وزن لاشه در گاو سیاه ژاپنی در ارتباط باشد. همچنین، جیانگ و همکاران (۱۷) و فریمن و همکاران (۸) ژن LOC107133096 بر روی کروموزوم ۱۴ را گزارش کردند که می‌تواند در فرایند کتوزیس (Ketosis) نقش داشته باشد.

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج این مطالعه می‌توان گفت که با افزایش تعداد افراد جمعیت مرجع و افزایش وراثت‌پذیری صفات کمی صحت پیش‌بینی ژنومی افزایش می‌یابد. لذا با توجه به کم بودن اندازه جمعیت مرجع در گاو گوشتی سیمنتال آمریکا، می‌توان از روش ارزیابی ژنومی تک‌مرحله‌ای با ترکیب هر دو اطلاعات شجره‌ای و ژنومی صحت ارزیابی‌های ژنومی را افزایش داد. بین صفات وزن بدن در گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا همبستگی مطلوب وجود دارد که بخشی از آن منشا ژنتیکی و بخشی منشا محیطی دارد. لذا چنانچه سودآوری گله از طریق افزایش ظرفیت ژنتیکی برای صفات رشد حیوانات مد نظر باشد، با توجه به همبستگی مطلوب این صفات، برنامه اصلاح نژادی بایستی بر اساس انتخاب همزمان برای صفات مذکور از طریق یک شاخص انتخاب صورت گیرد. همچنین، در مجموع تعداد سه QTL با اثر عمده در این مطالعه شناسایی گردید که بر روی بیشتر از یک صفت موثر بودند به‌طوریکه می‌توان از این QTLها در برنامه‌های اصلاحی گاو گوشتی استفاده کرد.

تشکر و قدردانی

از جناب آقای دکتر مهدی ساعتچی به‌دلیل اظهارنظرهای ارزشمند ایشان و فراهم کردن داده‌های مربوط به گاوهای گوشتی سیمنتال آمریکا سپاسگزاری می‌شود.

منابع

1. Aguilar, I., I. Misztal, D.L. Johnson, A. Legarra and S. Tsuruta. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. Journal of Dairy Science, 93: 743-752.
2. Akanno, E.C., L. Chen, K. Mohammed, A. Ismail, J. Crowley, Z. Wang, C. Li, J.A. Basarab, M.D. MacNeil and G.S. Plastow. 2018. Genome-wide association scans for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbreed beef cattle. Genetics Selection Evolution, 50: 48.
3. Boldt R.J., S.E. Speidel, M.G. Thomas and R. Mark Enns. 2018. Genetic parameters for fertility and production traits in Red Angus cattle. Journal of Animal Science, 96: 4100-4111.
4. Cheng, H., D.J. Garrick, and R.L. Fernando. JWAS: Julia implementation of whole-genome analyses software using univariate and multivariate Bayesian mixed effects model. Retrieved June 8, 2019 from http://QTL.rocks.
5. Daetwyler, H., K. Kemper, J. Van der Werf and B. Hayes. 2012. Components of the accuracy of genomic prediction in a multi-breed sheep population. Journal of animal science, 90: 3375-3384.
6. Dorostkar, M., S.A. Rafat, J. Shodja and N. Pirany. 2010. Study of Genetic and Phenotype Trends of Some of Growth Traits in Moghani Sheep. Journal of Animal Science Research, 4: 15-25 (In Persian).
7. Fernando, R.L., J.C. Dekkers and D.J. Garrick. 2014. A class of Bayesian methods to combine large numbers of genotyped and non-genotyped animals for whole-genome analyses. Genetics Selection Evolution, 46: 50.
8. Freebern, E., D.J.A. Santos, L. Fang, J. Jiang, K.L. Parker Gaddis, G.E. Liu, P.M. VanRaden, C. Maltecca, J.B. Cole and L. Ma. 2020. GWAS and fine-mapping of livability and six disease traits in Holstein cattle. BMC Genomics, 21: 41.
9. Garrick, D.J., J.F. Taylor and R.L. Fernando. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. Genetics Selection Evolution, 41: 55.
10. Habier, D., R.L Fernando and J.C. Dekkers. 2009. Genomic selection using low-density marker panels. Genetics, 182: 343-353.
11. Hanford, K.J., L.D. Van Vleck, and G.D. Snowder. 2005. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight and wool characteristics of Rambouillet sheep. Small Ruminant Research, 57: 175-186.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

12. Hanford, K.J., L.D. Van Vleck and G.D. Snowder. 2006. Estimates of genetic parameters and genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. Livestock Science, 102: 72-82.
13. Hansen, L.B., A.E. Freeman and P.J. Berger. 1983. Yield and fertility relationships in dairy cattle. Journal Dairy Science, 66: 293-305.
14. Hayes, B.J., P.J. Bowman, A. Chamberlain and M. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. Journal of Dairy Science, 92: 433-443.
15. Hieber, J.K., R.L. Endecott, J.A. Boles and J.M. Thomson. 2021. Identification of genomic regions for carcass quality traits within the American simmental association carcass merit program. Animals, 11: 471.
16. Irvine Lopez, B., K.G. Santiago, K. Seo, T. Jeong, J.E. Park, H. Chai, W. Park and D. Lim. 2020. Genetic parameters of birth weight and weaning weight and their relationship with gestation length and age at first calving in Hanwoo (Bos taurus coreanae). Animals, 10: 1083.
17. Jiang, J., J.B. Cole, E. Freebern, Y. Da, P.M. VanRaden and L. Ma. 2019. Functional annotation and Bayesian fine-mapping reveals candidate genes for important agronomic traits in Holstein bulls. Communications Biology, 2(1): 212.
18. Karim, L., H. Takeda, L. Lin, T. Druet, J.A. Arias, D. Baurain, N. Cambisano, S.R. Davis, F. Farnir, B. Grisart, B.L. Harris, M.D. Keehan, M.D. Littlejohn, R.J. Spelman, M. Georges and W. Coppieters. 2011. Variants modulating the expression of a chromosome domain encompassing PLAG1 influence bovine stature. Nature Genetics, 43: 405-413.
19. Khorshidi, R., M.D. MacNeil, D.P. Hays, M.K. Abo-Ismail, J.J. Crowley, E.C. Akanno, Z. Wang and G. Plastow. 2020. Estimation of genetic parameters and trend for growth traits in Hays converter cattle using multiple-trait and random regression models. Livestock Science, 241: 104245.
20. Lee, J., H. Cheng, D. Garrick. B. Golden, J.C.M Dekkers, K. Park, D. Lee and R. Fernando. 2017. Comparison of alternative approaches to single-trait genomic prediction using genotyped and non-genotyped Hanwoo beef cattle. Genetics Selection Evolution, 49: 1-9.
21. Legarra, A., I. Aguilar and I. Misztal. 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. Journal of Dairy Science, 92: 4656-63.
22. Meyer, K., B. Tier and A. Swan. 2018. Estimates of genetic trend for single-step genomic evaluations. Genetics Selection Evolution, 50: 39.
23. Meuwissen, T., B. Hayes and M. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics. 157: 1819-1829.
24. Miller, S. 2010. Genetic improvement of beef cattle through opportunities in genomics. Revista Brasileira de Zootecnia, 39: 247-255.
25. Misztal, I., A. Legarra and I. Aguilar. 2014. Using recursion to compute the inverse of the genomic relationship matrix. Journal of Dairy Science, 97(6): 3943-3952.
26. Naderi, Y. 2018. The importance of genetic relationships and phenotypic record on genomic accuracy of simulated imputation data via animal models in presence of genotype × environment interactions. Research on Animal Production, 22: 119-130 (In Persian).
27. Nejati-Javaremi, A., C. Smith and J. Gibson. 1997. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. Journal of Animal Science, 75: 1738-1745.
28. Nishimura, S., T. Watanabe, K. Mizoshita, K. Tatsuda, T. Fujita, N. Watanabe, Y. Sugimoto and A. Takasuga. 2012. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the PLAG1-CHCHD7 QTN for stature in Japanese Black cattle. BMC Genetics, 13: 40.
29. Pausch, H., I.M. MacLeod, R. Fries, R. Emmerling, P.J. Bowman, H.D. Daetwyler and M.E. Goddard. 2017. Evaluation of the accuracy of imputed sequence variant genotypes and their utility for causal variant detection in cattle. Genetics Selection Evolution, 49: 24.
30. Pérez-Cabal, M.A., A.I. Vazquez, D. Gianola, G.J.M. Rosa and K.A. Weigel. 2012. Accuracy of genome-enabled prediction in a dairy cattle population using different cross-validation layouts. Frontiers in Genetics, 3: 27.
31. Phocas, F. and D. Laloe. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. Livestock Production Science, 89: 121-128.
32. Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M.A. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P.I. De Bakker and M.J. Daly and P.C. Sham. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. The American Journal of Human Genetics, 81: 559-575.
33. Rashidi, A. and H. Akhshi. 2007. Estimation of genetic and environmental trends for growth traits in Kordish sheep. Iranian Journal of Agricultural Sciences, 38: 329-335 (In Persian).
34. Saatchi, M., M.C. McClure, S.D. McKay, M.M. Rolf, J. Kim, J.E Decker, T.M. Taxis, R.H. Chapple, H.R. Ramey, S.L. Northcutt, S. Bauck, B. Woodward, J.C.M. Dekkers, R.L. Fernando, R.D. Schnabel, D.J. Garrick and J.F. Taylor. 2011. Accuracies of genomic breeding values in American Angus beef cattle using K-means clustering for cross-validation. Genetics Selection Evolution, 43: 40.
35. Saatchi, M, R.D. Schnabel, J.F. Taylor and D.J. Garrick. 2014. Large-effect pleiotropic or closely linked QTL segregate within and across ten US cattle breeds. BMC Genomics, 15: 442.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

36. Saheb Alam, H., M. Gholizadeh, H. Hafezian and A. Farhadi. 2017. Comparison of Bayesian methods in the genomic evaluation with different genetic architecture. Research on Animal Production, 18: 177-186 (In Persian).
37. Sullivan, P.G., J.W. Wilton, S.P. Miller and L.R. Banks. 1999. Genetic trends and breed overlap derived from multiple-breed genetic evaluations of beef cattle for growth traits. Journal of Animal Science, 77: 2019-2027.
38. Torres-Vázquez, J.A., J.H.J van der Werf and S.A. Clark. 2018. Genetic and phenotypic associations of feed efficiency with growth and carcass traits in Australian Angus cattle. Journal of Animal Science, 96: 4521-4531.
39. VanRaden, P.M. 2008. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. Journal of Dairy Science, 91: 4414-4423.
40. VanRaden, P.M., C.P. Van Tassell, G.R. Wiggans, T.S. Sonstegard, R.D. Schnabel, J.F. Taylor and F.S. 27. Schenkel. 2009. Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. Journal of Dairy Science, 92: 16-24.
41. Visscher, P. and C. Haley. 1998. Strategies for marker-assisted selection in pig breeding programmes. Stočarstvo, 52: 425-434.
42. Wiggans, G.R., T.S. Sonstegard, P.M. VanRaden, L.K. Matukumalli, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, F.S. Schenkel and C.P. Van Tassell. 2009. Selection of single nucleotide polymorphisms and quality of genotypes used in genomic evaluation of dairy cattle in the United States and Canada. Journal of Dairy Science, 92: 3431-3436.
43. Zheng, X., Z. Ju, J. Wang, Q. Li, J. Huang, A. Zhang, J. Zhong and C. Wang. 2011. Single nucleotide polymorphisms, haplotypes and combined genotypes of LAP3 gene in bovine and their association with milk production traits. Molecular Biology Reports, 38: 4053-4061.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]

Genetic Evaluation of Body Weight of American Simmental Beef Cattle using Single-Step GBLUP Approaches

Mostafa Madad[1], Jalil Shodja[2], Sadegh Alijani[3], Seyed Abbas Rafat[2] and Jack C.M. Dekkers[4]

1- Ph.D. Student, Department of Animal Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran
2- Professor, Department of Animal Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran
3- Associate Professor, Department of Animal Sciences, University of Tabriz, Tabriz, Iran, (Corresponding Author: sad-ali@tabrizu.ac.ir)
4- Professor, Department of Animal Sciences, Iowa state university, Ames, United States of America
Received: May 1, 2021 Accepted: June 12, 2021

Abstract

In this study, body weight records of 19171 American Simmental beef cattle including 8758 bull and 10413 cows from 2000 to 2016 were used to estimate genetic parameters and trend. We conducted genetic evaluation of data from 5199, 10926, 7362 and 5636 genotyped beef cattle of gene-based single nucleotide polymorphisms (SNPs) for birth weight (BW), weaning weight direct (WWD), yearling weight (YW) and post-weaning weight gain (PWG), respectively. Genetic parameters estimated using univariate and bivariate animal models and BLUPf90 software. Heritabilities were estimated for BW, WW, YW and PWG 0.38 ± 0.02, 0.24 ± 0.01, 0.35 ± 0.01 and 0.22 ± 0.02 using univariate analysis, respectively. Genetic correlation between BW and PWG was 0.31. The highest and the lowest genomic accuracy were estimated for WWD (0.68) and PWG (0.27), respectively. Genetic trends were estimated for BW, WW, YW and PWG 0.13, 0.28, 3.43 and 0.05, respectively. In addition, slight changes were observed in the genetic trend of all traits, especially weaning weight direct and yearling weight across years of study which indicates the existence of specific selection goals and criteria in each of these traits. In general, three large-effect closely linked QTLs identified on BTA6 at 37 Mb, on BTA7 at 90 Mb and on BTA14 at 22 Mb. Because correlations were favorable between body weight traits, breeding program should be based on the simultaneous selection of these traits through the selection index.

Keywords: Genomic selection, Genomic Accuracy, Genetic parameters, Genetic trend, Single step method

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2024-04-17]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1400.12.33.16.1]
[DOI: 10.52547/rap.12.33.139]