ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۶
صفحه ۱۷۳ - ۱۶۷

مطالعه روش‌های پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنومی – مقایسه روش‌های BLUP سنتی، G- BLUP و روش تک‌مرحله‌ای SS- BLUP

Study of genomic prediction methods-Comparisons of traditional BLUP, G-BLUP and the single-step BLUP

یحیی محمدی*[۱]، مرتضی ستایی مختاری[۲]، محمد رزم کبیر[۳]

۱- استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه ایلام
۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه جیرفت، کرمان
۳- استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه کردستان

Mohammadi Y*[1], Sattaei Mokhtari M[2], Razmkabir M[3]

1- Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Ilam
2- Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Jiroft, Kerman
3- Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Kurdistan

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mohamadi_yahya@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۵/۵/۲۷ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳۱)

چکیده

هدف از مطالعه حاضر مقایسه تفاوت صحت انتخاب ژنومی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و روش تک‌مرحله‌ای یا SS-BLUP برای صفات تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در گاوهای هلشتاین ایران بود. در این مطالعه از رکوردهای مربوط به داده‌های ژنومی ۳۴۵ راس گاو هلشتاین ایران که با کمک تراشه نشانگری ۵۰ کیلوبازی شرکت ایلومینا تعیین ژنوتیپ شده بودند، استفاده شد. ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای صفات مورد مطالعه به‌کمک نرم‌افزار MIXBLUP برآورد شدند. نتایج حاصل نشان داد که میانگین صحت پیش‌بینی ژنومی روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و SS-BLUP به‌ترتیب برابر با ۰/۳۹، ۰/۴۷ و ۰/۵۴ بود. دامنه برآورد صحت از ۰/۳۲ برای صفت تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در روش BLUP سنتی تا ۰/۵۹ برای صفت تولید شیر در روش SS-BLUP متفاوت بود. صحت پیش‌بینی ژنومی روش SS-BLUP نسبت به روش G-BLUP برای صفات تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر به‌ترتیب ۰/۱، ۰/۰۷، ۰/۰۹ و ۰/۰۷ و نسبت به روش BLUP سنتی ۰/۱۶، ۰/۱۴، ۰/۱۷ و ۰/۱۴ بیش‌تر برآورد شد. میانگین مربعات خطای پیش‌بینی در روش SS-BLUP برای تمام صفات مورد مطالعه نسبت به دو روش دیگر کمتر بود. ضرایب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و SS-BLUP به‌ترتیب ۰/۷۷، ۰/۸۸ و ۰/۹۴ به‌دست آمد. به‌طور کلی نتایج این مطالعه نشان داد که با توجه به بالا بودن صحت پیش‌بینی ژنومی روش تک‌مرحله‌ای نسبت به دو روش دیگر و هم‌چنین اریب کمتر آن در صفات مورد مطالعه، استفاده از روش تک‌مرحله‌ای در مقایسه با دو روش دیگر، برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در صفات تولیدی برای گاوهای هلشتاین ایران توصیه می‌شود.

واژه‌های کلیدی

ارزش اصلاحی ژنومی
انتخاب ژنومی
روش تک‌مرحله‌ای
صحت پیش‌بینی
گاو هلشتاین

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

مقدمه

انتخاب براساس مارکرهای فشرده[1] در سطح ژنوم به‌عنوان یک جز مهم برنامه‌های اصلاحی در گاو شیری معرفی شده‌است (Loberg and Durr 2009; Harris and Johnson 2010; Su et al. 2010). صحت پیش‌بینی ژنومی به مقدار اطلاعات به‌کار رفته در معادلات پیش‌بینی بستگی دارد. در بسیاری از برنامه‌های انتخاب ژنومی، هزاران گاو نری که در دهه‌های گذشته در آزمون نتاج قرار می‌گرفتند، امروزه تعیین ژنوتیپ شده و به‌عنوان جمعیت مرجع مورد استفاده قرار می‌گیرند (Hayes 2009; Koivula 2012). در شرایط ایران با توجه به مشکل تامین هزینه تعیین ژنوتیپ و در نتیجه نداشتن تعداد زیاد گاو تعیین ژنوتیپ شده و متعاقباً کاهش تعداد حیوانات در جمعیت مرجع[2] استفاده از انتخاب ژنومی در سالیان اخیر با محدودیت مواجه بوده است. یک راه‌حل برای غلبه بر این محدودیت استفاده از روشی است که از اطلاعات فنوتیپی حیواناتی که تعیین ژنوتیپ نشده‌اند بهره می‌گیرد. روش تک‌مرحله‌ای[3] یا SS-BLUP از اطلاعات افراد ژنوتیپ شده و نشده به‌طور هم‌زمان برای برآورد ارزش اصلاحی ژنومی استفاده می‌نماید. در این روش ماتریس خویشاوندی شجره‌ای و ماتریس خویشاوندی مارکری به‌طور هم‌زمان داخل یک ماتریس خویشاوندی جمع می‌شوند (Misztal 2009; Aguilar 2010; Christensen and Lund 2010). از طرف دیگر در سالیان اخیر برای برآورد ارزش اصلاحی ژنومی از روش چندمرحله‌ای استفاده می‌شود. به‌عنوان نمونه برای ارزیابی گاوهای شیری در کشورهای آمریکا و کانادا به کمک این روش،GEBV گاوها برآورد می‌شود (VanRaden 2009). تا سال‌های ۲۰۰۹- ۲۰۰۸ عمده مطالعات برای ارزیابی‌های ژنومی به‌صورت رایج به کمک روش چند مرحله‌ای صورت گرفته است. اگرچه دقت ارزیابی‌های ژنومی از طریق روش چند مرحله‌ای نسبت به روش‌هایی مثل متوسط والدین[4] یا آزمون نتاج[5] بیشتر است، اما به‌نظر می‌رسد این ارزیابی‌های ژنومی دچار نوعی بیش برآورد[6] هستند که باعث می‌شود گاوهای نر جوان نسبت به گاوهای نر آزمون نتاج یک برتری نادرست داشته باشند (VanRaden 2009). لذا برای غلبه بر این مشکلات در سالیان اخیر از روش تک‌مرحله‌ای برای برآورد ارزش اصلاحی ژنومی استفاده می‌شود.

در مطالعه‌ای که با داده‌های شبیه‌سازی صورت گرفت، صحت پیش‌بین‌های ژنومی با سه روش BLUP سنتی، روش چند مرحله‌ای و تک‌مرحله‌ای مورد بررسی قرار گرفت. نتایج آن‌ها نشان داد که میانگین دقت پیش‌بینی ژنومی در این سه روش به‌ترتیب ۰/۲، ۰/٤٦ و ۰/٥٤ برآورد شد که دقت روش تک‌مرحله‌ای ۰/۳٤ بیشتر از روش سنتی نشان داد (Vitezica et al. 2011). در مطالعه دیگری روش تک‌مرحله‌ای نسبت به روش چندمرحله‌ای صحت پیش‌بینی ژنومی بالاتری را نشان داد (Su et al. 2012). در مطالعه‌ای که بر روی صفات تولید شیر در گوسفند شیری انجام شد، صحت پیش‌بینی ژنومی در سه روش BLUP سنتی، روش چندمرحله‌ای[7] و تک‌مرحله‌ای مورد مقایسه قرار گرفت، نتایج این پژوهش نشان داد که مقدار صحت برای روش‌های فوق به‌ترتیب ۰/۳۲، ۰/٤۳ و ۰/٤۷ می‌باشد، که صحت به‌دست آمده در روش تک‌مرحله‌ای بیشتر از دو روش دیگر بود (Balche et al. 2014). هدف از این پژوهش مقایسه تفاوت صحت پیش‌بینی ژنومی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP برای صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در گاو هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به دوره اول شیردهی گاوهای هلشتاین مناطق مختلف ایران که توسط مرکز اصلاح نژاد کشور تهیه شده بود، استفاده شد. آماده‌سازی و ویرایش داده‌ها با نرم‌افزارهای FOXPRO 9.0 و SAS 9.0 انجام و فایل‌های مربوطه شجره و تولید آماده شد. فایل تولید شامل رکوردهای روزآزمون مربوط به صفات تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین و تعداد

[1] Dense marker
[2] Reference population
[3] Single step
[4] Parent Average
[5] Progeny Test
[6] Inflation
[7] Multi step

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

سلول‌های سوماتیک شیر طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۱ بود. براساس رکوردهای موجود، دامنه روزهای شیردهی از روز ۵ تا روز ۳٦۵ شیردهی در نظر گرفته شد. سن در زمان زایش اول به ۱۸ تا ٤۲ ماه محدود شد. رکوردهای روز آزمون شیر تولیدی کمتر از ۳ و بیش‌تر از ۷۵ کیلوگرم حذف شد. خلاصه اطلاعات نهایی و مورد استفاده در تحقیق حاضر که شامل رکوردهای روزآزمون مربوط به صفات مورد مطالعه در ۷٦٦ گله بود، در جدول ۱ ارائه شده‌است.

این تحقیق با همکاری مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور در مورد گاوهای هلشتاین ایران انجام شد. از اطلاعات ژنومی ۳٤۵ راس گاو نر استفاده شد که با کمک تراشه نشانگری ۵۰ کیلوبازی شرکت ایلومینا (Illumina, San Diego, CA) تعیین ژنوتیپ شده بودند.

مدل‌های آماری استفاده شده در این مطالعه شامل روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP بودند. تمام تجزیه‌ها برای برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی به کمک نرم‌افزار MIXBLUP انجام شد (Napel et al 2014). روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی ژنومی (GBLUP) مشابه ارزیابی BLUP در مدل‌های هندرسون است با این تفاوت که ماتریس روابط ژنومی ساخته شده از اطلاعات مولکولی جایگزین ماتریس روابط شجره‌ای می‌شود و درایه مربوط به جفت حیواناتی که ژنوتیپ‌های یکسان بیش‌تری داشته و در نتیجه شباهت ژنومی بالاتری دارند، بزرگ‌تر می‌باشد. مدل آماری در این روش به صورت رابطه زیر است (VanRaden 2008):

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$$

رابطه (۱)

در رابطه ۱، y بردار ارزش‌های فنوتیپی (n×1)، b بردار اثرات ثابت، X ماتریس ضرائب که مشاهدات را به اثرات ثابت مرتبط می‌کند، u بردار در برگیرنده ارزش‌های اصلاحی ژنومی (n×1)، e بردار اثرات تصادفی باقیمانده (n×1)، Z ماتریس ضرائب (n×p) که مشاهدات را به بردارهای ارزش‌های اصلاحی ژنومی مرتبط می‌کند. عناصر ماتریس Z شامل اعداد صفر، یک و دو بود که این اعداد نشان‌دهنده تعداد آلل‌های خاص هریک از مکان‌های نشانگری با توجه به ژنوتیپ فرد می‌باشد. در مطالعه حاضر برای ژنوتیپ A_1A_1، A_1A_2 و A_2A_2 به‌ترتیب اعداد صفر، یک و دو استفاده شد. در این مدل اثر نشانگرها به‌صورت تصادفی با واریانس یکسان در نظر گرفته شده‌است. به‌منظور برآورد اثرات نشانگرها معادلات مختلط هندرسون به‌صورت رابطه زیر تشکیل شد:

$$\hat{\mathbf{u}} = [\mathbf{I} + \mathbf{G}^{-1}\alpha]^{-1}[\mathbf{y}]$$

رابطه (۲)

در رابطه ۲، α برابر است با

$$\alpha = \left[\frac{1 - h^2}{h^2}\right]$$

G ماتریس خویشاوندی ژنومی افزایشی که از معادلات زیر محاسبه شد (VanRaden 2008):

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{M_a}\mathbf{M_a'}}{\sum_{j=1}^{Nm} 2pj(1 - pj)}$$

M_a یک ماتریس $n \times N_m$ (n تعداد افراد) و عناصر M_a برای i امین فرد در j امین نشانگر از طریق زیر محاسبه می‌شوند:

$$\mathbf{M_{a_{i,j}}} = \begin{Bmatrix} 0 - 2p_j(A_1A_1) \\ 1 - 2p_j(A_1A_2) \\ 2 - 2p_j(A_2A_2) \end{Bmatrix}$$

در رابطه بالا p_j فراوانی آلل مینور (آلل دوم) در لوکاس j است.

در این روش به‌طور هم‌زمان از اطلاعات افراد تعیین ژنوتیپ شده و نشده به‌وسیله ترکیب ماتریس خویشاوندی ژنومی (G) و ماتریس خویشاوندی شجره‌ای (A) استفاده می‌شود.

جدول ۱- آماره‌های توصیفی برای صفات مورد بررسی در داده‌های گاو هلشتاین ایران

صفات	تعداد رکوردها	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
مقدار شیر (کیلوگرم)	۸۵٦٤۳۲	۲۸/۱۱	۷/٦۷	٤/۵	۵۲/۵
میزان چربی (کیلوگرم)	۷٦۵۳۲۱	۰/۹۲	۰/۳۳	۰/۰٤	۳/٦۵
میزان پروتئین (کیلوگرم)	۵۹۱۲۳٤	۰/۹۳	۰/۲٦	۰/۰۳	۲/۸۹
تعداد سلول‌های سوماتیک شیر	٤۳۵٦۷۸	۳٤۰۲۱۱	۸٦۷۵٤	۸۷٦۱۱	۵۵۱۱۷۸

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

مدل آماری آن به‌صورت زیر می‌باشد:

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$ رابطه (۳)

در رابطه ۳، y بردار مشاهدات برای افراد ژنوتیپ شده و نشده، 1 بردار واحد، Z ماتریس طرح و a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی که شامل مجموع اثرات ژنومی و اثرات پلی‌ژنی است. در معادله فوق فرض می‌شود که $a \sim N(0, H\sigma_a^2)$ و H ماتریس خویشاوندی ژنتیکی تصحیح شده هستند که با ماتریس خویشاوندی براساس شجره ترکیب شده‌است (Legarra et al. 2014).

رابطه (٤)

$$H = \begin{bmatrix} G_\omega & G_\omega A_{11}^{-1}A_{12} \\ A_{21}A_{11}^{-1}G_\omega & A_{21}A_{11}^{-1}G_\omega A_{11}^{-1}A_{12} + A_{22} - A_{21}A_{11}^{-1}A_{12} \end{bmatrix}$$

در رابطه ٤، A_{11} یک زیر ماتریس (sub-matrix) از ماتریس خویشاوندی شجره‌ای (A) برای حیوانات ژنوتیپ شده، A_{22} یک زیر ماتریس از ماتریس A برای حیوانات ژنوتیپ نشده، A_{12} (A_{21}) یک زیر ماتریس از ماتریس A برای خویشاوندی بین حیوانات ژنوتیپ شده و نشده و G_w برابر با $G_w = (1-w)G + wA_{11}$ که G یا ماتریس خویشاوندی ژنومی شبیه ماتریس مدل G-BLUP می‌باشد. معکوس ماتریس H به‌صورت رابطه ۵ می‌باشد:

$$\mathbf{H}^{-1} = \begin{bmatrix} \mathbf{G}_\omega^{-1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} \end{bmatrix} + \mathbf{A}^{-1}$$ رابطه (۵)

در مطالعه حاضر توانایی پیش‌بینی مدل‌ها با استفاده از سه معیار بررسی شد: (۱) صحت پیش‌بینی ژنومی که در این پژوهش از طریق همبستگی بین ارزش اصلاحی ژنومی حاصل از هر یک از روش‌ها با داده‌های فنوتیپی تصحیح شده صفت به‌دست آمد، (۲) میانگین مربعات خطای پیش‌بینی ژنومی که از رابطه زیر پیش‌بینی شد (Legarra et al. 2009):

$$\mathbf{MSE} = \frac{1}{N}\sum(\mathbf{GBV} - \mathbf{EBV})^2$$ رابطه (٦)

در رابطه ٦، GBV و EBV به‌ترتیب ارزش اصلاحی ژنومی و برآورد ارزش اصلاحی صفات مورد پژوهش است و (۳) ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی که از ضریب رگرسیون ارزش اصلاحی تخمینی بر ارزش اصلاحی ژنومی به‌دست آمد. انتظار می‌رود که این ضریب نزدیک به یک باشد که در این حالت نشان می‌دهد مقیاس ارزش اصلاحی ژنومی مشابه ارزش اصلاحی برآورد شده است و اریبی آن کمتر می‌باشد. برای مقایسه معنی‌داری دو به دوی هر کدام از این روش‌ها از تجزیه آماری Hotelling-Williams t- test استفاده شد (Olson et al. 2011).

نتایج و بحث

صحت پیش‌بینی ارزیابی ژنومی سه روش مورد مطالعه در جدول ۲ مشاهده می‌شود. میانگین صحت پیش‌بینی ژنومی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP به‌ترتیب ۰/۳۹، ۰/٤۷ و ۰/٥٤ به‌دست آمد (جدول ۲). همان‌طور که ملاحظه می‌شود صحت پیش‌بینی ژنومی در روش SS-BLUP نسبت به دو روش دیگر برای تمام صفات مورد مطالعه بیش‌تر برآورد شد. یک دلیل احتمالی برتری روش SS-BLUP نسبت به روش‌های G-BLUP و BLUP سنتی می‌تواند استفاده هم‌زمان تعداد زیاد اطلاعات فنوتیپی به‌همراه اطلاعات ژنوتیپی در مدل SS-BLUP باشد. دلیل دیگر صحت پیش‌بینی ژنومی روش SS-BLUP را می‌توان استفاده از حیوانات ژنوتیپ نشده در مدل‌های این روش دانست. دامنه صحت انتخاب از ۰/۳۲ برای تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در BLUP سنتی تا ۰/٥۹ برای صفت تولید شیر در SS-BLUP متفاوت به‌دست آمد. صحت پیش‌بینی ژنومی روش SS-BLUP نسبت به روش G-BLUP برای صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر به‌ترتیب ۰/۱، ۰/۰۷، ۰/۰۹ و ۰/۰۷ و نسبت به روش BLUP سنتی به‌ترتیب ۰/۱٦، ۰/۱٤، ۰/۱۷ و ۰/۱٤ بیش‌تر برآورد شد. در مطالعه‌ای نشان داده شد که روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP، توانایی پیش‌بینی تولید بالاتری نسبت به روش چند مرحله‌ای Multi-BLUP و روش BLUP سنتی در صفات متفاوت برای گونه‌های مختلف حیوان دارد (Legarra et al. 2014)، که نتایج مطالعه حاضر در تایید این مطالعه بود. در مطالعه‌ای دیگر که برای بررسی صحت پیش‌بینی ژنومی در گاوهای هلشتاین به کمک سه روش G-BLUP، SS-BLUP و SS-BLUP تصحیح شده برای ۱٦ صفت انجام شد، نتایج نشان داد که متوسط صحت پیش‌بینی ژنومی برای روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP تصحیح شده و SS-BLUP نسبت به روش G-BLUP به‌ترتیب ۲/۱ و ۱/۸

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

درصد بالاتر می‌باشد، که با نتایج حاضر مربوط به برآورد بالاتر صحت انتخاب ژنومی با استفاده از روش تک‌مرحله‌ای در پژوهش کنونی تطابق داشت (Gao et al. 2012). در پژوهشی دیگر، تفاوت صحت پیش‌بینی ژنومی با سه روش G-BLUP، SNP-BLUP و SS-BLUP مطالعه شد و نتایج حاصل نشان داد که صحت پیش‌بینی ژنومی در روش SS-BLUP نسبت به دو روش دیگر اندکی بالاتر می‌باشد (Koivula et al. 2012). هم‌چنین در مطالعه‌ای متوسط صحت پیش‌بینی ژنومی روش‌های G-BLUP، SS-BLUP و SS-BLUP تصحیح شده برای صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین چینی به‌ترتیب ۰/٤٤، ۰/٥٦ و ۰/٥٦ برآورد شدند و صحت روش تک‌مرحله‌ای بیشتر از روش G-BLUP به‌دست آمد که با نتایج مطالعه حاضر مطابقت داشت (Li et al. 2014). صحت پیش‌بینی ژنومی تعداد سلول‌های سوماتیک شیر نسبت به صفات تولیدی در تمامی روش‌ها پایین‌تر برآورد شد که دلیل آن احتمالاً پایین بودن وراثت‌پذیری این صفت می‌باشد (جدول ۲).

صحت پیش‌بینی ژنومی برای روش G-BLUP نسبت به روش BLUP سنتی برای تمام صفات مورد مطالعه بیش‌تر و معنی‌دار برآورد شد (جدول ۲). به‌طور کلی در روش‌های انتخاب ژنومی (SS-BLUP و G-BLUP) با توجه به توانایی برآورد اثرات تفرق مندلی نسبت به روش سنتی انتخاب (BLUP سنتی) صحت پیش‌بینی ژنومی بیش‌تر است (VanRaden 2008).

میانگین مربعات خطای پیش‌بینی برای روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP نسبت به دو روش دیگر برای تمام صفات مورد مطالعه به‌جز صفت تعداد سلول‌های سوماتیک شیر (در روش G-BLUP و SS-BLUP) پایین‌تر و معنی‌دار برآورد شد (جدول ۲) که نشان می‌دهد روش تک‌مرحله‌ای با توجه به پایین بودن میانگین مربعات خطای آن نسبت به دو روش دیگر، روش مطلوب‌تری می‌باشد. هم‌چنین مقایسه روش G-BLUP نسبت به روش BLUP سنتی نشان می‌دهد که، روش‌های ژنومی بررسی شده در پژوهش کنونی با توجه به پایین بودن میانگین مربعات آن برای تمام صفات، روش‌های مطلوب‌تری نسبت به روش سنتی انتخاب می‌باشند (جدول ۲). در یک مطالعه که با داده‌های شبیه‌سازی انجام شد، میانگین مربعات خطای پیش‌بینی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و روش SS-BLUP مقایسه شد و نتایج حاصل نشان داد که MSE در روش SS-BLUP نسبت به دو روش دیگر کوچک‌تر می‌باشد (Vitezica et al. 2011) که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد.

جدول ۲- مقایسه صحت انتخاب و میانگین مربعات خطا در مدل‌های مختلف برای صفات تولید در گاوهای هلشتاین ایران

پارامتر	صفات	BLUP سنتی	G-BLUP	SS-BLUP
صحت انتخاب	تولید شیر	۰/٤۳^{c}	۰/٥۳^{b}	۰/٥۹^{a}
	چربی	۰/٤۱^{c}	۰/٤۸^{b}	۰/٥٥^{a}
	پروتئین	۰/٤۰^{c}	۰/٤۹^{b}	۰/٥۷^{a}
	تعداد سلول‌های سوماتیک	۰/۳۲^{c}	۰/۳۹^{b}	۰/٤٦^{a}
میانگین مربعات خطا	تولید شیر	۲۳٤/۲۲^{a}	۲۰۳/۳۸^{b}	۱۹۸/۱۹^{c}
	چربی	٦۷/۳۲^{a}	٥۳/۷٤^{b}	٤٥/٤٤^{c}
	پروتئین	٤٦/٤٥^{a}	۳٦/۷۳^{b}	۳۲/۳۱^{c}
	تعداد سلول‌های سوماتیک	۱/۲۳^{a}	۰/۸۷^{b}	۰/٦٥^{b}

- آزمون معنی‌داری به کمک روش Hotelling- Williams t- test انجام گرفت.

جدول ۳- ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی در مدل‌های مختلف برای صفات تولید در گاوهای هلشتاین ایران

پارامتر	صفات	BLUP سنتی	G-BLUP	SS-BLUP
ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی	تولید شیر	۰/۸٤^{c}	۰/۹۱^{b}	۰/۹٦^{a}
	چربی	۰/۷۰^{c}	۰/۸۷^{b}	۰/۹۳^{a}
	پروتئین	۰/۷۱^{c}	۰/۸۷^{b}	۰/۹۲^{a}
	تعداد سلول‌های سوماتیک	۰/۸۳^{c}	۰/۸٦^{b}	۰/۹٦^{a}

- آزمون معنی‌داری به کمک روش Hotelling- Williams t- test انجام گرفت.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

همان‌طور که در جدول ۳ مشاهده می‌شود میانگین ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی برای روش‌های BLUP سنتی، G-BLUP و SS-BLUP به‌ترتیب برابر با ۰/۷۷، ۰/۸۸ و ۰/۹٤ برآورد شد. با توجه به این مقادیر می‌توان گفت که روش SS-BLUP نسبت به روش‌های دیگر نااریب‌تر است زیرا ضریب رگرسیون آن به عدد یک نزدیک‌تر می‌باشد. ضریب رگرسیون در روش‌های مختلف کوچکتر از یک برآورد شد. یک دلیل احتمالی این است که نشانگرها در LD کامل با ژن‌های عامل[1] نبوده و لذا واریانس ژنتیکی کل به‌طور کامل محاسبه نمی‌شود. دلیل دیگر این موضوع می‌تواند این باشد که داده‌های استفاده شده در مطالعه حاضر یک نمونه تصادفی نبوده بلکه مجموعه داده انتخابی می‌باشند. ولی با توجه به مقادیر برآورد شده، می‌توان گفت که روش SS-BLUP نسبت به دیگر روش‌ها نااریب‌تر بوده است زیرا که ضریب رگرسیون آن به عدد یک نزدیک‌تر می‌باشد.

در یک مطالعه ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی با استفاده از میانگین ارزش اصلاحی والدین[2]، SNP-BLUP، G-BLUP و SS-BLUP برای صفت تولید شیر به‌ترتیب ۰/۷۳، ۰/۷٦، ۰/۷۷ و ۰/۸۰ ، برای صفت پروتئین ۰/۷۷، ۰/۷۷، ۰/۷۸ و ۰/۸۳ و برای صفت چربی شیر ۰/۸۳، ۰/۸۵، ۰/۸٦ و ۰/۹۰ گزارش شد (Koivula et al. 2012). نتایج این تحقیق در توافق با نتایج حاضر برای نااریب بودن روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP نسبت به دیگر روش‌ها بود. هم‌چنین در مطالعه دیگری که برای بررسی کاهش اریب در نتیجه ضریب رگرسیون پیش‌بینی ژنومی در گاوهای جرسی انجام شد چنین نتیجه گرفتند که روش‌های تک‌مرحله‌ای SS-BLUP نسبت به روش G-BLUP اریب کمتری دارند (Ma et al. 2016). با توجه به نتایج این مطالعه می‌توان گفت که در روش تک‌مرحله‌ای SS-BLUP نسبت به روش‌های BLUP سنتی و G-BLUP صحت بالاتر و میانگین مربعات خطای کمتری برای ارزش‌های اصلاحی ژنومی در صفات تولیدی در گاو شیری هلشتاین برآورد شد. از طرف دیگر اریب ناشی از روش تک‌مرحله‌ای نسبت به دو روش دیگر نیز کمتر برآورد شد. با توجه به این که در کشور هزینه تعیین ژنوتیپ بالا بوده و تأمین هزینه‌های ژنوتیپ برای بخش دولتی و واحدهای صنعتی با مشکلاتی همراه است و از طرف دیگر اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای فنوتیپی برای صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ایران زیاد می‌باشد، لذا برای استفاده از مزایای انتخاب ژنومی روش ارزیابی ژنومی تک مرحله‌ای با ترکیب هر دو اطلاعات شجره‌ای و ژنومی برای افزایش صحت ارزیابی‌ها توصیه می‌شود.

[1] Causal gene
[2] Parent Average

منابع

Aguilar I, Misztal I, Legarra A and Tsuruta S (2010) Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. Journal Animal Breeding Genetic 128:422-428.

Baloche G, Legarra A, Sallé G, Larroque H, Astruc JM, Robert- Granié C and Barillet F (2014) Assessment of accuracy of genomic prediction for French Lacaune dairy sheep. Journal of Dairy Science 97:1107-1116.

Christensen OF and Lund MS (2010) Genomic prediction when some animals are not genotyped. Genetic Selection Evolution 42:2.

Gao H, Christensen OF, Madsen P, Nielsen US, Zhang Y, Lund MS and Su G (2012) Comparison on genomic predictions using three GBLUP methods and two single-step blending methods in the Nordic Holstein population. Genetic Selection Evolution 44:8.

Harris BL, Johnson DL (2010) Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation. Journal of Dairy Science 93:1243-1252.

Hayes B, Bowman P, Chamberlain A and Goddard M (2009) Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. Journal of Dairy Science 92:433-443.

Howard R, Carriquiry AL and Beavis WD (2014) Parametric and nonparametric statistical methods for genomic selection of traits with additive and epistatic genetic architectures. G3. 4: 1027-1046.

Koivula M, Strandén I, Su G, and Mäntysaari EA (2012) Different methods to calculate genomic predictions-Comparisons of BLUP at the single nucleotide polymorphism level, BLUP at the individual level (G-BLUP), and the one-step approach (H-BLUP). Journal of Dairy Science 95:4065-4073.

Legarra A, Christensen OF, Aguilar I and Misztal I (2014) Single Step, a general approach for genomic selection. Livestock Science 166: 54-65.

Legarra A, Aguilar I and Misztal I (2009) A relationship matrix including full pedigree and genomic information. Journal of Dairy Science 92:4656-4663.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]

Li X, Wang S, Huang J, Li L, Zhang Q and Ding X (2014) Improving the accuracy of genomic prediction in Chinese Holstein cattle by using one-step blending. Genetic Selection Evolution 46:66.

Loberg A, Durr JW (2009) Interbull survey on the use of genomic information. Interbull Bull; Uppsala, 39:3-1 In: Interbull Bulletin No. 39. Proceedings of the Interbull International, Uppsala, Sweden 4.

Ma P, Lund MS, Nielsen US, Aamand GP and Su G (2016). Single-step genomic model improved reliability and reduced the bias of genomic predictions in Danish Jersey. Journal of Dairy Science 98:9026-9034.

Misztal I, Legarra A and Aguilar I (2009) Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. Journal of Dairy Science 92:4648-4655.

Napel JT, Mulder HA, Lidauer M, Stranden I, Mäntysaari E, Pool MH and Veerkamp RF (2014) MiXBLUP, the Mixed-model Best Linear Unbiased Prediction software for PCs for large genetic evaluation systems. Version 1.3.1., Wageningen, the Netherlands.

Olson KM, VanRaden PM, Tooker ME and Cooper TA (2011) Differences among methods to validate genomic evaluations for dairy cattle. Journal of Dairy Science 94:2613-2620.

Su G, Madsen P, Nielsen US, Mantysaari EA, Aamand GP, Christensen OF and Lmeund MS (2012) Genomic prediction for the Nordic Red Cattle using one-step and selection index blending approaches. Journal of Dairy Science 95:909-917.

Su G, Guldbrandtsen B, Gregersen VR, Lund MS (2010) Preliminary investigation on reliability of genomic estimated breeding values in the Danish Holstein population. Journal of Dairy Science 93:1175-1183.

VanRaden PM, Van Tassell CP, Wiggans GR, Sonstegard TS and Schnabel RD (2009) Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. Journal of Dairy Science 92:16-24.

VanRaden PM (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. Journal of Dairy Science 91:4414-4423.

Vitezica ZG, Aguilar I, Misztal I and Legarra A (2011) Bias in genomic predictions for populations under selection. Genetic Research (Cambridge). 93:357-366.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-06]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.2.4]