دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

کارایی انتخاب ژنومی در برنامه‌های اصلاح نژاد مرغان بومی

سارا ابراهیم پورطاهر[۱]، صادق علیجانی[۲]، سید عباس رأفت[۳] و احمدرضا شریفی[۴]

۱- دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز (نویسنده مسوول: sa.pourtaher@gmail.com)
۲ و ۳- دانشیار و استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز
۴- استاد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گوتینگن آلمان

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۲/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۰/۲۰

چکیده

توسعه انتخاب ژنومی استراتژی‌های جدیدی را در اصلاح نژاد حیوانات ایجاد کرده است. هدف از این مطالعه بررسی کارایی انتخاب ژنومی در برنامه‌های اصلاح نژادی مرغان بومی بود. در این مطالعه یک سناریوی مرجع با تعداد ۳۳۸۰ پرنده با استفاده از اطلاعات فنوتیپی و شجره‌ای شبیه‌سازی شد و پیشرفت ژنتیکی با روش قطعی توسط نرم‌افزار ZPLAN+ ارزیابی گردید. این سناریو با دو برنامه اصلاحی ژنومی به‌منظور تعیین بهترین استراتژی برای کاربرد اطلاعات ژنومی در مرغان بومی مقایسه شد. در سناریوی ژنومی اول از اطلاعات ژنومی هر دو جنس و در سناریوی ژنومی دوم تنها از اطلاعات ژنومی خروس‌ها استفاده شد. در هر دو سناریو ژنومی تعداد کاندیداهای انتخابی نر بین ۸۰۰ تا ۱۶۰۰ خروس متغیر بود و چهار اندازه از جمعیت مرجع (۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰ و یا ۲۰۰۰ پرنده) در نظر قرار گرفت. فاصله بین‌نسلی در سناریوی مرجع برابر با ۱۴/۵ ماه بود. در هر دو سناریوی ژنومی، انتخاب در زودترین زمان ممکن از لحاظ بیولوژیکی انجام شد. به‌همین دلیل فاصله بین‌نسلی به ۸ ماه کاهش یافت. در سناریوهای ژنومی رشد ژنتیکی و سود اقتصادی برنامه اصلاحی افزایش یافت (۹۴۳۴۸۸۰ ریال تا ۱۰۹۳۱۳۱۰ ریال سود به‌ازای هر واحد حیوانی در سناریوی دو). دقت شاخص انتخاب در سناریوی مرجع برای مسیر خروس‌ها ۰/۶۱ و برای مسیر مرغ‌ها ۰/۶۳ بود. دقت در سناریوهای ژنومی در مقایسه با سناریوی مرجع افزایش داشت (۰/۶۷ تا ۰/۷۶). این مطالعه نشان داد افزایش دقت و کاهش فاصله بین‌نسلی در سناریوهای ژنومی تأثیر مثبت بر سود و رشد ژنتیکی داشت. بنابراین کاربرد اطلاعات ژنومی کارایی برنامه‌های اصلاحی را در مرغان بومی افزایش داد. با تکیه بر نتایج بدست آمده از این مطالعه، می‌توان انتخاب ژنومی را در برنامه‌های اصلاحی ژنومی مرغان بومی کشور به کار برد. برای کاهش هزینه‌ها نیز پیشنهاد می‌شود کاربرد تراشه‌های SNP با تراکم پایین بررسی شود.

واژه‌های کلیدی: انتخاب ژنومی، مرغان بومی، رشد ژنتیکی، شبیه‌سازی، ZPLAN+

مقدمه

انتخاب طیور در برنامه‌های اصلاحی مرسوم با استفاده از اطلاعات فنوتیپی و شجره‌ای بود. مشکلاتی از جمله جمع آوری رکوردهای فنوتیپی، پایین بودن دقت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات، بالا بودن فاصله بین‌نسلی و نرخ رشد ژنتیکی پایین متخصصان اصلاح نژادی را به‌طرف تکنیک‌های اصلاحی نوین از جمله انتخاب ژنومی سوق می‌دهد (۲۵). انتخاب ژنومی برای اولین بار توسط نجاتی و همکاران (۲۰) با بیان این گفته که استفاده از اطلاعات مولکولی در تشکیل ماتریس روابط اللی منجربه بالا رفتن ارزش‌های اصلاحی می‌شود آغاز شد (۲) سپس به‌طور رسمی توسط موویزین و همکاران (۱۳) پیشنهاد شد. پرورش ماکیان در ایران و انتشار آن از طریق این کشور تاریخچه‌ای بسیار کهن دارد. ایران (پرشیا) یک امپراطوری بزرگ از ۵ قرن قبل از میلاد تا تقریبا قرن ۷ میلادی بود و از هند (دهلی) تا دریاهای سیاه و مدیترانه گسترده بود. در آن زمان و بعد از آن، در قرون وسطی ایران در محل تقاطع راه‌ها برای حمل و نقل محصولات، از قبیل ماکیان از شرق به غرب، هم از طریق خشکی و هم از طریق دریا قرار داشت. جنگ‌های زیادی در حوالی ایران و کشورهای همسایه در طی این دوره‌ها نیز توسعه و گسترش جمعیت‌های ماکیان را تسهیل کرد. حفاری‌های باستان شناسی حضور ماکیان را در ایران در زمان‌های باستان تأیید کرده است (۱۷). بر اساس تحقیقات West و Zhou استخوان‌های یافت شده در ایران در سه منطقه وجود داشته‌اند: دو کشف در تپه یحیی (جنوب شرقی ایران) به ترتیب متعلق به ۳۸۰۰ تا ۳۹۰۰ سال قبل از میلاد و ۱۰۰۰ سال قبل از میلاد و دیگری در تخت سلیمان (شمال غربی ایران) متعلق به ۱۰۰۰ سال قبل از میلاد (۱۶). از طرفی مرغان بومی حدود ۸۰ درصد گله‌های ملی موجود در قاره‌های افریقا و آسیا را به‌خود اختصاص می‌دهند (۷). مرغان بومی می‌توانند زمینه ساز بهبود ژنتیکی و ایجاد نژادهای متنوع سازگار با شرایط محلی باشند (۹). اما متأسفانه حدود ۵۰ درصد نژادهای مرغ بومی در معرض خطر می‌باشند (۷). نژادهای بومی هر کشور سرمایه ملی و ذخایر ژنی هر کشور محسوب می‌شوند (۱). این نژادها از لحاظ حفظ تنوع ژنتیکی، سازگاری بالا به شرایط محیطی نامساعد، قدرت تحمل بالا در برابر بیماری‌ها و ماندگاری بالا نسبت به نژادهای خارجی دارای اهمیت بالا از نظر اصلاح نژادی برای هر کشوری می‌باشند. نژادهای بومی نقش مهمی را در زندگی بخش قابل توجهی از جمعیت‌های بشری در نواحی گرمسیر از نظر اقتصادی-اجتماعی بازی می‌کنند (۲۴). بنابراین، تلاش برای بهبود ژنتیکی و شرایط مدیریتی جهت بهبود تولیدات آنها از اهمیت خاصی برخوردار است (۱۶). از طرفی استفاده از نشانگرهای ژنتیکی در انتخاب و اصلاح نژاد به‌طور مهیجی پیشرفت ژنتیکی را تسریع می‌کند (۱۹) و مطالعه ساختار ژنتیکی نژادهای بومی برای حفاظت از منابع ژنتیکی لازم و ضروری است (۱۰). با توجه به این امر و با توجه به اینکه اگر چه مطالعات ژنومی متعددی روی طیور در ایران انجام شده

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

است (۲۶،۲۴،۲۲،۱۵،۱۴)، اما تا کنون کارایی انتخاب ژنومی در برنامه‌های اصلاحی مرغان بومی مورد بررسی قرار نگرفته است، هدف از این مطالعه بررسی کارایی برنامه‌های اصلاحی مرسوم و ژنومی در مرغان بومی بود. همچنین این برنامه‌ها برای یافتن بهترین استراتژی از لحاظ سود اقتصادی و رشد ژنتیکی با یکدیگر مقایسه شدند. با توجه به هزینه‌های بالای انتخاب ژنومی منطقی به‌نظر می‌رسد که در ابتدا سناریوهای متفاوت از طریق شبیه‌سازی کامپیوتری مورد مطالعه قرار گیرند. برای این منظور از شبیه‌سازی کامپیوتری با نرم‌افزار ZPLAN+ استفاده شد (۲۳).

مواد و روش‌ها

در این مطالعه با استفاده از پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی مربوط به مرغان بومی استان اصفهان یک برنامه اصلاحی با روش انتخاب مرسوم (سناریوی مرجع) و دو برنامه اصلاحی با روش انتخاب ژنومی شبیه‌سازی شد. تعداد حیوانات شبیه‌سازی شده در سناریوی مرجع شامل ۳۳۸۰ پرنده بود.

صفات هدف اصلاحی در این مطالعه شامل، متوسط تعداد تخم‌مرغ تولید شده توسط هر مرغ طی ۱۲ هفته اول تولید (EN)، وزن بدن در ۱۲ هفتگی (BW_{12})، سن بلوغ جنسی (ASM)، متوسط وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ (AEW) بودند.

سناریوی مرجع

در این مطالعه یک سناریوی مرجع با تعداد ۳۳۸۰ پرنده برای یک دوره اصلاحی ۲۰ ساله مدل‌سازی شد. پارامترهای مورد استفاده در این مطالعه بر پایه اطلاعات مرغان بومی استان اصفهان بود. تعداد پرنده در هر نسل مشابه بوده و برابر با ۸۰ خروس و ۸۰۰ مرغ بود. در یک انتخاب اولیه، ۲۵۰۰ جوجه ماده از ۴۰۰۰ جوجه پرورشی و ۸۰۰ جوجه خروس از ۴۰۰۰ جوجه خروس پرورشی بر پایه اطلاعات والدینی و وزن بدن در ۱۲ هفتگی انتخاب شدند. سپس این حیوانات تا ۵ ماهگی پروش داده شدند. با آمیزش این حیوانات به نسبت ۱۰ به ۱ و جمع‌آوری رکوردهای فنوتیپی صفات این حیوانات، در دومین مرحله از انتخاب از ۴۰۰۰ مرغ تولیدی براساس یک شاخص ترکیبی از اطلاعات والدینی، شخصی و اطلاعات خواهر- برادران تنی و ناتنی، ۸۰۰ مرغ انتخاب شد. در انتخاب خروس‌ها نیز ۸۰ خروس از بین ۸۰۰ خروس بر پایه اطلاعات والدینی، خواهر- برادر تنی و ناتنی انتخاب شدند. همه مرغان اعم از انتخاب شده و انتخاب نشده در طول کل دوره تولید (۵۷ هفتگی) برای داشتن عملکرد تولیدی برای نسل بعد نگهداری شدند. جدول ۱ انحراف معیار فنوتیپی و ضرایب اقتصادی صفات مورد مطالعه را نشان می‌دهد و جدول ۲ همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی و وراثت‌پذیری را نشان می‌دهد. ضرایب اقتصادی براساس معادله ارایه شده در مطالعه کیانی منش و همکاران (۱۰) با قرار دادن پارامترهای به روز بدست آمد. ضرایب اقتصادی برای استفاده در نرم‌افزار ZPLAN+ بر اساس انحراف معیار فنوتیپی و واحد پول یورو بیان شد. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی از مطالعه قاضی خوانی و همکاران (۵) استخراج شد.

جدول ۱- انحراف معیار فنوتیپی و ضرایب اقتصادی صفات مورد استفاده در شبیه‌سازی برنامه‌های اصلاحی

Table 1. Phenotypic standard deviation and economic weigh of traits in simulation of breeding program

صفات	انحراف معیار فنوتیپی	ضرایب اقتصادی
تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید (.No)	۱۶/۰۱	۰/۹۱
وزن بدن در ۱۲هفتگی (gr)	۲۱۵/۱۳	۰/۲۶
متوسط وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ (gr)	۳/۴۶	۰/۰۳
سن بلوغ جنسی (day)	۲۱/۰۷	-۰/۳۴

در این مطالعه، هزینه‌های متغیر برای پرورش یک خروس یا مرغ طی یک دوره ۲۰ هفته‌ای ۴۴۰۰۰۰ ریال در نظر گرفته شد، هزینه تغذیه در زمان تولید با مصرف روزانه ۰/۱۱ کیلوگرم دان (۱۳۰۰۰ ریال قیمت هر کیلوگرم دان) ۲۰۰۰۰۰ ریال فرض شد. هزینه‌های مربوط به درمان (۲۰۰۰۰۰ ریال) و هزینه مربوط به آزمون عملکرد (۲۰۰۰۰۰ ریال) به‌ازای هر پرنده در نظر گرفته شد. این هزینه‌ها به‌طور تقریبی از ایستگاه اصلاح نژادی مرغ بومی گرفته شد. از آنجایی که تعیین کمیت هزینه‌های ثابت که در ارتباط با ساختارهای اصلاحی است، مشکل می‌باشد هزینه‌های ثابت در سناریوی مرجع در نظر گرفته نشد. اگر سناریوهای ما از نظر اندازه جمعیت یکسان باشند این کار تأثیری در مقایسه برنامه‌های اصلاحی نخواهد داشت. اما با توجه به اینکه این هزینه‌ها پرداخت شده‌اند در آخر کار باید از سود حاصل کسر شوند. در این شبیه‌سازی نرخ بهره برای هزینه‌های تنزیل یافته ۴٪ و برای درآمد تنزیل یافته ۵٪ فرض شد. به‌منظور ارزیابی و مقایسه سناریوهای مختلف اصلاحی، نتایج گزارش شده شامل رشد ژنتیکی برای هر صفت، رشد ژنتیکی پولی کل به ازای هر واحد حیوانی، فاصله بین‌نسلی، پارامترهای اقتصادی تنزیل یافته شامل درآمدها، هزینه‌ها و سود بودند. برای مقایسه بهتر، ارزش‌های بدست آمده از سناریوی مرجع به ۱۰۰ درصد تنظیم گشت و نتایج بدست آمده از سناریوهای ژنومی نسبت به ارزش‌های سناریوی مرجع بیان شد.

برنامه‌های اصلاحی ژنومی

در نرم‌افزار ZPLAN+ برای هر صفت در سناریوی مرجع یک صفت همتای ژنومی با داشتن ارزش اصلاحی ژنومی برآورد شده (GEBV) برای آن صفت بر پایه اندازه جمعیت مرجع تعریف می‌گردد. نحوه وارد کردن اطلاعات ژنومی در شاخص انتخاب توسط دکرز (۳) گسترش یافت که بعدها توسط هابرلند (۸) اصلاح شد. این روش به همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی حقیقی و ژنومیک ($r_{QQ^{\wedge}}$) نیاز دارد. این همبستگی بر پایه روش بدست آمده توسط اربه و همکاران (۴) طبق رابطه زیر بدست آمد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

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

در این معادله w: فاکتور تنظیم بوده که دقتی از GEBV بوده که به‌طور فرضی با استفاده از تراشه اسنیپی متراکم با جمعیت مرجع با اندازه بی‌نهایت بدست آمده است. در این مطالعه w برای تراشه اسنیپی ۵۰k به‌طور تقریبی ۰/۹ در نظر گرفته شد (۱۵)، N: اندازه جمعیت مرجع، r_{TI}^2: قابلیت اعتماد GEBV حیوانات موجود در جمعیت مرجع و M_e: تعداد قطعات کروموزومی تفرق یافته به‌طور مستقل که از معادله زیر که برگرفته از مطالعه گودارد (۶) است، بدست آمد.

$$Me = (2Ne\,L)/\ln(4Ne\,L)$$

N_e: اندازه جمعیت مرجع بوده که در این مطالعه ۸۰ نر در نظر گرفته شد، L: طول ژنوم بر حسب مورگان که ۳۲ فرض شد (۱۵) که با توجه به این مقدار، M_e برابر ۵۵۴ بدست آمد. در این مطالعه دو برنامه اصلاح نژادی بر پایه اطلاعات ژنومی (سناریوی ژنومیI و II) شبیه‌سازی شد.

سناریوی ژنومی I

در این سناریو اطلاعات ژنومی از هر دو جنس به اطلاعات فنوتیپی موجود در سناریوی مرجع اضافه شد. کاندیدهای انتخابی در سن ۸ ماهگی برای اصلاح نژاد استفاده شدند. با توجه به اینکه در ۸ ماهگی اطلاعات فنوتیپی خود حیوان موجود نمی‌باشد تنها از اطلاعات والدینی و اطلاعات ژنومی برای انتخاب حیوانات استفاده شد. تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده ۸۰۰ تا ۱۶۰۰ حیوان بود و تعداد مرغ‌های تعیین ژنوتیپ شده شامل ۲۵۰۰ مرغ انتخاب شده در مرحله دوم انتخاب بود.

سناریوی ژنومی II

این سناریو مشابه سناریوی I بوده فقط در این سناریو تنها اطلاعات ژنومی ۸۰۰ تا ۱۶۰۰ خروس استفاده شد. در هر دو سناریو ژنومی هزینه‌های متغیر برای تعیین ژنوتیپ یک پرنده ۶۰ میلیون ریال معادل ۱۵۰ یورو فرض شد. کل هزینه مربوط به برآورد GEBV از طریق ضرب تعداد حیوانات موجود در جمعیت مرجع در ۶۰ میلیون ریال حاصل می‌گردد. سایر هزینه‌ها مشابه سناریوی مرجع می‌باشد.

جدول ۲- پارامترهای مورد نیاز برای شبیه‌سازی صفات: وراثت‌پذیری (قطر جدول)، همبستگی‌های فنوتیپی (پایین قطر) و همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر)

Table 2. Parameters for simulation of traits: heritability (diagonal), phenotypic correlation (below diagonal) and genetic correlation (above diagonal)

صفات	تعداد تخم مرغ (عدد)	وزن بدن در ۱۲ هفتگی (گرم)	متوسط وزن تخم‌مرغ (گرم)	سن بلوغ جنسی (روز)
تعداد تخم مرغ[1] (No.)	۰/۱۸	-۰/۲۲	-۰/۴۷	-۰/۶۷
وزن بدن در ۱۲ هفتگی (g)	۰/۰۳	۰/۲۲	۰/۲۹	-۰/۰۴
متوسط وزن تخم‌مرغ[2] (gr)	-۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۲۴	۰/۲۵
سن بلوغ جنسی (day)	-۰/۶۳	-۰/۰۳	۰/۱۶	۰/۲۷

۱- تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید ۲- متوسط وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲

نتایج و بحث

سناریوی مرجع

فاصله بین‌نسلی در این سناریو ۱۴/۵ ماه بود. دقت شاخص انتخاب در زمان انتخاب در مسیر مرغ‌ها برابر با ۰/۶۳ و در مسیر خروس‌ها برابر با ۰/۶۱ بود. رشد ژنتیکی سالانه برای هر صفت در سناریوی مرجع در جدول ۳ آمده است.

جدول ۳- رشد ژنتیکی سالیانه در سناریوی مرجع، بیان شده بر اساس واحد انحراف معیار ژنتیکی

Table 3. Genetic gain per year in the reference scenario, expressed in genetic standard deviation

صفات	رشد ژنتیکی
EN (No.)	۰/۰۷
BW_{12} (gr)	۳/۵
AEW (gr)	۰/۰۲
ASM (day)	-۰/۲۴

EN: متوسط تعداد تخم‌مرغ تولیدی توسط هر مرغ طی ۱۲ هفته اول تولید؛ BW_{12}: وزن بدن در ۱۲ هفتگی؛ AEW: متوسط وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و ASM: سن بلوغ جنسی می‌باشد.

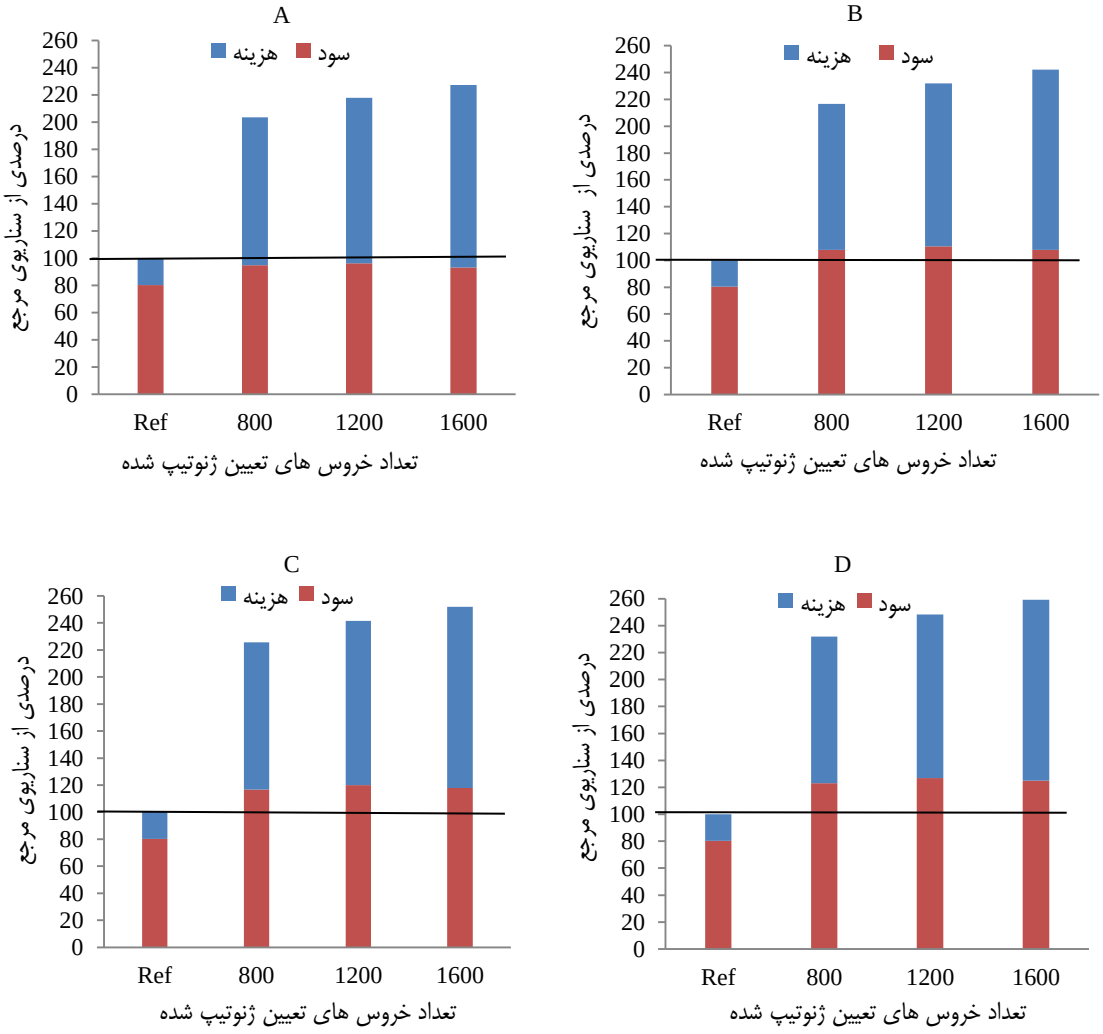
سناریوی ژنومی I

فاصله بین‌نسلی در این سناریو برابر ۸ ماه بود. هزینه آزمون عملکرد مرغ‌ها نیز در این سناریو کاهش نیافت. درآمد تنزیل یافته با افزایش تعداد حیوانات تعیین ژنوتیپ شده و با افزایش تعداد پرنده در جمعیت مرجع افزایش یافت. سود حاصل از این سناریو برای تمام تعداد حیوانات تعیین ژنوتیپ شده (۸۰۰ تا ۱۶۰۰ خروس) نسبت به سناریوی مرجع بالاتر بود اما همان‌طورکه در شکل ۱ مشاهده می‌شود بعد از ۱۲۰۰ درآمد تنزیل یافته به ازای هر واحد حیوانی برابر ۶۰۵۲۸۰۰ ریال بود. هزینه‌های متغیر به‌ازای هر واحد حیوانی برابر ۱۱۹۴۵۷۰ ریال بود و سود حاصل از این برنامه ۴۸۷۰۳۰۰ ریال بدست آمد که با تعداد ۲۵۰۰ پرنده در هر واحد حیوانی سود به ازای هر پرنده برابر ۱۹۴۸ ریال خواهد بود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

خروس تعیین ژنوتیپ شده سود یک روند کاهشی به‌خود گرفته است. سود حاصل از برنامه ژنومی I دارای رنجی بین ۵۶۵۲۲۷۰ ریال تا ۷۶۹۱۹۷۰ ریال بود (شکل ۱A تا ۱D). تغییرات رشد ژنتیکی مورد انتظار صفات مورد مطالعه برای مرغان بومی برای چهار جمعیت مرجع نسبت به سناریوی مرجع مقایسه شد (شکل ۲A تا ۲D). در هر چهار جمعیت مرجع، رشد ژنتیکی تمام صفات نسبت به سناریوی مرجع بالاتر بود. رشد ژنتیکی صفت ASM منفی می‌باشد که رشد ژنتیکی منفی برای این صفت مطلوب است زیرا هر چه سن بلوغ‌جنسی کاهش یابد تولید حیوان افزایش می‌یابد. همچنین با افزایش تعداد خروس‌های تعیین ژنوتیپ شده و افزایش تعداد حیوانات در جمعیت مرجع رشد ژنتیکی در همه صفات افزایش نشان داد.

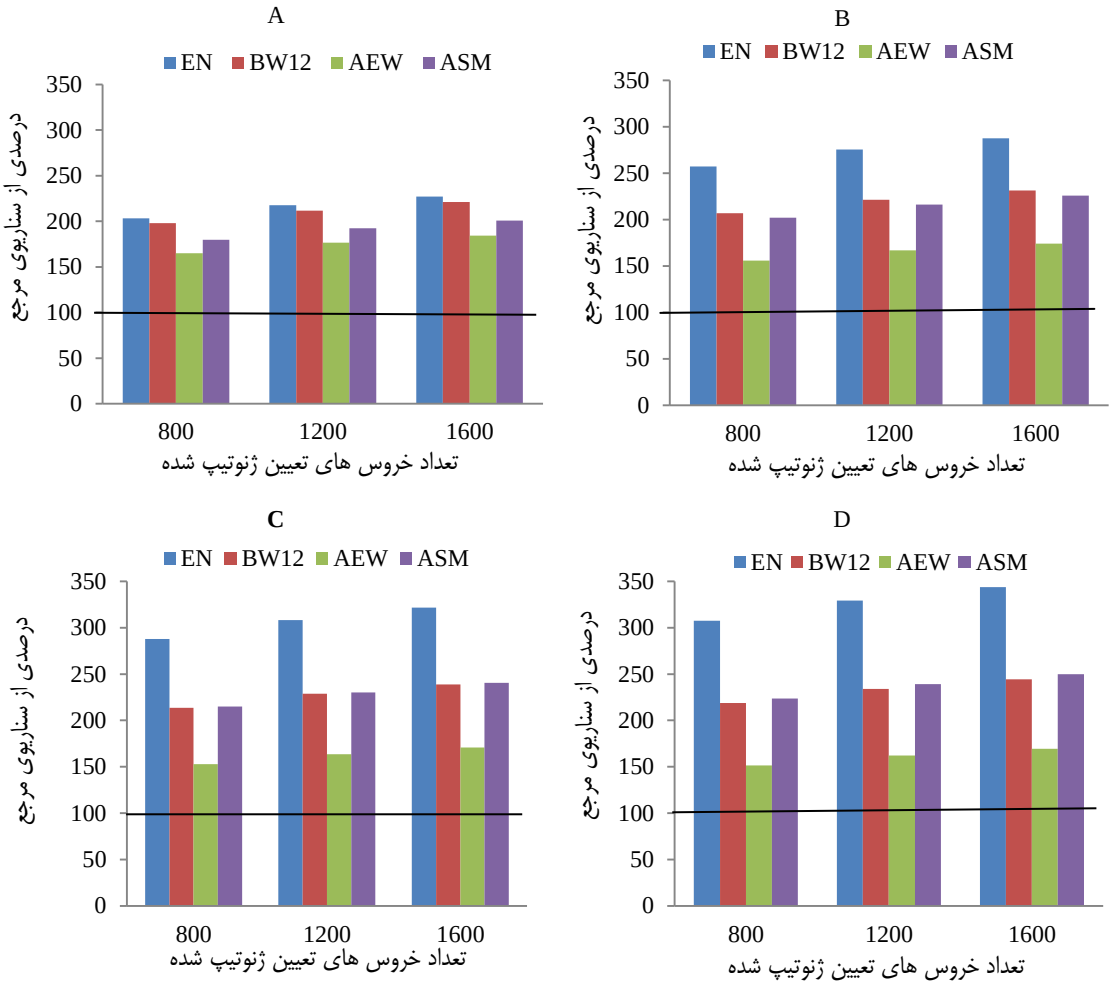


شکل ۱- سود و هزینه‌ها (مجموع= درآمد) برای سناریوی ژنومی I. نتایج با سناریوی مرجع مقایسه شده است (درآمد سناریوی مرجع به ۱۰۰ درصد تنظیم شده است). شکل‌های A، B، C و D به ترتیب نتایج جمعیت‌های مرجع با ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰و ۲۰۰۰ پرنده را نشان می‌دهند. Ref: سناریوی مرجع

Figure 1. Profit and costs (sum=return) for genomic scenario I, results compared to reference scenario (return of reference scenario set to 100%). Figures of A, B, C and D showed results of reference population with 500, 1000, 1500 and 2000 birds. Ref: reference scenario

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]



شکل ۲- رشد ژنتیکی صفات در مرغان بومی در سناریوی I با سناریوی مرجع (نتایج سناریوی مرجع به ۱۰۰ درصد تنظیم شده است) مقایسه شده است. شکل‌های A، B، C و D به ترتیب نتایج جمعیت‌های مرجع با ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰و ۲۰۰۰ پرنده را نشان می‌دهند. EN: متوسط تعداد تخم‌مرغ تولیدی توسط هر مرغ در ۱۲ هفته اول تولید؛ BW_{12}: وزن بدن در ۱۲ هفتگی؛ AEW: متوسط وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و ASM: سن بلوغ جنسی می‌باشد.

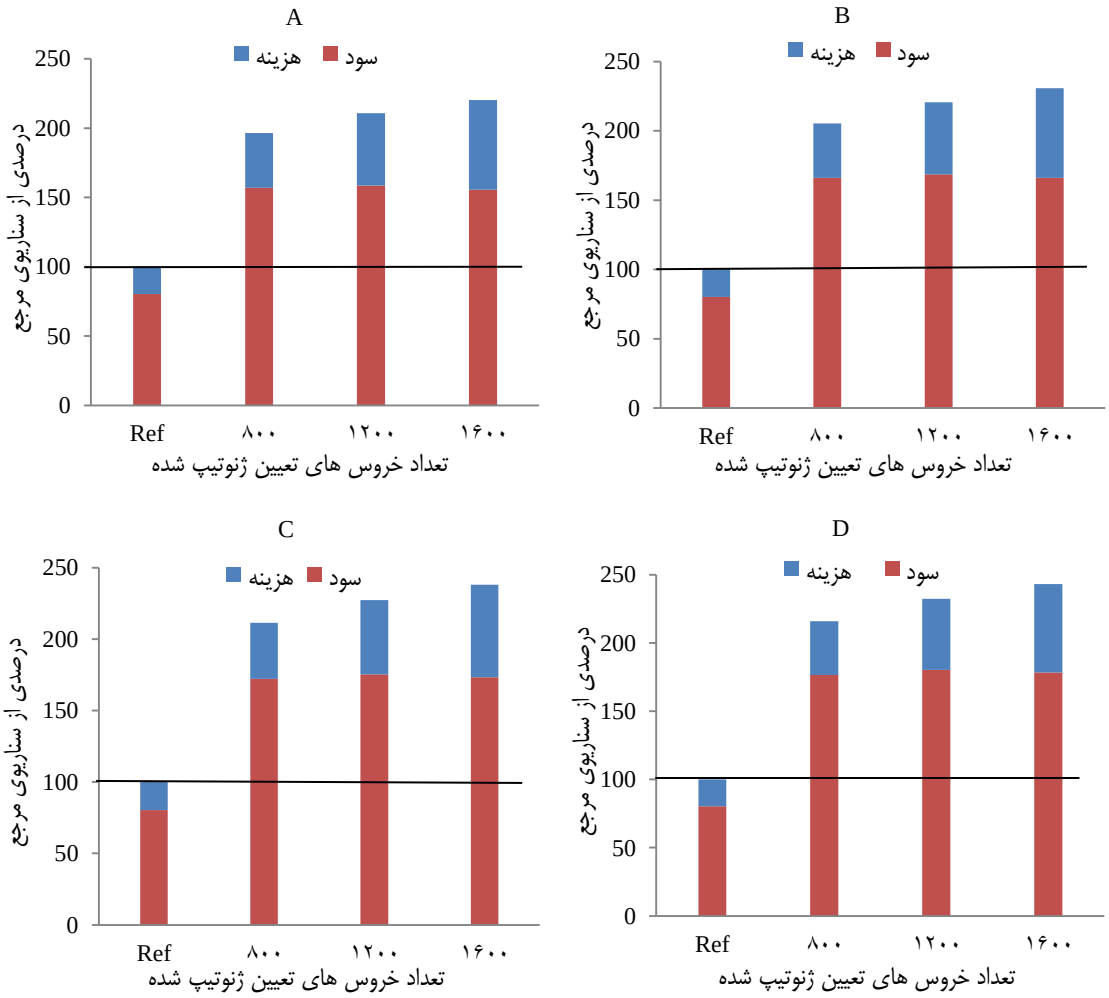
Figure 2. Genetic gain in native hens in the genomic scenario I compared to reference scenario (results of reference scenario set to 100%). Figures of A, B, C and D showed results of reference population with 500, 1000, 1500 and 2000 birds. EN: egg number at the first 12 weeks; BW_{12}: Body weight in 12 weeks of age; AEW: average egg weight in 28, 30 and 32 weeks and ASM: mean age at sexual maturity

سناریوی ژنومی II

در این سناریو نیز مانند سناریوی ژنومی I فاصله بین‌نسلی از ۱۴/۵ ماه به ۸ ماه کاهش یافت. در این سناریو فرض شد که انتخاب بعد از آزمون عملکرد مرغ‌ها ادامه یافته است و هزینه‌های آزمون عملکرد کاهش نیافت. درآمد تنزیل شده برای این سناریو با چهار جمعیت مرجع و تعداد متغیر پرنده تعیین ژنوتیپ شده دارای رنجی بین ۱۲۴۵۷۳۸۰ ریال تا ۱۴۷۴۷۰۷۰ ریال به ازای هر واحد حیوانی بود. هزینه‌ها و سود تنزیل یافته در مقایسه با سناریوی مرجع در شکل ۳ نشان داده شده است. سود حاصل برای همه پرنده‌های تعیین ژنوتیپ شده بالاتر از سناریوی مرجع بود (۹۴۳۴۸۸۰ ریال تا ۱۰۹۳۱۳۱۰ ریال به ازای هر واحد حیوانی). هزینه‌های متغیر به‌ازای هر واحد حیوانی در این سناریو با کمترین تعداد پرنده تعیین ژنوتیپ شده دو برابر هزینه‌های سناریوی مرجع (۲۳۸۳۲۹۰ ریال) بود و با بالاترین تعداد پرنده تعیین ژنوتیپ شده تقریبا سه برابر هزینه‌های متغیر در سناریوی مرجع بود (۳۹۲۴۱۸۰ ریال). رشد ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در مرغان بومی در شکل ۴ نشان داده شده است. رشد ژنتیکی در این سناریو نیز برای همه صفات بالاتر از سناریوی مرجع بود. البته افزایش رشد ژنتیکی برای صفت ASM منفی و در جهت مطلوب بود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

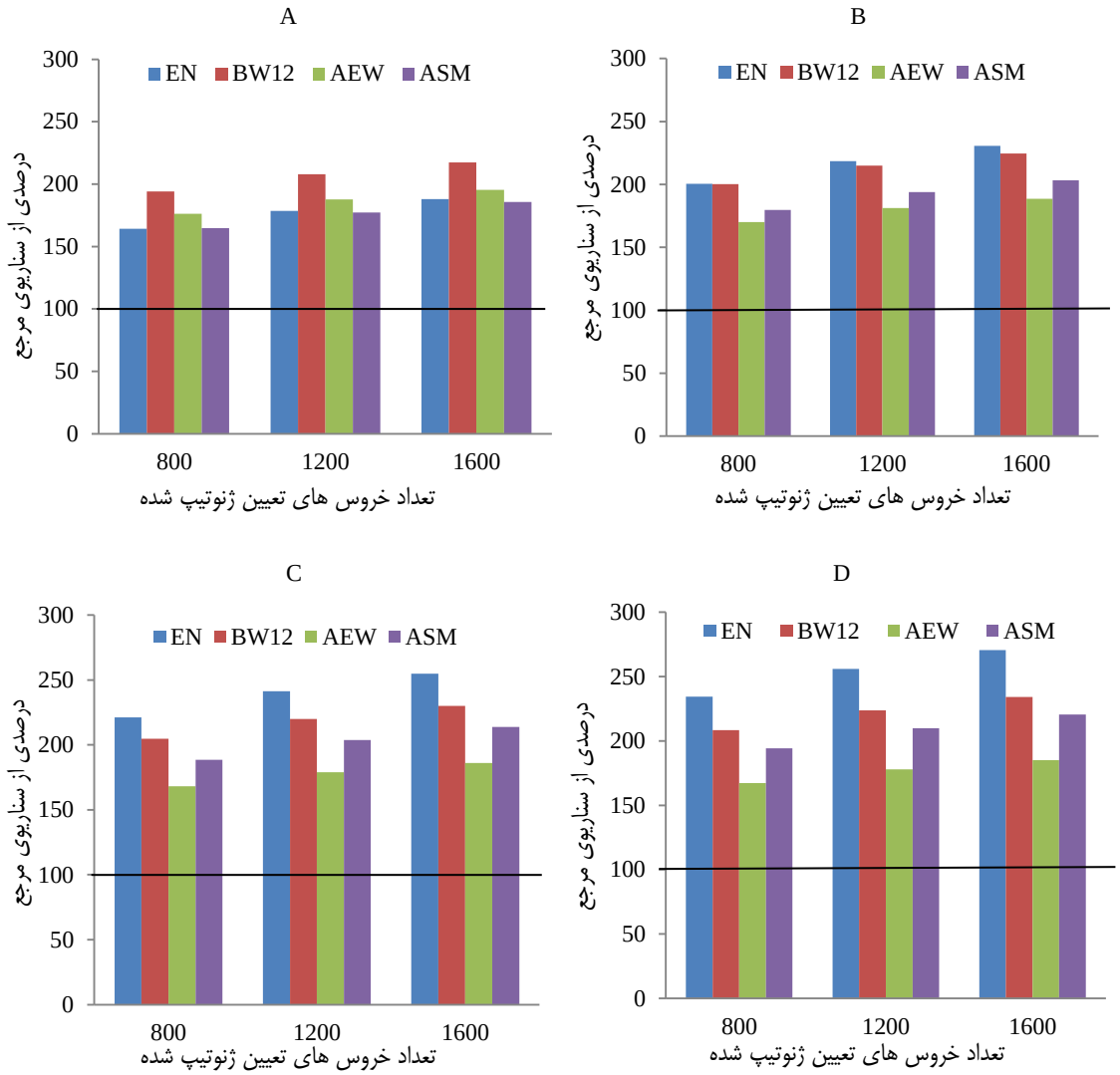


شکل ۳- سود و هزینه‌ها (مجموع= درآمد) برای سناریوی ژنومی II، نتایج با سناریوی مرجع مقایسه شده است (درآمد سناریوی مرجع به ۱۰۰ درصد تنظیم شده است). شکل های A، B، C و D به ترتیب نتایج جمعیت‌های مرجع با ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰ و ۲۰۰۰ پرنده را نشان می‌دهند. Ref: سناریوی مرجع

Figure 3. Profit and costs (sum=return) for genomic scenario II, results compared to reference scenario (return of reference scenario set to 100%). Figures of A, B, C and D showed results of reference population with 500, 1000, 1500 and 2000 birds. Ref: reference scenario

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]



شکل ۴- رشد ژنتیکی صفات در مرغان بومی در سناریوی II نسبت به سناریوی مرجع (به ۱۰۰ درصد تنظیم شده) مقایسه شده است. شکل های A، B، C و D به ترتیب نتایج جمعیت‌های مرجع ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰و ۲۰۰۰ را نشان می‌دهند. Ref: سناریوی مرجع.

Figure 4. Genetic gain in native hens in the genomic scenario II compared to reference scenario (results of reference scenario set to 100%). Figures of A, B, C and D showed results of reference population with 500, 1000, 1500 and 2000 birds. EN: egg number at the first 12 weeks; BW_{12}: Body weight in 12 weeks of age; AEW: average egg weight in 28, 30 and 32 weeks and ASM: mean age at sexual maturity

دقت برنامه‌های اصلاحی

دقتی از شاخص انتخاب در زمان انتخاب در دو سناریوی ژنومی در مقایسه با سناریوی مرجع در شکل ۵ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که دقت انتخاب در دو سناریوی ژنومی برابر بوده و نسبت به سناریوی مرجع بالاتر بود که این امر به دلیل استفاده از اطلاعات ژنومی می‌باشد.

نتایج نشان داد که در هر دو سناریوی ژنومی مطالعه شده، اطلاعات ژنومی تأثیر مثبتی بر رشد ژنتیکی پولی (monetary genetic gain) دارد. دقت اطلاعات ژنومی و اندازه جمعیت مرجع اثر زیادی بر سود حاصل از انتخاب ژنومی داشت. محاسبات عملی برای دیگر حیوانات مزرعه‌ای با ZPLAN و +ZPLAN روند مشابهی را نشان می‌دهد (۲۲،۱۲). در سناریوهای ژنومی افزایش رشد ژنتیکی با افزایش هزینه‌های متغیر بالاخص هزینه‌های مربوط به تعیین ژنوتیپ همراه بود. هزینه‌های بالای مربوط به تعیین ژنوتیپ حیوانات در جمعیت مرجع، برنامه‌های اصلاحی را با این چالش روبرو می‌کند که آیا سود حاصل پاسخگوی این هزینه‌ها خواهد بود. یکی از راحل‌هایی که می تواند قسمتی از این هزینه‌ها را جبران کند کسب درآمدهای بزرگتر است.

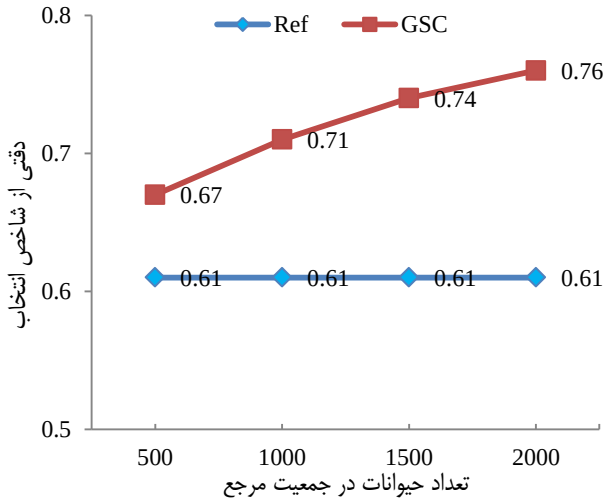
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

در سناریوی مرجع انتخاب خروس‌ها و مرغ‌ها بعد از آزمون عملکرد مرغ‌ها (در سن یک سالگی) انجام شد. این امر منجر به فاصله بین‌نسلی ۱۴/۵ شد. در سناریوی ژنومی I و II انتخاب پرنده‌ها تنها بر اساس اطلاعات ژنومی و اطلاعات والدینی (خواهر– برادر تنی و ناتنی پدری) صورت گرفت. این امر باعث کاهش فاصله بین‌نسلی به ۸ ماه شد.

این مطالعه پایه‌ای برای افزایش کارایی برنامه‌های اصلاحی ژنومی در مرغان بومی از دیدگاه اقتصادی فراهم ساخت. این مطالعه نشان داد که بدون انتظار برای اطلاعات عملکردی مرغان می‌توان روند ژنتیکی و رشد ژنتیکی پولی را افزایش داد. در نهایت با توجه به‌این مطالعه درست است که نمی‌توان هزینه‌های مربوط به انتخاب ژنومی را کاهش داد ولی اطلاعات ژنومی با افزایش دقت انتخاب و کاهش فاصله بین‌نسلی در سناریوی ژنومی I و II کارایی انتخاب و رشد ژنتیکی صفات مورد مطالعه را افزایش داد. همچنین این مطالعه تأثیر مثبت استفاده از اطلاعات ژنومی را در در برنامه‌های اصلاحی مرغان بومی نشان داد. با تکیه به نتایج بدست آمده از این مطالعه، می‌توان با یک برنامه اصلاحی ژنومی دقیق از پتانسیل ژنتیکی مرغان بومی کشور استفاده کرد. کاربرد این نتایج در برنامه‌های اصلاح نژادی ژنومی بدین صورت خواهد بود که دیگر نیازی به منتظر ماندن برای اتمام رکوردگیری حیوانات تا یک‌سالگی نخواهد بود و انتخاب بهترین حیوانات در کمترین زمان از لحاظ سن بیولوژیکی امکان‌پذیر خواهد بود. این امر کاهش هزینه‌های مربوط به نگهداری و رکوردگیری حیوانات را به دنبال خواهد داشت. با توجه به استفاده از اطلاعات ژنومی پیش‌بینی می‌شود که نرخ هم‌خونی نیز نسبت به برنامه اصلاحی مرسوم افزایش خیلی کمتری داشته باشد. که این امر باعث حفظ تنوع ژنتیکی در مرغان بومی خواهد شد. در ضمن رشد ژنتیکی بدست آمده در صفات به روش ژنومی بالاتر می‌باشد که این امر سود حاصل از برنامه‌های اصلاحی را افزایش می‌دهد.

با توجه به بالا بودن هزینه‌های مربوط به تعیین ژنوتیپ پرندگان پیشنهاد می‌شود تراشه‌های اسنیپی با تراکم پایین مورد بررسی و مطالعه قرار گیرند.



شکل ۵– دقت انتخاب سناریوهای ژنومی در مقایسه با سناریوی مرجع در چهار جمعیت مرجع، Ref: سناریوی مرجع; GSC: سناریوی‌های ژنومی

Figure 5. Selection accuracy of genomic scenario compaired to reference scenario in four reference population, Ref: reference population; GSC: genomic scenarios

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

منابع

1. Abbasi, M.A., H. Emamgholi Begl and S.H. Ghorbani. 2017. Estimation of (co)variance components of egg quality traits for Fars native fowls. Research on Animal Production, 8: 195-200.
2. Baneh, B., A. Nejati Javaremi, G.H. Rahimi-Mianji and M. Honarvar. 2017. Genomic evaluation of threshold traits with different genetic architecture using bayesian approaches. Research on Animal Production, 8: 149-154.
3. Dekkers, J.C.M. 2007. Prediction of response to marker- assisted and genomic selection using selection index theory. Journal of Animal Breeding and Genetics, 124: 331-341.
4. Erbe, M., F. Renhardt and H. Simianer. 2011. Empirical determination of the number of independent chromosome segments based on cross-validated data. In Book of Abstracts of the 62nd EAAP ConferenceGottingen, Germany, 115 pp.
5. Ghazikhani Shad, A., A. Nejati Javaremi and H. Mehrabani Yeganeh. 2007. Animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian native fowls. Pakistan Journal of Biological sciences, 10: 2787-2789.
6. Goddard, M. 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. Genetica, 136: 245-257.
7. Gorgani Firozjah, N., H. Atashi and A. Zare. 2015. Estimation of genetic parameters for economic traits in Mazandaran native chickens. Journal of Animal and Poultry Sciences, 4: 20-26.
8. Haberland, A., F. Ytournel and H. Simianer. 2011. Einbindung genomischer Informationen in den Selektionsindex. In Vortragstagung Der Gesellschaft Für Züchtungskunde e.V. (DGfZ) Und Der Gesellschaft Für Tierzuchtwissenschaften (GfT), Freising-Weihenstephan.
9. Hoffmann, I. 2005. Research and investment in poultry genetic resources-challenges and option for sustainable use. World's Poultry Science Journal, 61: 57-70.
10. Khodabakhshzadeh, R., M.R. Mohammadabadi, A.K. Esmailizadeh, A. Koshkoieh, H. Moradi-Shahrebabak, F. Bordbar and S. Ansari Namin. 2016. Identification of point mutations in exon 2 of GDF9 gene in Kermani sheep. Polish Journal of Veterinary Sciences, 19: 281-289.
11. Kiani manesh, H., A. Nejati Javaremi and G.H. Rahimi Mianji. 2001. Estimation of economic values for production traits of Iranian native fowls. Journal of Agriculture and Rural Omran, 3: 53-61.
12. König, S., H. Simianer and A. Willam. 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs. Journal of Dairy Science, 92: 382-391.
13. 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.
14. Moazeni, S., M.R. Mohammadabadi, M. Sadeghi, H. Shahrbabak, A. Koshkoieh and F. Bordbar. 2016a. Association between UCP Gene Polymorphisms and growth, breeding value of growth and Reproductive Traits in Mazandaran Indigenous Chicken. Open Journal of Animal Sciences, 6: 1-8.
15. Moazeni, S.M., M.R. Mohammadabadi, M. Sadeghi, H. Moradi Shahrbabak and A.K. Esmailizadeh. 2016. Association of the melanocortin-3(MC3R) receptor gene with growth and reproductive traits in Mazandaran indigenous chicken. Journal of Livestock Science and Technologies, 4: 51-56.
16. Mohammadabadi, M.R. and R. Sattayimokhtari. 2013. Estimation of (co) variance components of ewe productivity traits in Kermani sheep. Slovak. Journal of Animal Science, 46: 45-51.
17. Mohammadabadi, M.R., M. Nikbakhti, H.R. Mirzaee, A. Shandi, D.A. Saghi, M.N. Romanov and I.G. Moiseyeva. 2010. Genetic variability in three native Iranian chicken populations of the Khorasan province based on microsatellite markers. Russian journal of genetics, 45: 505-509.
18. Mohammadifar, A. and M.R. Mohammadifar. 2011. Application of microsatellite markers for a study of Kermani sheep genome. Iranian journal of Animal Science, 42: 337-344.
19. Mousavizadeh, A., M.R. Mohammadabadi, A. Torabi, M.R. Nassiry, H. Ghiasi and A.K. Esmailizadeh. 2009. Genetic polymorphism at the growth hormone locus in Iranian Talli goats by polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). Iranian Journal of Biotechnology, 7: 51-53.
20. Nejati Javaremi, A., C. Smith and J.P. Gibson. 1997. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. Journal of Animal Science, 75: 1738-1745.
21. Shahdadnejad, N., M.R. Mohammadabadi and M. Shamsadini. 2016. Typing of clostridium perfringens isolated from broiler chickens using multiplex PCR. Genetics in the 3rd millennium, 14: 4368-4374.
22. Sitzenstock, F., F. Ytournel, A.R. Sharifi, D. Cavero, H. Täubert, R. Preisinger and H. Simianer. 2013. Efficiency of genomic selection in an established commercial layer breeding program. Genetic Selection Evolution, 45: 1-11.
23. Täubert, H., F. Reinhardt and H. Simianer. 2010. ZPLAN+ new software to evaluate and optimize animal breeding programs. Leipzig: In Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Gottingen, Germany.
24. Vajed Ebrahimi, MT., M.R. Mohammadabadi and A. Esmailizadeh. 2017. Using microsatellite markers to analyze genetic diversity in 14 sheep types in Iran. Archives Animal. Breeding, 60: 183-189.
25. Wolc, A., A. Kranis, J. Arango, P. Settar, J.E. Fulton, N.P. O'Sullivan, A. Avendano, K.A. Watson, J.M. Hickey, G. Deos Campos, R.L. Fernando, D.J. Garrick and J.C.M. Dekkers. 2016. Implementation of genomic selection in the poultry industry. Animal Frontiers, 6: 23-31.
26. Zandi, E., M.R. Mohammadabadi, M. Ezzatkhah and A.K. Esmailizadeh. 2014. Typing of toxigenic isolates of clostridium perfringens by Multiplex PCR in Ostrich. Iranian Journal of Applied Animal Science, 4: 509-514.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]

Efficiency of Genomic Selection in Breeding Programs of Native Hens

Sara Ebrahimpour Taher[1], Sadegh Alijani[2], Seyyed Abbas Rafat[3] and Aahmad Reza Sharifi[4]

1- Ph.D. Student, Department of Animal Science, Agriculture faculty, University of Tabriz
(Corresponding author: sa.pourtaher@gmail.com)
2 and 3- Associate Professor and Professor, Department of Animal Science, Agriculture Faculty, University of Tabriz
4- Professor, Department of Animal Science, Agriculture faculty, University of Göttingen
Received: March 12, 2017 Accepted: January 10, 2018

Abstract

The development of genomic selection has created new strategies in animal breeding programs. The aim of this study was to investigate the efficiency of genomic selection in breeding programs of native hens. In this study, a reference scenario with 3380 birds using pedigree and phenotypic information was simulated and the expected genetic progress was derived deterministically with the software of ZPLAN+. The reference scenario was compared with two genomic breeding programs to determine the best strategy for implementing genomic information in breeding programs of native hens. In scenario I, the genomic information of both sexes was used, but in scenario II, only one's of males was used. In both scenarios, the number of genotyped male selection candidates was varied between 800 and 1600 males and four size of the reference population including (500, 1000, 1500 or 2000 birds) were considered. The generation interval of 14.5 months was in the reference scenario. In both genomic scenarios, breeders of both sexes were select at the biologically earliest possible age. So, the generation interval was reduced to eight months. All genomic scenarios increased the genetic gain and the economic profit of the breeding program (€ 235.87 to € 273.28 profit per animal unit in scenario II). The accuracy of the selection index in reference scenario was 0.61 and 0.63 for cocks and hens, respectively. This study showed that the increase of accuracy and decrease of general interval in genomic scenarios has a positive effect on the profit and genetic gain. So, application of genomic information increased the efficiency of breeding programs in native fowl. Based on the results of this study, genomic selection can be used in genomic breeding programs of native fowls. To reduce costs, it is also recommended to investigate the application of low-density SNP chips.

Keywords: Genomic Selection, Genetic Gain, Native Hens, Simulation, ZPLAN+

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.29252/rap.9.19.83]