OPEN ACCESS
CC BY NC

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

"مقاله پژوهشی"

بررسی میزان تأثیر اثرات ژنتیکی غالبیت بر صحت ارزیابی ژنومی

مسلم کریمی[۱]، فرهاد غفوری کسبی[۲] و پویا زمانی[۳]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام و طیور، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران
۲- عضو هیأت علمی گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران، (نویسنده مسوول: f.ghafouri@basu.ac.ir)
۳- عضو هیأت علمی گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۹/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۵
صفحه: ۱۴۵ تا ۱۵۳

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: بررسی مقالات منتشر شده در حوزه انتخاب ژنومی نشان می‌دهد که در اکثر مطالعات انجام شده در گونه‌های دامی و زراعی ارزیابی ژنومی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت انجام شده است. در صورتیکه مطالعاتی که اخیرا انجام شده، نشان می‌دهند که اثرات ژنتیکی غالبیت به نحو قابل توجهی در تنوع فنوتیپی صفات تولیدی دام‌های اهلی مشارکت دارند. از این رو به‌نظر می‌رسد چشم پوشی از اثرات ژنتیکی غالبیت صحت ارزیابی ژنومی را تحت تاثیر قرار می‌دهد. در این مطالعه پیامدهای در نظر نگرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی بر صحت، میانگین مربعات خطا، اریبی و قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی بررسی شد.

مواد و روش‌ها: ژنومی شامل ۵ کروموزوم، هر کدام به طول یک مورگان و حاوی ۵۰۰۰ نشانگر تک نوکلئوتیدی دو آللی (SNP) در سطح وراثت‌پذیری ۰/۵ شبیه‌سازی شد. به همه جایگاه‌های صفات کمی (QTLها) اثرات ژنتیکی افزایشی داده شد. توزیع‌های متفاوت اثرات QTL (یکنواخت، نرمال و گاما) و نیز سه سناریو از تعداد QTL به‌صورت ۵، ۱۰ و ۲۰٪ از تعداد کل SNPها (به‌ترتیب ۲۵۰، ۵۰۰ و ۱۰۰۰ QTL) به‌صورت فرضیه‌های شبیه‌سازی در نظر گرفته شد. در سناریوهای مختلف به صفر، ۱۰، ۲۵، ۵۰ و ۱۰۰٪ از QTLها اثرات غالبیت داده شد. ارزش‌های اصلاحی ژنومی با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی ژنومی (GBLUP) برآورد شده و شاخص‌های روش LR، شامل صحت پیش‌بینی، میانگین مربعات خطای پیش‌بینی، اریبی و قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی برای تجزیه و تحلیل ارزش‌های اصلاحی حاصل از GBLUP مورد استفاده قرار گرفتند.

یافته‌ها: نتایج نشان داد در صورتیکه اثرات ژنتیک غالبیت در تنوع فنوتیپی صفت مشارکت داشته باشند اما در مدل ارزیابی ژنومی لحاظ نشده و به‌صورت تفکیک نشده از اثرات ژنتیکی افزایشی باقی بمانند، منجر به کاهش صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی تا حدود ۲۵٪ خواهد شد. همچنین میانگین مربعات خطای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی نیز با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت (از ۰/۰۰ به ۱۰۰٪) تا ۶۰٪ افزایش یافت. میزان اریبی ارزش‌های اصلاحی ژنومی نیز تحت تاثیر چشم پوشی از اثرات غالبیت قرار گرفت و با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت (از ۰/۰۰ به ۱۰۰٪) تا ۳۶٪ افزایش یافت. در ضمن قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی نیز به‌طور چشمگیری با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت (از ۰/۰۰ به ۱۰۰٪) تا حدود ۴۰٪ کاهش یافت.

نتیجه‌گیری: به‌طورکلی نتایج این تحقیق نشان داد که عدم تفکیک اثرات ژنتیکی غالبیت از اثرات ژنتیکی افزایشی منجر به برآوردهای با صحت پایین، اریب و غیرقابل اعتماد از ارزش‌های اصلاحی ژنومی می‌شود که در نهایت بازدهی انتخاب ژنومی را کاهش می‌دهد. بنابراین پیشنهاد می شود که به‌منظور افزایش کارایی طرح‌های انتخاب ژنومی، اثرات غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی منظور شود.

واژه‌های کلیدی: اثرات ژنتیکی غالبیت، ارزیابی ژنومی، نشانگر تک نوکلئوتیدی دو آللی، GBLUP

مقدمه

در اصلاح نژاد رایج برای برآورد ارزش‌های اصلاحی حیوانات از رکورهای فنوتیپی و اطلاعات شجره‌ای در قالب مدل دام استفاده شده و در ادامه از برآوردهای ارزش‌های اصلاحی برای انتخاب حیوانات برتر استفاده می‌شود. صحت ارزش‌های اصلاحی حاصل از این روش تحت تاثیر عوامل متعددی قرار می‌گیرد که از آن جمله می‌توان به تعداد رکوردهای فنوتیپی، دقت رکوردگیری‌ها، عمق و کیفیت شجره و مدل مورد استفاده اشاره کرد. در ضمن، برای صفاتی که در حیوان زنده قابل اندازه‌گیری نیستند مانند صفات مربوط به لاشه و صفات محدود به جنس مانند تولید شیر در گاوهای شیری استفاده از این روش دارای محدودیت است (۸). ابداع روش انتخاب به کمک مارکر (MAS) (۷) نیز از آنجا که از اطلاعات تعداد اندکی نشانگر استفاده می‌کرد نتوانست بهبود قابل توجهی در صحت ارزش‌های اصلاحی ایجاد نماید و به همین علت چندان مورد استقبال قرار نگرفت (۲۱). در طی دو دهه اخیر با ابداع تکنولوژی‌های جدید، امکان توالی‌یابی ژنوم حیوانات اهلی در سطح وسیع امکان‌پذیر شد. مطالعات سطح ژنوم نشان داد که تعداد بسیار زیادی نشانگر DNA به شکل چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) در سطح ژنوم وجود دارد که تنوع بسیار بالایی را در جمعیت ایجاد می‌کند. این تنوع پیش نیاز انتخاب ژنومی بود. امروزه این چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی به کارآمدترین ابزار به نژادی تبدیل شده‌اند. مطالعات پویش کل ژنوم روش مهمی در اصلاح نژد دام است که مبتنی بر تعیین ژنوتیپ تعداد بسیار زیادی از این جایگاه‌ها است. بدین منظور آرایه‌های با تراکم بالا از این نشانگرها در صنعت دامپروری ارائه شده‌اند (۹). میوسن و همکاران (۱۵)، با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری و ترکیب آن با روش‌های مختلف آماری مانند روش‌های بیزی، چهارچوب انتخاب ژنومی را پایه گذاری کردند و نشان دادند که چگونه می‌توان ارزش‌های اصلاحی ژنومی افراد کاندید انتخاب (که فاقد فنوتیپ بودند) را با استفاده از اطلاعات ژنوتیپی حدود SNP ۵۰۰۰۰ برآورد نمود. استفاده عملی از انتخاب ژنومی تا سال ۲۰۰۸ به تعویق افتاد، زمانی که تراشه‌های SNP برای تعیین ژنوتیپ دام‌ها در دسترس قرار گرفتند. در گاو شیری با این تراشه‌ها می‌توان هر دام را برای حدود SNP۵۴۰۰۰ تعیین ژنوتیپ کرد (در اصطلاح 54k). با این توضیحات تفاوت انتخاب ژنومی و MAS مشخص

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

می‌شود. بر خلاف MAS که در آن فقط از اطلاعات تعداد اندکی نشانگر استفاده می‌شد و در نتیجه فقط بخش کوچکی از واریانس ژنتیکی کل صفت توسط نشانگر توجیه می‌شد، در انتخاب ژنومی تعداد نشانگرهای مورد استفاده ده‌ها یا صدها هزار است و اثر تعداد زیادی نشانگر در آنِ واحد برآورد می‌شود و این پتانسیل را دارد که همه واریانس ژنتیکی را توجیه نماید (۱۰، ۲۴). دوبلت و همکاران (۵) تأثیر انتخاب ژنومی بر بهبود ژنتیکی سه نژاد گاو شیری مونبلیارد، نورماندی و هلشتاین را مطالعه نمودند و گزارش کردند که در مقایسه با انتخاب کلاسیک، انتخاب ژنومی میانگین پیشرفت ژنتیکی سالانه را بین ۳۳ درصد (هلشتاین) تا ۷۱ درصد (نورماندی) افزایش داده است.

میوسن و همکاران (۱۵)، با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری و ترکیب آن با روش‌های مختلف آماری مانند روش‌های بیزی، چهارچوب انتخاب ژنومی را پایه گذاری کردند و نشان دادند که چگونه می‌توان ارزش‌های اصلاحی ژنومی افراد کاندید انتخاب (که فاقد فنوتیپ بودند) را با استفاده از اطلاعات ژنوتیپی حدود ۵۰۰۰۰ SNP برآورد نمود. استفاده عملی از انتخاب ژنومی تا سال ۲۰۰۸ به تعویق افتاد، زمانی که تراشه‌های SNP برای تعیین ژنوتیپ دام‌ها در دسترس قرار گرفتند. در گاو شیری با این تراشه‌ها می‌توان هر دام را برای حدود SNP۵۴۰۰۰ تعیین ژنوتیپ کرد (در اصطلاح 54k). با این توضیحات تفاوت انتخاب ژنومی و MAS مشخص می‌شود. بر خلاف MAS که در آن فقط از اطلاعات تعداد اندکی نشانگر استفاده می‌شد و در نتیجه فقط بخش کوچکی از واریانس ژنتیکی کل صفت توسط نشانگر توجیه می‌شد، در انتخاب ژنومی تعداد نشانگرهای مورد استفاده ده‌ها یا صدها هزار است و اثر تعداد زیادی نشانگر در آنِ واحد برآورد می‌شود و این پتانسیل را دارد که همه واریانس ژنتیکی را توجیه نماید (۱۰). دوبلت و همکاران (۵) تأثیر انتخاب ژنومی بر بهبود ژنتیکی سه نژاد گاو شیری مونبلیارد، نورماندی و هلشتاین را مطالعه نمودند و گزارش کردند که در مقایسه با انتخاب کلاسیک، انتخاب ژنومی میانگین پیشرفت ژنتیکی سالانه را بین ۳۳ درصد (هلشتاین) تا ۷۱ درصد (نورماندی) افزایش داده است.

بررسی مقالات منتشر شده در حوزه انتخاب ژنومی نشان می‌دهد که در اکثر مطالعات انجام شده در گونه‌های دامی و زراعی ارزیابی ژنومی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت انجام شده است (۱،۳،۱۱،۲۶) دلایل این مساله عبارتند از ۱) فقدان شجره مناسب که حاوی درصد بالایی از خانواده‌های تنی (full-sib family) باشد، ۲) افزایش پیچیدگی محاسباتی در صورت وارد کردن اثرات غیرافزایشی در مدل، ۳) این حقیقت که اثرات ژنتیکی افزایشی و مادری تا حدودی اثرات غالبیت را نیز در بر میگیرند و ۴) دشواری استفاده عملی از اطلاعات ژنتیکی غیرافزایشی در طرح‌های اصلاح نژادی (۲۵). به همین دلیل بود که گزارشات محدودی مربوط به جزء واریانس غالبیت در صفات عملکردی حیوانات اهلی منتشر شده بود. اما نتایج مقالاتی که اخیراً منتشر شده است نشان می‌دهد که اثرات ژنتیکی غالبیت به نحو قابل توجهی در تنوع فنوتیپی برخی صفات تولیدی دام‌های اهلی مشارکت دارند (۶،۱۲). برای مثال جسوری و همکاران (۱۲) میزان مشارکت اثرات ژنتیکی غالبیت در صفات وزن بدن و صفات تولید تخم‌مرغ مرغان بومی را بررسی نمودند و گزارش کردند که اثرات غالبیت به میزان ۰/۰۶، ۰/۰۸ و ۰/۰۱ در واریانس فنوتیپی وزن تولد، وزن هشت هفتگی و وزن دوازده هفتگی مشارکت داشتند. در ضمن برای سن بلوغ جنسی، میانگین وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ، نسبت واریانس ژنتیکی غالبیت به واریانس فنوتیپی به میزان ۰/۰۶، ۰/۰۶ و ۰/۰۸ گزارش شد. صادقی و همکاران (۲۰) وراثت‌پذیری غالبیت برای وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و دوازده ماهگی را در بزهای نژاد عدنی به میزان ۰/۱۵، ۰/۱۷، ۰/۱۱، ۰/۱۹ و ۰/۲۵ گزارش نمودند. برای این صفات وراثت‌پذیری ژنتیکی افزایشی در دامنه ۰/۱۷ (وزن شیرگیری) تا ۰/۳۸ (وزن تولد) قرار داشت. از این رو به نظر می‌رسد وارد نمودن اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی می‌تواند ۱) به درک بهتری از معماری ژنتیکی صفات منجر شود، ۲) صحت ارزیابی ژنومی را افزایش دهد و ۳) بازدهی برنامه‌های آمیخته‌گری را به واسطه تعیین سهم نسبی اثرات ژنتیکی غالبیت افزایش دهد (۲۵). تحقیق حاضر به‌منظور بررسی تأثیر در نظر نگرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی بر صحت، میانگین مربعات خطا، اریبی و قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی انجام شد.

مواد و روش‌ها

شبیه‌سازی جمعیت و ژنوم

از بسته نرم‌افزاری *hyperd* (۲۳) جهت شبیه‌سازی ژنوم و جمعیت استفاده شد. ۵ کروموزوم ساختار ژنوم را تشکیل دادند که بر روی هر کدام ۱۰۰۰ نشانگر تک نوکلئوتیدی دو آللی (SNP) به‌طور یکنواخت پراکنده شدند. برای شبیه‌سازی جمعیت، ابتدا یک جمعیت پایه شامل ۵۰ فرد نر و ۵۰ فرد ماده شبیه‌سازی شد و با استفاده از آمیزش تصادفی برای ۵۰ نسل، سطح قابل قبولی از LD بین نشانگر و QTLایجاد گردید (r^2≈۰/۲۳). در هر نسل به ازاء هر دو والد، دو نتاج تولید شد. ازاین رو در طول ۵۰ نسل اندازه جمعیت به تعداد ۱۰۰ فرد ثابت ماند (Ne=۱۰۰). اندازه جمعیت در نسل ۵۱ از ۱۰۰ فرد به ۱۰۰۰ فرد افزایش داده شد. این حیوانات هم اطلاعات ژنوتیپی داشتند و هم اطلاعات فنوتیپی و جمعیت مرجع را تشکیل دادند. فنوتیپ حیوانات از طریق جمع ارزش ژنتیکی QTLها و یک جزء محیطی که از یک توزیع نرمال با میانگین صفر و انحراف استاندارد برابر با جذر واریانس محیطی اخذ شد به دست آمد و در نتیجه مقادیر فنوتیپی نیز در جمعیت دارای توزیع نرمال بود. سپس نسل ۵۲ از افراد نسل ۵۱ ایجاد شدند که فقط دارای اطلاعات ژنوتیپی بودند ولی اطلاعات فنوتیپی نداشتند. نسل ۵۲، جمعیت تأیید (افراد کاندید انتخاب) بودند که ارزش‌های اصلاحی آن‌ها باید برآورد می‌شد (جدول ۱).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

سناریوهای مورد بررسی

۱) تعداد QTL: تعداد QTL به‌صورت درصدی از تعداد نشانگر (۵، ۱۰ و ۲۰ درصد، به‌ترتیب ۲۵۰، ۵۰۰ و ۱۰۰۰ QTL) در نظر گرفته شد.

۲) توزیع اثرات QTL: در سناریوهای مختلف توزیع یکنواخت، نرمال و گاما برای اثر جایگزینی QTLها مدل‌سازی شد.

۳) اثرات ژنتیکی غالبیت: برای در نظر گرفتن اثرات غالبیت در مدل سناریوهای مختلفی در نظر گرفته شد: در سناریوی اول به همه QTLها فقط اثر افزایشی داده شد (سناریو A). در سناریوی دوم به همه QTLها اثر افزایشی داده شد و برای ۱۰٪ از آنها نیز اثر غالبیت منظور شد (سناریو A+10%D). در سناریوی سوم به همه QTLها اثر افزایشی داده شد و برای ۲۵٪ از آنها نیز اثر غالبیت منظور شد (سناریو A+25%D). در سناریوی چهارم به همه QTLها اثر افزایشی داده شد و برای ۵۰٪ از آنها نیز اثر غالبیت در نظر گرفته شد (سناریو A+50%D). در سناریوی پنجم به همه QTLها اثر افزایشی و غالبیت داده شد (سناریو A+100%D).

جدول ۱- پارامترهای استفاده شده در شبیه‌سازی ژنوم و جمعیت

Table 1. Parameters used for simulation of genome and population

ژنوم (Genome)	
تعداد کروموزوم Number of Chromosomes	5
اندازه هر کروموزوم (مورگان) Chromosome length (Morgan)	1
تعداد نشانگر SNP به ازاء هر کروموزوم No of marker per chromosome	1000
تعداد QTL به ازاء هر کروموزوم No of QTL per chromosome	50، 100، 200
توزیع اثرات QTL QTL distribution	Normal, Uniform, Gamma
فراوانی آلل نادر (MAF) Minor allele frequency (MAF)	0.05
جمعیت Population	
تعداد نسل‌ها برای ایجاد عدم تعادل پیوستگی (LD) No of generations for creating linkage disequilibrium (LD)	1-50
نسل مرجع Referencegeneration	51
نسل تایید Validation population	52

روش ارزیابی ژنومی

از روش بهترین پیش‌بینی نا اریب خطی ژنومی (GBLUP) برای ارزیابی ژنومی و برآورد اثر SNPها استفاده شد. GBLUP از ساده‌ترین و کاربردی‌ترین روش‌های ارزیابی ژنومی در اصلاح نژاد دام است و از نظر سرعت محاسباتی و میزان حافظه مورد نیاز نیز جزو بهترین روش‌ها است (۱۸). مدل آماری مورد استفاده به‌صورت زیر بود (۲۵):

$$y = \mu + Xb + e$$

در این رابطه، y بردار مشاهدات فنوتیپی و μ میانگین کل می‌باشد. عناصر ماتریس X شامل کدهای ۰، ۱ و ۲ است که نشان‌دهنده تعداد آلل‌های مربوط به هر یک از مکان‌های نشانگری برای هر فرد است. b بردار ارزش‌های اصلاحی ژنومی است. ***e*** نیز بردار اثرات باقی‌مانده است. برای تجزیه و تحلیل‌های GBLUP از بسته نرم‌افزاری BGLR (۴) استفاده گردید. برای بررسی ارزش‌های اصلاحی ژنومی به دست آمده در سناریوهای مختلف از برخی شاخص‌های روش LR (۱۳) استفاده شد. این شاخص‌ها عبارت بودند از:

۱) صحت پیش‌بینی (عملکرد پیش‌بینی): این شاخص به‌صورت همبستگی پیرسون بین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و ارزش‌های اصلاحی واقعی (شبیه‌سازی شده) محاسبه شد.

۲) میانگین مربعات خطای پیش‌بینی (MSEp): این شاخص به‌صورت توان دوم تفاوت ارزش‌های اصلاحی ژنومی واقعی از ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده محاسبه شد.

۳) اریبی (Bias): این شاخص به‌صورت تفاوت بین میانگین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و ارزش‌های اصلاحی واقعی محاسبه شد.

۴) قابلیت اعتماد (Reliability): این شاخص به‌صورت رگرسیون مقادیر ارزش‌های اصلاحی ژنومی پیش‌بینی شده بر روی ارزش‌های اصلاحی واقعی (شبیه‌سازی شده) محاسبه گردید.

به‌طور مشابه با مطالعات شبیه‌سازی در حوزه انتخاب ژنومی (۱،۳،۸)، هر سناریو مورد مطالعه که ترکیبی از تعداد QTL، توزیع اثرات QTL و درصد QTLهای دارای اثرات غالبیت بود ۱۰ بار تکرار شد و میانگین ۱۰ تکرار گزارش گردید. ۱۰ مرتبه تکرار هر سناریو به این دلیل است که در هر مرحله شبیه‌سازی، به دلیل تصادفی بودن ماهیت شبیه‌سازی، اطلاعات شبیه‌سازی شده متفاوت از تکرار قبل است و نتیجه ارزیابی از جهت صحت و سایر شاخص‌ها متفاوت خواهد بود. برای مثال ممکن است در تکرار اول صحت پیش‌بینی ۰/۶۵ شود، در تکرار دوم ۰/۶۹ شود و در تکرار چهارم ۰/۷۲ شود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

بنابراین برای اینکه مقایسه درستی بین سناریوهای مختلف انجام شود، منطقی‌تر است که میانگین ۱۰ بار تکرار هر سناریو از نظر شاخص‌های مورد بررسی با میانگین ۱۰ بار تکرار سناریوهای دیگر مقایسه شود.

نتایج و بحث

صحت پیش‌بینی

تأثیر افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت بر صحت ارزیابی ژنومی در سناریوهای مختلف از تعداد QTL (۲۵۰، ۵۰۰ و ۱۰۰۰QTL) در توزیع نرمال، گاما و یکنواخت اثرات QTL در جدول ۲ نشان داده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود در صورت استفاده از یک مدل صرفاً افزایشی، با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر(سناریو A) به ۱۰۰٪ QTLها (سناریو A+100%D)، صحت ارزیابی ژنومی کاهش یافت. برای مثال در توزیع نرمال اثرات QTL و در سناریو ۱۰۰۰ QTL، با افزایش درصد QTLهای با اثر غالبیت از صفر به ۱۰۰٪QTLها، صحت ارزیابی ژنومی به میزان ۲۳٪ کاهش یافت. نکته قابل توجه این بود که با افزایش تعداد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر تا ۲۵٪، صحت پیش‌بینی کاهش قابل توجهی نداشت و عمده کاهش در سناریوهای ۵۰٪ و ۱۰۰٪ QTL دارای اثر غالبیت مشاهده شد. در ضمن، شیب کاهش صحت ارزیابی ژنومی در نتیجه اختصاص اثر غالبیت به QTLها در حالتی که ۱۰۰۰ QTL در واریانس ژنتیکی کل مشارکت داشتند چشمگیر تر بود و با کاهش تعداد QTLها به ۲۵۰ QTL، از سرعت کاهش در صحت ارزیابی کاسته شد. برای مثال در توزیع نرمال اثرات QTL، در سناریو ۱۰۰۰ QTL، ٪۲۳ کاهش در صحت پیش‌بینی مشاهده شد، در حالی که در سناریو ۲۵۰ QTL، با افزایش درصد QTLهای با اثر غالبیت از صفر به ۱۰۰٪QTLها، صحت ارزیابی ژنومی به میزان ۱۶٪ کاهش یافت. در مقایسه، مدلی که صحت پیش‌بینی آن بزرگتر و نزدیک به یک باشد برای ارزیابی ژنومی مطلوب‌تر است. محمدی (۱۶) صفات شیر تولیدی، مقدار چربی و پروتئین را در گاوهای شیری هلشتاین ایران را ارزیابی ژنومی نمود. برای صفات مذکور اگرچه میزان مشارکت اثرات ژنتیکی غالبیت در تنوع فنوتیپی صفات مذکور کم بود (به‌ترتیب ۲٪، ۱٪ و ۱٪)، اما لحاظ نمودن اثرات غالبیت در مدل، صحت ارزیابی ژنومی برای صفات تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین را به‌ترتیب به میزان ۳٪، ۵٪ و ۶٪ در مقایسه با مدلی که فقط شامل اثرات افزایشی بود افزایش داد. همچنین محمدی و مختاری (۱۷) با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری، نشان دادند که وارد کردن اثرات غالبیت در مدل، صحت ارزیابی ژنومی را افزایش خواهد داد به‌صورتی که در روش BayesA، صحت ارزیابی ژنومی از ۰/۶۳ به ۰/۶۹ و در روش BayesL، صحت ارزیابی ژنومی از ۰/۶۵ به ۰/۶۷ افزایش یافت. در ضمن در تحقیق مذکور، میزان افزایش در صحت ارزیابی ژنومی در سطوح پایین وراثت‌پذیری بیشتر از سطوح وراثت‌پذیری بالا بود. علت این مساله این است که صفات با وراثت‌پذیری پایین بیشتر تحت تاثیر اثرات غالبیت قرار دارند و در نتیجه با وارد کردن اثرات غالبیت در مدل و تفکیک آنها از اثرات ژنتیک افزایشی برای این صفات صحت ارزیابی به میزان بیشتری نسبت به صفات با وراثت‌پذیری بالا (که کمتر تحت تاثیر اثرات غالبیت هستند) افزایش خواهد یافت.

گزارشاتی نیز وجود دارد مبنی بر عدم تغییر در صحت ارزیابی ژنومی در نتیجه وارد کردن اثرات غالبیت در مدل که عمدتاً مربوط به گونه‌های زراعی هستند. برای مثال مورائیس و همکاران (۱۸) مدل‌های مختلف حاوی اثرات افزایشی و افزایشی+غالبیت را در ارزیابی ژنومی صفات عملکردی برنج مورد مقایسه قرار دادند و گزارش کردند که وارد کردن اثر غالبیت صحت پیش‌بینی را بهبود نبخشید. همچنین یادا و همکاران (۲۸) صحت ارزیابی ژنومی صفات تولیدی گیاه نیشکر شامل میزان محصول، محتوی قند و محتوی فیبر را با استفاده از مدل‌های ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی افزایشی+غالبیت ارزیابی ژنومی نمودند. برای صفت میزان محصول، واریانس ژنتیکی غالبیت نزدیک به ۷۰٪ از واریانس ژنتیکی کل را به خود اختصاص داده بود و وارد کردن اثر غالبیت در مدل صحت ارزیابی ژنومی را از ۰/۲۴ ۰/۲۶ افزایش داد اما برای دو صفت دیگر (محتوی قند و پروتئین) جزء واریانس غالبیت ناچیز بوده و تاثیری بر صحت ارزیابی ژنومی نداشت. مقایسه نتایج به دست آمده در گونه‌های زراعی با گونه‌های دامی نشان می‌دهد احتمالاً اثرات ژنتیکی غیرافزایشی نقش کمتری در تنوع فنوتیپی محصولات زراعی ایفا می‌کند، هرچند تأیید این مطلب به تحقیقات بیشتری نیاز دارد.

جدول ۲- صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مختلف از تعداد QTL و درصد QTLهای دارای اثرات غالبیت

Table 2. Accuracy of predicted genomic breeding values in different scenarios of number of QTL and percent of QTLs with dominance effect

A+100%D	A+50%D	A+25%D	A+10%D	A	
					توزیع نرمال (Normal distribution)
0.64	0.71	0.78	0.81	0.83	QTL 1000
0.63	0.72	0.78	0.82	0.80	QTL 500
0.63	0.70	0.78	0.77	0.78	QTL 250
					توزیع گاما (Gamma distribution)
0.72	0.75	0.80	0.82	0.82	QTL 1000
0.71	0.77	0.79	0.79	0.80	QTL 500
0.70	0.72	0.78	0.80	0.80	QTL 250
					توزیع یکنواخت (Uniform distribution)
0.71	0.75	0.78	0.81	0.84	QTL 1000
0.70	0.76	0.78	0.80	0.80	QTL 500
0.69	0.75	0.77	0.80	0.79	QTL 250

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

میانگین مربعات خطای پیش‌بینی (MSEp)

میانگین مربعات خطای پیش‌بینی (MSEp) ارزش‌های اصلاحی ژنومی در جدول ۳ نشان داده شده است. همانگونه که مشاهده می‌شود، کمترین مربعات خطای پیش‌بینی در حالتی به دست آمد که هیچ کدام از QTLها اثر غالبیت نداشتند (سناریو A) و با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت میانگین مربعات خطای پیش‌بینی به‌صورت خطی افزایش یافت و حداکثر MSEp زمانی به دست آمد که همه QTLها دارای اثر غالبیت بودند (سناریو A+100%D). در هر سناریو از میزان اثرات غالبیت، با کاهش تعداد QTLها از ۱۰۰۰ به ۲۵۰ QTL، میزان MSEp به‌طور چشمگیری کاهش پیدا کرد. برای مثال در سناریو A+25%D و توزیع نرمال، با کاهش تعداد QTLها از ۱۰۰۰ به ۲۵۰ QTL، میزان MSEp از ۳۸۱۹۳۳/۴ به ۹۸۴۱۱/۶ کاهش پیدا کرد (۷۴ درصد کاهش). میانگین مربعات خطای پیش‌بینی نیز یکی از شاخص‌های مهم برای تجزیه و تحلیل نتایج حاصل از ارزیابی ژنومی است. این پارامتر تواماً صحت و اریبی ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده را منعکس می‌کند و مقادیر پایین و نزدیک به صفر آن مطلوب و نشاندهنده صحت بالا و اریبی کم می‌باشد. در مطالعه ما، همانگونه که انتظار می‌رفت در هر سه توزیع اثرات QTL (نرمال، گاما و یکنواخت)، افزایش تعداد QTLهایی که دارای اثر غالبیت بودند منجر به افزایش MSEp شد و کمترین MSEp مربوط به سناریو فاقد اثرات غالبیت بود (سناریو A) که با نتایج تحقیقات دیگران مطابقت داشت. برای مثال علیلو و همکاران (۲) تاثیر وارد کردن اثر غالبیت در مدل و تفکیک آن از اثرات افزایشی بر ارزیابی ژنومی صفات تولید شیر، چربی و پروتئین شیر را در گاوهای دو نژاد هلشتاین و جرزی بررسی نمودند. مقایسه مدل‌ها نشان داد که مدلی که شامل اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت بود برازش بهتری از اطلاعات انجام داد. میزان مشارکت اثرات غالبیت در تنوع فنوتیپی صفات مورد بررسی بین ۳ تا ۴٪ در نژاد هلشتاین و ۶ تا ۷٪ در نژاد جرزی بود. برای صفات مورد بررسی در هر دو نژاد مدل ارزیابی ژنومی که حاوی اثرات افزایشی و غالبیت بود، MSEp کمتری (در دامنه یک تا ۴ درصد) در مقایسه با مدل صرفاً افزایشی داشت که در مقایسه با نتایج تحقیق حاضر کمتر است (در تحقیق حاظر صرفنظر کردن از اثرات غالبیت منجر به ۶۰ درصد افزایش در MSEp شد. محمدی و مختاری (۱۷) نیز با شبیه‌سازی یک صفت کمی و در نظر گرفتن معماری ژنتیکی صرفا افزایشی و افزایشی+غالبیت، گزارش نمودند که با وارد کردن اثرات غالبیت در مدل، MSEp در روش BayesA از ۱/۹۳ به ۱/۸۳، در روش BayesB از ۱/۸۳ به ۱/۷۳ و در روش Bayes Lasso از ۱/۹۲ به ۱/۸۴ کاهش یافت که با نتایج تحقیق حاضر در تطابق است اگرچه از نظر مقدار کمتر از مقادیر این تحقیق کمتر می باشد.

اریبی (Bias)

اریبی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در جدول ۴ نشان داده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود با افزایش QTLهای دارای اثر غالبیت، میزان اریبی افزایش یافت. برای مثال در توزیع نرمال و در همه سناریوها از تعداد QTL، با افزایش تعداد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر (سناریو A) به ۱۰۰٪ (سناریو A+100%D) میزان اریبی در حالت ۱۰۰۰، ۵۰۰ و ۲۵۰ QTL به‌ترتیب به مقادیر ۲۵٪، ۳۰٪ و ۲۸٪ افزایش یافت. در توزیع گاما با افزایش تعداد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر (سناریو A) به ۱۰۰٪ (سناریو A+100%D)، میزان افزایش در اریبی در حالت ۱۰۰۰، ۵۰۰ و ۲۵۰ QTL به‌ترتیب ۳۶٪، ۳۱٪ و ۳۱٪ درصد بود. در توزیع یکنواخت نیز با افزایش تعداد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر (سناریو A) به ۱۰۰٪ (سناریو A+100%D) در حالت ۱۰۰۰، ۵۰۰ و ۲۵۰ QTL میزان اریبی به‌ترتیب ۳۱٪، ۳۵٪ و ۳۵٪ افزایش یافت. در هر سناریو از تعداد QTLهای دارای اثر غالبیت با کاهش تعداد QTLها از ۱۰۰۰ به ۲۵۰ QTL، میزان اریبی ارزش‌های اصلاحی کاهش پیدا کرد. برای مثال در توزیع نرمال اثرات QTL و در سناریو A+25%D با کاهش تعداد QTLها از ۱۰۰۰ به ۵۰۰ و سپس به ۲۵۰ QTL، میزان اریبی از ۶۳۱/۵۶ به ۱۵۹/۶۴ کاهش پیدا کرد. وقتی تعداد QTLها کاهش پیدا می‌کند، واریانس ژنتیکی کل بین تعداد کمتری QTL تقسیم می شود و در این حالت توانایی مدل‌ها برای استخراج این اثرات ژنتیکی بزرگ افزایش می یابد. در حالیکه افزایش تعداد QTL به این معنی است که جزء کوچکتری از واریانس ژنتیکی کل به هر QTL تعلق می‌گیرد که به دام انداختن چنین اثرات ژنتیکی کوچکی برای روش‌های ارزیابی ژنومی سخت تر است، لذا با کاهش تعداد QTLها، افزایش در صحت ارزیابی و کاهش در میزان MSEp و اریبی ارزش‌های اصلاحی قابل انتظار است (۱، ۸). از یک دیدگاه اصلاح نژادی برای پیش‌بینی صحیح پاسخ به انتخاب، برآوردهای نااریب از ارزش‌های اصلاحی مورد نیاز است (۱۴). نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که اگر اثرات غالبیت وجود داشته باشند اما در مدل منظور نشوند و به‌صورت تفکیک نشده از اثرات ژنتیک افزایشی باقی بمانند منجر به برآوردهای اریب از ارزش‌های اصلاحی ژنومی خواهند شد. میزان اریبی بستگی به تعداد QTL دارای اثر غالبیت و میزان واریانس غالبیت دارد چنانکه با افزایش درصد تعداد QTL دارای اثر غالبیت از ۰/۰۰ به ۱۰۰٪ میزان اریبی تا حدود ۴۰٪ افزایش یافت. افزایش در اریبی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در نتیجه چشم پوشی از اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی توسط محمدی و مختاری (۱۶) گزارش شده است که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد. علیلو و همکاران (۲) گزارش کردند که یکی از عواقب چشم پوشی از اثرات غالبیت، ارزیابی ژنومی اریب افراد کاندید انتخاب است که منجر به رتبه بندی اشتباه افراد بر اساس ارزش‌های اصلاحی خواهد شد. در مطالعه علیلو و همکاران (۲) وارد نمودن اثرات غالبیت در مدل ارزیابی ژنومی منجر به تغییر رتبه حیوانات بر اساس ارزش اصلاحی شد به‌صورتیکه همبستگی رتبه‌بندی حیوانات برتر در دو مدل حاوی اثرات افزایشی و مدل حاوی اثرات افزایشی و غالبیت ۰/۹ بود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

جدول ۳- میانگین مربعات خطای پیش‌بینی (MSEp) ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مختلف از تعداد QTL و درصد QTLهای دارای اثرات غالبیت

Table 3. Mean square error of predicted genomic breeding values (MSEp) in different scenarios of number of QTL and percent of QTLs with dominance effect

A+100%D	A+50%D	A+25%D	A+10%D	A	
					توزیع نرمال Normal distribution
536523.9	453647.8	381933.4	364119.5	337112.3	QTL 1000
126765.7	112543.2	109445.3	101634.8	97867.4	QTL 500
123451.6	110975.3	93411.6	93315.2	88765.4	QTL 250
					توزیع گاما Gamma distribution
128561.1	122947.3	97129.4	90261.6	85016.6	QTL 1000
58377.3	43063.7	38594.2	38493.9	37216.5	QTL 500
33762.8	27494.7	23585.7	23842.4	23285.8	QTL 250
					توزیع یکنواخت Uniform distribution
294532.7	253781.9	245100.2	236759.6	234573.1	QTL 1000
121345.8	114767.9	108744.2	102431.6	98124.2	QTL 500
85643.5	77146.7	73190.4	68754.9	66798.4	QTL 250

جدول ۴- اریبی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مختلف از تعداد QTL و درصد QTLهای دارای اثرات غالبیت

Table 4. Bias of genomic breeding values in different scenarios of number of QTL and percent of QTLs with dominance effect

A+100%D	A+50%D	A+25%D	A+10%D	A	
					توزیع نرمال Normal distribution
725.11	668.34	631.56	610.37	580.44	QTL 1000
360.34	333.45	312.45	294.32	276.27	QTL 500
179.36	167.22	159.64	155.64	139.20	QTL 250
					توزیع گاما Gamma distribution
652.43	623.72	571.28	524.68	478.35	QTL 1000
305.70	290.71	273.56	256.27	233.44	QTL 500
155.05	147.78	139.65	125.37	118.00	QTL 250
					توزیع یکنواخت Uniform distribution
654.06	622.33	611.72	563.54	537.67	QTL 1000
338.29	313.52	301.44	265.07	250.36	QTL 500
174.41	160.66	155.47	139.13	128.67	QTL 250

قابلیت اعتماد (Reliability)

در جدول ۵ قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مختلف نشان داده شده است. به‌طور مشابه با صحت پیش‌بینی، در همه سناریوها، با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت، قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی کم شد. برای مثال در توزیع نرمال و در سناریو QTL۱۰۰۰ با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر (سناریو A) به ۱۰۰ درصد (سناریو A+100%D) میزان قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی به میزان ۳۳ درصد کاهش یافت. در سناریو QTL۲۵۰ میزان کاهش در قابلیت اعتماد ۴۰ درصد بود. قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی دقت ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده (precision) و بنابراین پاسخ بالقوه به انتخاب را نشان می‌دهد (۱۴). هرچه قابلیت اعتماد ارزش های اصلاحی کمتر باشد، پاسخ به انتخاب قابل انتظار از دقت کمتری برخوردار خواهد بود و از این طریق کارایی طرح‌های انتخاب نیز کاهش خواهد یافت. با توجه به نتایج تحقیق اخیر می‌توان گفت که عدم تفکیک اثرات غالبیت از اثرات ژنتیکی افزایشی (استفاده از یک مدل صرفاً افزایشی در حضور اثرات غالبیت) منجر به کاهش قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی می‌شود و میزان کاهش با درصد QTLهای دارای اثر غالبیت رابطه مستقیم دارد. سان و همکاران (۲۲) گزارش کردند که وارد کردن اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل منجر به افزایش قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی می‌شود که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

جدول ۵- قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مختلف از تعداد QTL و درصد QTLهای دارای اثرات غالبیت
Table 5. Reliability of genomic breeding values in different scenarios of number of QTL and percent of QTLs with dominance effect

A+100%D	A+50%D	A+25%D	A+10%D	A	
					توزیع نرمال (Normal distribution)
0.34	0.39	0.45	0.48	0.51	QTL 1000
0.32	0.40	0.42	0.50	0.53	QTL 500
0.30	0.41	0.44	0.47	0.50	QTL 250
					توزیع گاما (Gamma distribution)
0.36	0.39	0.45	0.51	0.52	QTL 1000
0.40	0.44	0.46	0.49	0.55	QTL 500
0.38	0.40	0.47	0.52	0.52	QTL 250
					توزیع یکنواخت (Uniform distribution)
0.41	0.43	0.48	0.52	0.53	QTL 1000
0.37	0.46	0.45	0.49	0.51	QTL 500
0.38	0.38	0.41	0.53	0.54	QTL 250

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج این مطالعه نشان داد که در صورتیکه اثرات ژنتیکی غالبیت وجود داشته باشند اما در مدل منظور نشده و به‌صورت تفکیک نشده از اثرات افزایشی باقی بمانند، ارزیابی ژنومی مناسبی به عمل نخواهد آمد. در شرایط استفاده از یک مدل صرفاً افزایشی، با افزایش درصد QTLهای دارای اثر غالبیت از صفر به ۱۰۰ درصد، صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی کاهش یافت، میانگین مربعات خطای پیش‌بینی و اریبی ارزش‌های اصلاحی افزایش یافت و از قابلیت اعتماد آنها نیز کاسته شد. از آنجایی که ارزش‌های اصلاحی با صحت پایین، اریب و غیر قابل اعتماد موفقیت برنامه‌های انتخاب را تحت تأثیر قرار می‌دهند و هزینه‌های زیادی را بر سیستم تولیدی وارد می‌کنند، پیشنهاد می‌شود در هنگام ارزیابی ژنومی از یک مدل که توأماً حاوی اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت باشد در ارزیابی ژنومی صفات اقتصادی دام‌های اهلی استفاده شود، خصوصاً صفاتی که اطلاعات منتشر شده حاکی از تأثیر اثرات ژنتیکی غالبیت بر تنوع فنوتیپی آن‌ها می‌باشد.

منابع

1. Ahmadi, Z., F. Ghafouri-Kesbi and P. Zamani. 2021. Assessing the performance of a novel method for genomic selection: rrBLUP method6. Journal of Genetics, 100: 24.
2. Aliloo, H., J.E. Pryce, O. González-Recio, B.G. Cocks and B.J. Hayes. 2016. Accounting for dominance to improve genomic evaluations of dairy cows for fertility and milk production traits. Genetic Selection Evolution, 48:8.
3. Baneh, H., A. Nejati Javaremi and G.H. Rahimi. 2017. Genomic evaluation of threshold traits with different genetic architecture using bayesian approaches. Research on Animal Production, 8:149-154.
4. De los Campos, G. and P. Perez Rodriguez. 2020. BGLR: Bayesian generalized linear regression. https://cran.r-project.org/web/packages/BGLR/BGLR.pdf
5. Doublet, A.C., P. Croiseau, S. Fritz, A. Michenet, C. Hozé, C. Danchin-Burge, D. Laloë and G. Restoux. 2019. The impact of genomic selection on genetic diversity and genetic gain in three French dairy cattle breeds. Genetics Selection Evolution, 51: 52.
6. Ebrahimi, K., G.R. Dashab, H. Faraji-Arough and M. Rokouei. 2018. Estimation of additive and non-additive genetic variances of body weight in crossbreed populations of the Japanese quail. Poultry Science, 1: 46-55.
7. Fernando, R.L. and M. Grossman.1989. Marker-assisted selection using best linear unbiased prediction. Genetics Selection Evolution, 2: 246-477.
8. Ghafouri-Kesbi, F. 2014. Application of machine learning methods in genomic evaluation and studying the effect of genotype imputation on prediction accuracy of genomic breeding values. Ph.D. thesis. Sari University of Agriculture and Natural resources, Sari, Iran.
9. Ghasemi-Siab, M., S. Varkoohi and M.H. Banabazi. 2021. Single nucleotide polymorphism (SNP) discovery on transcriptomes of American Holstein and Pakistanian Cholistani Cows. Iranian Journal of Animal Science Research, 13: 313-319.
10. Goddard, M. 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. Genetica, 136: 245-257.
11. Hayes B.J., P.M. Visscher and M.E. Goddard. 2009. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix. Genetics Research, 91: 47-60.
12. Jasouri, M., P. Zamani and S. Alijani. 2017. Dominance genetic and maternal effects for genetic evaluation of egg production traits in dualpurpose chicken. British Poultry Science, 58: 498-505.
13. Legarra, A. and A. Reverter. 2018. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. Genetic Selection Evolution, 50: 53.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

14. Macedo, F.L., O.F. Christensen, J.M. Astruc, I. Aguilar, Y. Masuda and A. Legarra. 2020. Bias and accuracy of dairy sheep evaluations using BLUP and SSGBLUP with metafounders and unknown parent groups. Genetic Selection Evolution. 52: 1-10.
15. Meuwissen, T.H.E., B.J. Hayes and M.E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics, 157: 1819-1829.
16. Mohammadi, Y. 2019. Accuracy of genomic selection using models with additive effects for productive traits in Iranian Holstein cows. The second international conference and the third national conference on agriculture, environment and food security. Jiroft University, Jiroft, Iran.
17. Mohammadi, Y. and M. Sattaei Mokhtari. 2018. Genomic selection accuracy parametric and nonparametric statistical methods with additive and dominance genetic architectures. Research on Animal Production, 8: 161-167 (In Persian).
18. Morais, Jr, O., J. Duarte, F. Breseghello, A. Coelho, T. Borba, J. Aguiar and O. Morais. 2017. Relevance of additive and nonadditive genetic relatedness for genomic prediction in rice population under recurrent selection breeding. Genetics and Molecular Research, 16: gmr16039849.
19. Neves, H.H.R., R. Carvalheiro and S.A. Queiroz. 2012. A comparison of statistical methods for genomic selection in a mice population. BMC Genetics, 13: 100.
20. Sadeghi, S.A.T., M. Rokoue., M. Vafaye Valleh, M.A. Abbasi and H. Faraji-Arough. 2019. Estimation of additive and non-additive genetic variance component for growth traits in Adani goats. Tropical Animal Health and Production, 52: 733-742.
21. Spelman, R. and D. Garrick. 1997. Utilization of marker assisted selection in a commercial dairy cow population. Livestock Production Science, 47: 139-147.
22. Sun, C., X.L. Wu, K.A. Weigel, G.J.M. Rosa, S. Bauck, B.W. Woodward, R.D. Schinabel and J.F. Taylor. 2012. An ensemble-based approach to imputation of moderate-density genotypes for genomic selection with application to Angus cattle. Genetic Research, 94: 133-150.
23. Technow, F. 2013. hypred: simulation of genomic data in applied genetics. Available at: http://cran.r-project.org/web/packages/hypred/index.html.
24. Vanaei, F., F. Ghafouri-Kesbi, A. Ahmadi and P. Zamani. 2022. Imputation of Missing Genotypes with Intelegent K-Nearest Neighbore Algorithm. Research on Animal Production, 35: 130-138.
25. VanRaden, P.M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. Journal of Dairy Science, 91: 4414–4423.
26. Varona, L., A. Legarra, M.A. Toro and Z.G. Vitezica. 2018. Non-additive effects in genomic selection. Frontiers in Genetics, 9: 78.
27. Wang, C.L., X.D. Ding, J.Y. Wang, J.F. Liu, W.X. Fu, Z. Zhang, J. Yin and Q. Zhang. 2013. Bayesian methods for estimating GEBVs of threshold traits. Heredity, 110: 213-219.
28. Yadav, S., X. Wei, P. Joyce, F. Atkin, E. Deomano, Y. Sun, L.T. Nguyen, E.M. Rosa, Cavallaro, T. K.S. Aitken, B.J. Hayes and K.P. Vos-Fels. 2021. Improved genomic prediction 1100 of clonal performance in sugarcane by exploiting non-additive genetic effects. Theoretical and Applied Genetics, 134: 2235-2252.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]

Investigating the Impact of Dominance Genetic Effects on the Accuracy of Genomic Evaluation

Moslem Karimi[1], Farhad Ghafouri-Kesbi[2] and Pouya Zamani[3]

1- Former M.Sc. Student of animal and Poultry Breeding and Genetics, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran
2- Faculty Member, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran, (Corresponding author: f.ghafouri@basu.ac.ir)
3- Faculty Member, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan
Received: 6 December, 2022 Accepted: 25 January, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: The review of published articles in the field of genomic selection shows that in the most of studies conducted in livestock and crop species, genomic evaluation and prediction of genomic breeding values have been done without considering the dominance genetic effects. However, recent studies have shown that the dominance genetic effects contribute significantly to the phenotypic variation of productive traits of domestic animals. Therefore, it seems that ignoring the dominance genetic effects will affect the accuracy of the genomic evaluation. In this article, the consequences of not considering the dominance genetic effects in the genomic evaluation model on accuracy, mean square error, bias and reliability of genomic breeding values were investigated.

Material and Methods: A genome consisting of 5 chromosomes, each 1 Morgan length, containing 5000 bi-allelic single nucleotide polymorphism (SNP) was simulated at heritability level of 0.5. All quantitative trait loci (QTLs) were assigned additive genetic effects. Different distributions of QTL effects (uniform, normal and gamma) as well as three scenarios of the number of QTL as 5, 10 and 20% of the total number of SNPs (respectively 250, 500 and 1000 QTLs) were considered as simulation hypotheses. In different scenarios, dominance genetic effects were given to 0.00, 10, 25, 50 and 100% of QTLs. The genomic breeding values were estimated using the genomic best linear unbiased prediction method (GBLUP) and the criteria of LR method such as prediction accuracy, mean square error of prediction, bias and reliability of the genomic breeding values were used to analysis genomic breeding values predicted by GBLUP.

Results: The results showed that if the dominance genetic effects contribute to the phenotypic variation of the interested trait, but ignored from the genomic evaluation model and remain unseparated from the additive genetic effects, lead to a decrease in the accuracy of the genomic breeding values by about 25%. Also, the mean square error of prediction of genomic breeding values increased by 60% following increase in the percentage of QTLs with dominance effect from 0.00 to 100%. The bias of genomic breeding values was also affected by ignoring dominance effects and increased by 36% following increase in the percentage of QTLs with dominance effect from 0.00 to 100%. Also, the reliability of genomic breeding values was significantly reduced by about 40% with the increase in the percentage of QTLs with dominance effect from 0.00 to 100%.

Conclusion: In general, the results of this research showed that not separating the dominance genetic effects from additive genetic effects leads to low-accuracy, biased, and unreliable estimates of genomic breeding values, which will ultimately reduce the efficiency of genomic selection schemes. Therefore, it was suggested that in order to increase the efficiency of genomic selection, dominance genetic effects should be included in the genomic evaluation model.

Keywords: Dominance genetic effects, GBLUP, Genomic evaluation, Polymorphism, Single nucleotide

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-07-06]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.39.16.7]
[DOI: 10.61186/rap.14.39.145]