



Evaluation of the Effects of Genotyping Scenarios, Heritability, and Marker Density on the Accuracy of Genomic Selection Prediction in Sheep

Reza Seyedsharifi ^{1✉}, Maryam Esrafil Taze kand Mohamaddiyeh ¹, Jamal Seifdavati ¹, Nemat Hedayat Evrigh ¹ and Hossein Mohebodini ¹

1- Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Corresponding Author's Email: reza_seyedsharifi@yahoo.com

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:

Received 03 September 2026
Received in revised form 07
September 2026
Accepted 08 September 2026
Available online 13 September
2026

Keywords:

Accuracy,
Genetic evaluation,
Genotyping,
Sheep,
Simulation.

ABSTRACT

Objective: This study was conducted to evaluate the effects of genotyping scenarios on the prediction accuracy of different genomic selection methods in sheep across varying levels of heritability and marker density, using simulations.

Method: In this study, a sheep population was simulated by imitating the sheep genetic evaluation system. Five genotyping scenarios with 9 cases for the existence of phenotypic records were considered based on three assumptions (the existence of phenotypic records for males and females, and for females and males). A trait with three heritabilities of low, medium, and high (0.1, 0.3, and 0.5) was simulated by considering three different marker densities (10K, 50K, and 70)K. Also, to examine the effect of the evaluation method on the accuracy of the prediction, three methods, BLUP, GBLUP, and ssGBLUP, were used.

Results: Comparing different genotyping scenarios showed that non-selective genotyping (genotyping all animals) had the lowest prediction accuracy. In addition, the highest and lowest prediction accuracies were observed when determining the genotypes of males and females, respectively. In all cases compared, prediction accuracy also increased with increasing heritability. Increasing marker density from 50K to 70K had little effect on increasing prediction accuracy except when heritability was low. Also, among the methods studied, the ssGBLUP method performed better.

Conclusions: The results of this study showed that by determining the selected genotype and phenotype, the highest prediction accuracy can be achieved while reducing the costs of genomic selection. Also, using average marker density and the ssGBLUP method can increase the accuracy of genomic selection prediction in traits with low heritability.

Cite this article: Seyedsharifi, R., Esrafil Taze kand Mohamaddiyeh, M., Seifdavati, J., Hedayat Evrigh, N., & Mohebodini, H. (2026). Evaluation of the effects of genotyping scenarios, heritability, and marker density on the accuracy of genomic selection prediction in sheep. *New Approaches in Animal Sciences*, 1(3), 1-21. <https://doi.org/10.22098/naas.2026.20837.1029>



© The Author(s) retain the copyright.

Publisher: University of Mohaghegh Ardabili.

DOI: <https://doi.org/10.22098/naas.2026.20837.1029>

Introduction

Improving the production and reproductive performance of livestock is one of the best ways to increase the productivity of the livestock sector, and it can be achieved through breeding. Advances in selection methods, enabled by available technologies, will lead to the selection of superior animals. The goal of sheep breeding is to produce sheep with better performance and traits desired by breeders. Sheep breeders do not invest much in genetic improvement, also because only a small portion of the overall benefits of genetic improvement return to the breeder, so breeders seek genetic improvement at the lowest cost. As a result, they must understand that genomic selection is possible with sufficient accuracy and reasonable cost. To address this problem, many studies have focused on designing genotyping strategies to optimize individual selection. Considering the importance of sheep breeding and improvement, this study aims to investigate the prediction accuracy of traditional methods of best unbiased linear prediction (BLUP), genomic BLUP (GBLUP), and single-step GBLUP (ssGBLUP) in sheep using simulated data with different levels of heritability and marker density based on phenotypic performance or estimated breeding values (EBVs), to demonstrate the benefits of genomic selection and encourage sheep breeders to use genomic selection.

Method

In this study, a population of sheep was simulated using QMSim software, based on the forward-in-time method. To evaluate the impact of different genotyping scenarios, five scenarios were simulated, including four genotyping scenarios (G1-G4) and a reference scenario (BLUP) in which no genotypes were considered. Scenarios G1-G4 included genotyping all animals from the past 15 generations, 10,000 ewes randomly selected from the past 15 generations, 10,000 candidates from both sexes randomly selected from the past 15 generations, and 10,000 rams randomly selected from the past 15 generations, respectively. In each genotypic scenario, to investigate the effect of phenotypic record on prediction accuracy based on three assumptions (phenotypic record for both males and females, phenotypic record for females, and phenotypic record for males), different phenotype determination scenarios were considered in which the percentage of phenotypic record was 20, 60, and 100 percent. After simulating the data with QMSim, different genotype and phenotype scenarios were analyzed using R. Afterward, the outputs from R software were used to estimate breeding value (EBV) and genomic breeding value (GEBV) using DMU software (Madsen and Jensen, 2013), considering the true genetic variance, using BLUP, GBLUP, and multi-breed ssGBLUP methods (which do not require pedigrees and genotype determination for all animals). Accuracy in each scenario was calculated as the correlation between the true breeding value (TBV) and the EBV or genomic EBV (GEBV) in the 15th generation.

Results

In this study, the accuracy of GEBV prediction was investigated across different evaluation methods, heritability levels, and marker densities in simulated sheep populations. In the BLUP method, breeding values are estimated from phenotypes and pedigrees. The accuracy of

prediction by the BLUP method based on heritabilities of 0.1, 0.3, and 0.5 was 0.27, 0.31, and 0.33, respectively. The use of genomic information increased the accuracy in all scenarios compared to the BLUP method. The average accuracy of GBLUP, based on heritabilities of 0.1, 0.3, and 0.5, was 0.27, 0.30, and 0.32 for 10K marker density; 0.34, 0.32, and 0.34 for 50K marker density; and 0.36, 0.33, and 0.34 for 70K marker density, respectively. For the ssGBLUP method, the average accuracy at 10K marker density for heritabilities of 0.1, 0.3, and 0.5 was 0.30, 0.33, and 0.34; at 50K marker density, it was 0.36, 0.35, and 0.38; and at 70K marker density, it was 0.37, 0.36, and 0.40. The results showed higher prediction accuracy with the ssGBLUP method than with the GBLUP method.

This indicates an improvement in the accuracy of GEBVs obtained using ssGBLUP compared to GBLUP. Increasing marker density from 10K to 70K had the greatest effect on improving the prediction accuracy of a trait with a heritability of 0.1. Among the genotypic scenarios studied, the lowest and highest prediction accuracies were observed in scenarios G1 (genotyping without considering the restriction) and G4 (selective genotyping of rams), respectively. Among the scenarios studied, there was no significant difference in prediction accuracy between scenarios G2 (selective genotyping of ewes) and G3 (selective genotyping of rams and ewes). When genotypic information from ewes and rams was used simultaneously (G3), the prediction accuracy was slightly higher. In other words, determining the combined genotype of ewes and rams, regardless of the ewe selection strategy, results in moderate predictive accuracy. Across all phenotypic scenarios, a higher percentage of phenotypic records led to greater prediction accuracy. This trend was similar across all scenarios, regardless of whether phenotypic records were available for both sexes or only one. In the 10K marker density, hypothesis 1 (the existence of a phenotypic record for ewes and rams) was superior. In the 50K and 70K marker densities, hypothesis 2 (the existence of a phenotypic record in ewes) was superior. Among all the genotypic and phenotypic scenarios studied, the highest prediction accuracy was associated with the 70K marker density, with a heritability of 0.1.

Conclusions

A major challenge for sheep production is sustainably raising sheep and producing enough protein to feed the growing human population. Given the important role that small ruminants play in the livelihoods of livestock farmers, the introduction of genomic selection should be financially beneficial for breeders. As a result, using genomic selection at the lowest cost and with the highest prediction accuracy can encourage livestock farmers and sheep breeders to produce sheep with improved performance and desirable traits. By determining the genotype and phenotype of the selection candidates, in other words, by correctly ranking the selection candidates that will be chosen as the parents of the next generation, maximum genetic improvement can be expected. Also, by selecting the appropriate genotype, statistical method, and marker density, greater prediction accuracy can be achieved at lower cost.

Author Contributions

All authors contributed equally to the conceptualization of the article and writing of the original and subsequent drafts.

Data Availability Statement

Data available on request from the authors.

Ethical Considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

Funding

This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.



ارزیابی تأثیر سناریوهای تعیین ژنوتیپ، وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر بر دقت پیش‌بینی انتخاب ژنومی در گوسفند

رضا سیدشریفی^۱✉، مریم اسرافیلی تازه کند محمدیه^۱، جمال سیف دواتی^۱، نعمت هدایت ایوریق^۱، حسین محب الدینی^۱

۱- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. نویسنده مسئول: reza_seyedsharifi@yahoo.com

چکیده

اطلاعات مقاله

هدف: این پژوهش با هدف ارزیابی سناریوهای تعیین ژنوتیپ روی صحت پیش‌بینی با روش‌های مختلف انتخاب ژنومی با سطوح مختلف وراثت‌پذیری و تراکم مختلف نشانگر در گوسفند با استفاده از شبیه‌سازی انجام شد.

نوع مقاله:
مقاله پژوهشی،

روش پژوهش: در این پژوهش یک جمعیت گوسفند با تقلید از سیستم ارزیابی ژنتیکی گوسفند شبیه‌سازی شد. پنج سناریو تعیین ژنوتیپ با ۹ حالت برای وجود رکورد فنوتیپی بر اساس سه فرض (وجود رکورد فنوتیپی برای نرها و ماده‌ها، ماده‌ها و نرها) در نظر گرفته شد. یک صفت با سه وراثت‌پذیری پایین، متوسط و بالا (۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵) با در نظر گرفتن سه تراکم مختلف نشانگر (۵۰K، ۱۰K و ۷۰K) شبیه‌سازی شد. همچنین برای بررسی تأثیر روش ارزیابی روی صحت پیش‌بینی از سه روش BLUP، GBLUP و ssGBLUP استفاده شد.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۶/۱۲
تاریخ بازنگری: ۱۴۰۵/۰۶/۱۶
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۶/۱۷
تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۶/۲۲

یافته‌ها: مقایسه سناریوهای مختلف تعیین ژنوتیپ نشان داد که، تعیین ژنوتیپ غیرانتخابی (تعیین ژنوتیپ همه حیوانات) کمترین صحت پیش‌بینی را داشت. علاوه بر این، بیشترین و کمترین صحت پیش‌بینی به ترتیب مربوط به تعیین ژنوتیپ نرها و ماده‌ها بود. در تمامی حالت‌های مورد مقایسه با افزایش وراثت‌پذیری صحت پیش‌بینی نیز افزایش یافت. افزایش تراکم نشانگر از ۵۰K به ۷۰K به جز زمانی که وراثت‌پذیری پایین بود تأثیر چندانی بر افزایش صحت پیش‌بینی نداشت. همچنین در بین روش‌های مورد بررسی روش ssGBLUP عملکرد بهتری داشت.

کلیدواژه‌ها:
ارزیابی ژنتیکی،
تعیین ژنوتیپ،
شبیه‌سازی،
صحت،
گوسفند.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان داد که، می‌توان با تعیین ژنوتیپ و فنوتیپ انتخابی ضمن کاهش هزینه‌های انتخاب ژنومی به بالاترین صحت پیش‌بینی دست یافت. همچنین، می‌توان با استفاده از تراکم متوسط نشانگر و روش ssGBLUP صحت پیش‌بینی انتخاب ژنومی را در صفاتی با وراثت‌پذیری پایین نیز افزایش داد.

استناد: سیدشریفی، رضا؛ اسرافیلی تازه کند محمدیه، مریم؛ سیف دواتی، جمال؛ هدایت ایوریق، نعمت و محب الدینی، حسین (۱۴۰۵). ارزیابی تأثیر سناریوهای تعیین ژنوتیپ، وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر بر دقت پیش‌بینی انتخاب ژنومی در گوسفند. *یافته‌های نوین علوم دامی*، ۱ (۳)، ۲۱-۱.

<https://doi.org/10.22098/naas.2026.20837.1029>



۱. مقدمه

گوسفند و بز یکی از اولین موجوداتی هستند که حدود ۷ تا ۱۰ هزار سال پیش در منطقه‌ای به نام هلال حاصلخیز که شامل کشورهای مصر، فلسطین، لبنان، اردن، سوریه، عراق، ترکیه و ایران امروزی می‌باشد، اهلی شدند (Alberto و همکاران، ۲۰۱۸). یکی از مهم‌ترین ویژگی‌هایی که باعث شد تا توجه انسان به اهلی کردن گوسفند و بز جلب شود، اندازه‌ی بدن آن‌ها بود. همین مشخصه‌ی مهم گوسفند باعث شد تا مدیریت آن راحت‌تر باشد، چون نسبت به حیوانات بزرگ جثه زودتر به بلوغ می‌رسیدند؛ در نتیجه نرخ تکثیر آن‌ها بالاتر بود و سریع‌تر زاد و ولد می‌کردند (Mazinani و Rude، ۲۰۲۰).

برنامه‌های انتخاب در اصلاح نژاد نشخوارکنندگان کوچک (گوسفند و بز)، مدت‌ها بر اساس داده‌های فنوتیپی و مدل‌های مبتنی بر شجره بودند. محدودیت‌های ارزیابی ژنتیکی سنتی، باعث شد تا محققین به دنبال دستیابی روش‌های مناسب و منابع اطلاعاتی جدید و پیامد آن بهبود و تقویت، روش‌های سنتی جهت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در دام‌ها باشند، تا میزان پیشرفت ژنتیکی در گله‌ها با روند سریع‌تر و در راستای اهداف اصلاح دام بهبود یابد (Meuwissen و همکاران، ۲۰۱۶). پیشرفت‌های سریع در فناوری‌های مولکولی به ویژه انتخاب ژنومی^۱ (GS) و مطالعات ارتباط گسترده ژنومی (GWAS) مانند سایر زمینه‌های بیولوژیکی، دیدگاه اساساً جدیدی را به اصلاح نژاد دام معرفی کردند. اجرای انتخاب ژنومی باعث کاهش فاصله نسلی و شناسایی زود هنگام حیوانات با صفات اقتصادی برتر می‌شود (Bozca و Özdemir، ۲۰۲۵). ارزیابی ژنومی در حال حاضر در گوسفند گوشتی در نیوزلند و استرالیا، گوسفند شیری در فرانسه و در بز در فرانسه و بریتانیا اجرا شده است (Nel و همکاران، ۲۰۲۳).

انتخاب ژنومی به طور گسترده در برنامه‌های اصلاح نژاد دام در بین گونه‌ها اجرا می‌شود. پتانسیل آن برای اصلاح نژاد گوسفند نیز مشهود است. با توجه به اهمیت که گوسفندان در امنیت غذایی و تعهدات اجتماعی-فرهنگی کشاورزان دارند، برای اینکه یک فناوری اصلاحی مانند انتخاب ژنومی در پرورش گوسفند توسعه یابد، محدودیت‌های متعددی دارد (Molina-Flores و همکاران، ۲۰۲۰؛ Tilahun و Derby، ۲۰۲۳). با وجود این که هزینه

توالی‌یابی ژنوم به‌طور پیوسته در حال کاهش است، هزینه گران تعیین ژنوتیپ همه افراد در یک جمعیت بزرگ، از جمله این محدودیت‌ها است. تراشه SNP، که ابزاری قدرتمند برای استفاده در مطالعات ژنتیکی است، یک فناوری تعیین ژنوتیپ ارزان‌تر است. یک تراشه SNP تجاری ۵۰K برای تعیین ژنوتیپ گوسفند در سال ۲۰۰۹ در دسترس قرار گرفت، که ابزاری چندمنظوره، ماهر و مقرون به صرفه برای تشخیص نشانه‌های انتخاب در ژنوم گوسفند ارائه داد (Gershoni و همکاران، ۲۰۲۲؛ Zhao و همکاران، ۲۰۱۶).

صحت انتخاب حیوانات اصلاحی تحت تأثیر صحت ارزش اصلاحی تخمینی^۲ (EBV) است (Van der Werf و همکاران، ۲۰۱۴). از طرفی، صحت GS می‌تواند با اعمال اطلاعات SNP توانایی پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنومی تخمینی^۳ (GEBV) را افزایش دهد. مطالعات مختلف بهبود صحت GEBV، افزایش ژنتیکی، صحت انتخاب و کاهش فاصله نسلی برای صفات اقتصادی را گزارش کردند (Simianer و Ibañez-Escriche، ۲۰۱۶؛ Meuwissen و همکاران، ۲۰۱۶؛ VanRaden، ۲۰۲۰). کارایی GS در دام به صحت پیش‌بینی GEBV‌ها بستگی دارد. قابلیت اطمینان پیش‌بینی ژنومی تحت تأثیر عوامل مختلفی، از جمله ویژگی‌های خاص صفت مورد نظر (وراثت‌پذیری، معماری ژنتیکی، تعداد و توزیع ژن‌ها و عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرهای پیش‌بینی و QTL)، ویژگی‌های جمعیت و طراحی جمعیت مرجع توالی‌یابی شده (اندازه، نسبت جنسی یا رابطه افراد ژنوتیپ‌شده در آن‌ها، با کاندیداهای انتخاب و با کل جمعیت؛ روش‌های پیش‌بینی قرار دارد (Gao و همکاران، ۲۰۱۲؛ Lund و همکاران، ۲۰۱۶؛ van den Berg و همکاران، ۲۰۲۰؛ Swalve و Schöpke، ۲۰۱۶).

شبیه‌سازی نقش مهمی در مطالعات GS داشته و خواهد داشت. مطالعات شبیه‌سازی به شناسایی پیامدهای طرح انتخاب، پیش‌بینی تغییرات آینده پارامترهای ژنتیکی، استراتژی‌های مؤثر بر پیشرفت ژنتیکی و حفظ تنوع ژنتیکی، که اغلب با داده‌های واقعی ممکن نیست، کمک می‌کند (VanRaden، ۲۰۰۸). استفاده از شبیه‌سازی برای مقایسه روش‌های آماری به دلیل امکان مقایسه با ارزش‌های اصلاحی واقعی شبیه‌سازی شده از اهمیت زیادی برخوردار است (Daetwyler و Pryce، ۲۰۱۲). اجرای GS با شبیه‌سازی در چندین گونه دام نتایج مفیدی داشت از جمله

³ Genomic Estimated Breeding Value (GEBV)

¹ Genomic Selection (GS)

² Estimated Breeding Value (EBV)

تعداد نرها و ماده‌ها ثابت می‌ماند (۲۰۰ نفر) و سیستم جفت‌گیری بر اساس اتحاد تصادفی گامت‌ها است.

در مرحله دوم، با انتخاب اولیه ۱۰۰ نر و ماده بنیان‌گذار از آخرین نسل جمعیت تاریخی و هر حیوان به طور تصادفی برای هشت نسل دیگر جفت‌گیری کرد، گسترش جمعیت ایجاد شد. در مرحله سوم، برای بزرگ کردن جمعیت، دو نژاد شبیه‌سازی شد، برای هر نژاد ۳۰ نسل با دو نتاج برای هر ماده شبیه‌سازی شد. جفت‌گیری بر اساس اتحاد تصادفی گامت‌ها و بدون انتخاب بود. در مرحله چهارم، ۱۵ نسل اخیر شبیه‌سازی شدند. پارامترهای مورد استفاده در نسل‌های اخیر برای تقلید از یک سیستم تولید عملی دو فرزند برای هر میش در سال، ۵۰٪ فرزندان نر و ماده، فقط حیواناتی که بیشترین EBV^2 دارند برای پرورش انتخاب شدند. علاوه بر این، جفت‌گیری نرها و ماده‌ها بطور تصادفی بوده و حذف حیوانات بر اساس سن آن‌ها بود. سناریوهای مختلف ژنوتیپ و فنوتیپ برای افراد این مرحله اعمال شد.

۱.۲. شبیه‌سازی ژنوم:

ژنومی شامل ۲۶ جفت کروموزوم با طول کلی ۲۴۴۹ cM، که بطور مساوی در طول ژنوم توزیع شده و ۸۰۰ QTL شبیه‌سازی شد. تعدادی از QTLها برای تولید ۸۰۰ مکان^۳ تفکیک شامل دوآل با $MAF > 0.1$ ، که بطور تصادفی در سراسر ژنوم توزیع شده بودند، انتخاب شدند. اثرات آلی افزایشی به‌طور تصادفی از توزیع گاما با پارامتر شکل برابر با ۰/۴ نمونه‌برداری شد. نرخ جهش مکرر^۴ 10^{-5} تا $2/5 \times 10^{-5}$ برای هر دو نشانگر و QTL برای ایجاد تعادل جهش-رانس در نسل‌های تاریخی در نظر گرفته شد (۱۰ تکرار شبیه‌سازی) (جدول ۱).

جدول ۱. پارامترهای فرآیند شبیه‌سازی

Table 1. Parameters of the simulation process

ساختار جمعیت	
Population structure	
مرحله ۱: نسل‌های تاریخی (HG)	
Step 1: Historical generations (HG)	
تعداد نسل‌ها (تعداد افراد)	1000(1000)
Number of generations (size)	
Phase 1	
تعداد نسل‌ها (تعداد افراد)	200(2020)
Number of generations (size)	
Phase 2	
مرحله ۲: تشکیل نژاد (BF)	
Step 2: Expanded generations (EG)	
تعداد نرها از جمعیت بنیانگذار HG	100
Number of founder males from HG	

کاهش فاصله نسلی و افزایش صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی به‌ویژه در حیواناتی که داده‌های فنوتیپی ندارند (VanRaden و همکاران، ۲۰۰۹؛ Simianer و Ibañez-Escriche، ۲۰۱۶؛ Granado-Tajada و همکاران، ۲۰۲۰؛ VanRaden، ۲۰۲۰). همه مطالعات مزایای استفاده از GS را در گوسفند گزارش کردند و نشان دادند که GS می‌تواند جایگزینی عملی برای رویکردهای انتخاب سنتی باشد.

پرورش‌دهندگان گوسفند سرمایه‌گذاری زیادی در بهبود ژنتیکی ندارند، همچنین به دلیل اینکه تنها بخش کوچکی از مزایای کلی بهبود ژنتیکی به اصلاح‌کننده باز می‌گردد، بنابراین، پرورش‌دهندگان به دنبال بهبود ژنتیکی با کمترین هزینه هستند. در نتیجه باید این موضوع را درک کنند که GS با صحت کافی و هزینه معقول امکان‌پذیر است. برای حل این مشکل، مطالعات زیادی بر روی طراحی استراتژی‌های تعیین ژنوتیپ برای بهینه‌سازی انتخاب افراد برای ژنوتیپ متمرکز شده است. بنابراین، با توجه به اهمیت ترکیب جمعیت ژنوتیپ شده در صحت ارزیابی‌های ژنتیکی (Clark و همکاران، ۲۰۱۲) و همچنین هزینه‌های تعیین ژنوتیپ، دانستن بهترین استراتژی تعیین ژنوتیپ با بالاترین صحت پیش‌بینی قبل از تعیین ژنوتیپ می‌تواند صنعت گوسفند را به استفاده از GS تشویق کند. با توجه به محدودیت‌های موجود در دسترسی به داده‌های ژنومی و همچنین به دلیل محدودیت‌های مالی داده‌های ژنومی مورد نیاز با استفاده از سوابق موجود و نرم‌افزارها در دسترس، همچنین تأثیری که روش‌های مختلف انتخاب ژنومی و وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر روی صحت پیش‌بینی ژنومی دارد. این پژوهش با هدف ارزیابی سناریوهای تعیین ژنوتیپ روی صحت پیش‌بینی با روش‌های مختلف انتخاب ژنومی با سطوح مختلف وراثت‌پذیری و تراکم مختلف نشانگر در گوسفند با استفاده از شبیه‌سازی انجام شد.

۲. مواد و روش‌ها

جمعیتی از گوسفند با استفاده از نرم‌افزار QMSim، بر اساس روش forward-in-time شبیه‌سازی شد (Schenkel و Sargolzaei، ۲۰۰۹). ابتدا ۱۰۰۰ نسل با اندازه ثابت ۱۰۰۰ نفر شبیه‌سازی شد. پس از آن، ۲۰۲۰ نسل تاریخی با کاهش تدریجی در اندازه جمعیت از ۱۰۰۰ به ۲۰۰ نفر برای ایجاد LD اولیه و ایجاد تعادل جهش-رانس^۱ در نسل‌های تاریخی شبیه‌سازی شدند.

³ Loci

⁴ Recurrent Mutation Rate

¹ Mutation-drift

² Estimated Breeding Value (EBV)

۲.۲. سناریوها:

برای ارزیابی تأثیر سناریوهای مختلف تعیین ژنوتیپ، پنج سناریوی تعیین ژنوتیپ شامل، چهار سناریوی تعیین ژنوتیپ (G4-G1) در کنار یک سناریو مرجع (BLUP) که در آن هیچ ژنوتیپی در نظر گرفته نشد، شبیه‌سازی شد. در تمام سناریوها، فرض بر این بود که داده‌های فنوتیپی و شجره برای تعداد ۱۵ نسل در دسترس است و حیوانات می‌توانند از نسل هفتم به بعد تعیین ژنوتیپ شوند. معیار مقایسه سناریوها، صحت انتخاب در کاندیداهای انتخاب در ۱۵ نسل اخیر بود. سناریوهای تعیین ژنوتیپ و فنوتیپ بطور مفصل در زیر ارائه شده است.

سناریوهای ژنوتیپی: شامل پنج سناریوی تعیین ژنوتیپ

به شرح زیر بود:

۱) **BLUP** (سناریو مرجع): این سناریو برای ارزیابی پیامدهای انتخاب سنتی، بر اساس پیش‌بینی‌های به دست آمده با توجه به رکوردهای فنوتیپی و اطلاعات شجره‌ای در پانزده نسل اخیر انجام شد.

۲) **G1**: همه حیوانات پانزده نسل اخیر تعیین ژنوتیپ شدند.
۳) **G2**: ۱۰۰۰۰ میش بطور تصادفی از پانزده نسل اخیر تعیین ژنوتیپ شدند.

۴) **G3**: ۱۰۰۰۰ کاندید انتخاب از هر دو جنس نر و ماده بطور تصادفی از پانزده نسل اخیر تعیین ژنوتیپ شدند.

۵) **G4**: ۱۰۰۰۰ قوچ بطور تصادفی از پانزده نسل اخیر تعیین ژنوتیپ شدند.

سناریوهای فنوتیپی: در هر سناریوی ژنوتیپی، برای

بررسی تأثیر رکورد فنوتیپی بر صحت پیش‌بینی بر اساس سه فرض، سناریوهای تعیین فنوتیپ متفاوتی در نظر گرفته شد که در آن درصد رکورد فنوتیپی ۲۰، ۶۰ و ۱۰۰ درصد بود. فرضیات شامل وجود رکورد فنوتیپی برای هر دو جنس نر و ماده، فقط برای جنس ماده و فقط برای جنس نر بود. حالت‌های فنوتیپی بر اساس فرضیات در زیر ارائه شده است:

حالت ۱: ۱۰۰٪ حیوانات (نر و ماده) رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۲: ۶۰٪ حیوانات (نر و ماده) رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۳: ۲۰٪ حیوانات (نر و ماده) رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۴: ۱۰۰٪ حیوانات ماده رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۵: ۶۰٪ حیوانات ماده رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۶: ۲۰٪ حیوانات ماده رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۷: ۱۰۰٪ حیوانات نر رکورد فنوتیپی دارند.

تعداد ماده‌ها از جمعیت بنیانگذار HG	100
Number of founder females from HG	
تعداد نسل	8
Number of generations	
تعداد نتاج هر ماده	5
Number of progenies per dam	
انتخاب و طرح آمیزشی	Random
Selection and mating	
مرحله ۳: گسترش نسل (EG)	
Step 3: Breed formation (BF)	
تعداد نرها و ماده‌ها BF برای هر ۲ نژاد	100/100
Number of males/females from BF for all 2 breeds	
تعداد نسل	30
Number of generations	
تعداد نتاج هر ماده	2
Number of progenies per dam	
انتخاب و طرح آمیزشی	Random
Selection and mating	
مرحله ۴: نژادهای A و B	
Step 4: Breeds A, and B	
تعداد نرها/ ماده‌های A	100/100
Number of males/females from A	
تعداد نرها/ ماده‌های B	100/100
Number of males/females from B	
انتخاب	High EBV
Selection	
طرح آمیزشی	Random
Mating system	
تعداد نسل	15
Number of generations	
تعداد نتاج برای هر ماده	1
Number of progenies per dam	
ژنوم	
Genome	
تعداد کروموزوم	26
Number of chromosomes	
تعداد SNPها	10K, 50K, 70K
Number of SNPs	
توزیع SNP	Evenly spaced
SNP distribution	
تعداد QTL	800
Number of QTL	
توزیع QTL	Random
QTL distribution	
MAF of SNPs	0.1
MAF of QTL	0.1
اثر آلل‌های QTL	Gamma
Additive allelic effects for QTL	
نرخ جهش مکرر	2.5×10^{-5}
Rate of recurrent mutation	

HG: نسل تاریخی، BF: تشکیل نژاد، EG: نسل گسترش‌یافته، MAF:

فراوانی آلل‌های جزئی

HG: Historical Generation, BF: Breed Formation, EG: Expanded Generation, MAF: Minor Allele Frequencies

مولکولی جایگزین ماتریس خویشاوندی شجره‌ای می‌شود و درایه مربوط به جفت حیواناتی که ژنوتیپ‌های یکسان بیشتری داشته و در نتیجه شباهت ژنومی بالاتری دارند بزرگ‌تر می‌باشد. خویشاوندی ژنومی از رابطه زیر [۴] محاسبه شد:

$$G = \frac{ZZ}{2 \sum p_i(1 - p_i)} \quad [4]$$

که در این رابطه p_i فراوانی آلل دوم در جایگاه i ام و Z ماتریس حاصل از تفاضل p از M می‌باشد که $p = 2 \sum (p_i - 0.5)$ و M ماتریس کدهای ژنوتیپی به صورت ۱، ۰ و -۱ برای هموزیگوت اول، هتروزیگوت و هموزیگوت دوم می‌باشد.

مدل ssGBLUP: در روش سوم مدل پیش‌بینی ناریب خطی ژنومی تک‌مرحله‌ای ssGBLUP استفاده شد. در ssGBLUP معکوس ماتریس خویشاوندی عددی (A^{-1}) با H^{-1} که ترکیبی از خویشاوندی شجره‌ای و ژنوم است، جایگزین شد (Misztal و همکاران، ۲۰۰۹). H^{-1} بر اساس رابطه [۵] ایجاد شد (Aguilar و همکاران، ۲۰۱۰):

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix} \quad [5]$$

که در رابطه [۴]، A_{22}^{-1} معکوس ماتریس خویشاوندی شجره‌ای بین دام‌های تعیین ژنوتیپ‌شده و G^{-1} معکوس ماتریس خویشاوندی ژنومی می‌باشد. خویشاوندی ژنومی از طریق رابطه [۶] محاسبه شد (VanRaden, ۲۰۰۸):

$$G = \frac{(M - P)(M - P)'}{2 \sum_{j=1}^m P_j(1 - P_j)} \quad [6]$$

که M ماتریس آلل‌های نشانگر با m ستون (m = تعداد کل نشانگر) و n ردیف (n = تعداد کل افراد تعیین ژنوتیپ شده است)، P ماتریس فراوانی آلل دوم (P_j) که به صورت $2P_j$ نشان داده می‌شود. M ماتریس کدهای ژنتیکی به صورت ۱، ۰ و -۱ برای هموزیگوت اول، هتروزیگوت و هموزیگوت دوم است.

۳. نتایج و بحث

در این پژوهش صحت پیش‌بینی GEBV را تحت سناریوهای مختلف روش‌های ارزیابی، سطوح وراثت‌پذیری و

حالت ۸: ۶۰٪ حیوانات نر رکورد فنوتیپی دارند.

حالت ۹: ۲۰٪ حیوانات نر رکورد فنوتیپی دارند.

۳.۲. شبیه‌سازی فنوتیپ و ارزش ژنتیکی:

با در نظر گرفتن واریانس فنوتیپی ۱، صفاتی با وراثت‌پذیری ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ شبیه‌سازی شد. ارزش اصلاحی واقعی TBV^1 برای هر حیوان طبق معادله زیر محاسبه شد [۱]:

$$TBV_k = \sum_{j=1}^{n. of QTL} \beta_j \cdot Q_{kj} \quad [1]$$

که در معادله [۱]، β_j اثر افزایشی QTL (j) و Q_{kj} ژنوتیپ QTL در لوکوس j است، که به صورت صفر، ۱ یا ۲ کدگذاری شده و تعداد کپی‌های آللی QTL که حیوان k حمل می‌کند. فنوتیپ صفت با فرمول [۲] شبیه‌سازی شد:

$$y_i = TBV_i + \varepsilon_i \quad [2]$$

که y_i فنوتیپ حیوان i ام و TBV ارزش اصلاحی واقعی حیوان i ام است، ε_i باقیمانده تصادفی است که بطور نرمال با واریانس σ_e^2 توزیع شده است. همچنین وراثت‌پذیری صفات به ترتیب (h^2) ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ در نظر گرفته شد.

۴.۲. ارزیابی ژنتیکی:

مدل BLUP: در روش اول، مدل BLUP تک صفتی مورد استفاده قرار گرفت. برای برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از اطلاعات شجره و فنوتیپ، از مدل حیوانی زیر [۳] استفاده شد:

$$y = 1\mu + Za + e \quad [3]$$

که y بردار ارزش‌های فنوتیپی، μ بردار اثرات ثابت (میانگین کل)، Z ماتریس ضرایب که مشاهدات را به اثرات ثابت مرتبط می‌کند، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی و e بردار اثرات تصادفی باقیمانده است. فرض بر این است که اثرات تصادفی مستقل و دارای توزیع نرمال هستند:

$$e \sim N(0, I\sigma_e^2) \quad a \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

که A ماتریس خویشاوندی شجره‌ای و σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی، I ماتریس واحد و σ_e^2 واریانس باقیمانده است.

مدل GBLUP: در روش دوم از GBLUP استفاده شد. این روش مشابه ارزیابی BLUP در مدل‌های هندرسون است با این تفاوت که ماتریس خویشاوندی ژنومی ساخته شده از اطلاعات

¹ True Breeding Value

میانگین صحت روش BLUP و بر اساس ماده‌ها و نرها به ترتیب ۰/۳۱، ۰/۳۴ و ۰/۳۴ بود. برای وراثت‌پذیری ۰/۵ میانگین صحت ۰/۳۳، ۰/۳۷ و ۰/۳۶ به ترتیب برای روش BLUP و بر اساس ماده‌ها و نرها بود. میانگین صحت با روش BLUP به جزء در وراثت‌پذیری ۰/۵ که تفاوت ناچیزی بین ماده‌ها و نرها وجود داشت، تفاوتی بین ماده‌ها و نرها وجود نداشت.

تراکم نشانگرها در گوسفند شبیه‌سازی شده بررسی شد. در روش BLUP ارزش‌های اصلاحی با استفاده فنوتیپ و شجره برآورد شد. صحت پیش‌بینی با روش BLUP بر اساس وراثت‌پذیری‌های مختلف در جدول ۲ آورده شده است. میانگین صحت روش BLUP و بر اساس ماده‌ها و نرها برای وراثت‌پذیری ۰/۱ به ترتیب برابر ۰/۲۷، ۰/۳۱ و ۰/۳۱ بود. در وراثت‌پذیری ۰/۳

جدول ۲. صحت پیش‌بینی بر اساس روش BLUP بر اساس وراثت‌پذیری‌های مختلف

Table 2- Prediction accuracy based on BLUP method based on different heritabilities

وراثت‌پذیری Heritability	حالات Cases	BLUP	F BLUP*	M BLUP*
0.1	Case 1	0.35±0.001	0.39±0.004	0.39±0.001
	Case 2	0.30±0.004	0.34±0.013	0.32±0.005
	Case 3	0.24±0.014	0.25±0.011	0.27±0.017
	Case 4	0.31±0.003	0.35±0.001	0.35±0.003
	Case 5	0.29±0.002	0.32±0.002	0.35±0.011
	Case 6	0.26±0.006	0.30±0.012	0.31±0.005
	Case 7	0.27±0.015	0.31±0.001	0.30±0.003
	Case 8	0.22±0.011	0.29±0.003	0.28±0.003
	Case 9	0.21±0.003	0.26±0.006	0.28±0.006
0.3	Case 1	0.43±0.002	0.43±0.006	0.41±0.001
	Case 2	0.34±0.013	0.36±0.013	0.35±0.003
	Case 3	0.26±0.006	0.25±0.003	0.28±0.001
	Case 4	0.34±0.002	0.38±0.004	0.37±0.005
	Case 5	0.32±0.004	0.35±0.013	0.35±0.001
	Case 6	0.31±0.011	0.33±0.011	0.34±0.004
	Case 7	0.31±0.002	0.34±0.003	0.33±0.002
	Case 8	0.23±0.013	0.31±0.011	0.30±0.002
	Case 9	0.22±0.002	0.30±0.003	0.29±0.011
0.5	Case 1	0.45±0.001	0.44±0.004	0.44±0.005
	Case 2	0.36±0.004	0.37±0.001	0.41±0.001
	Case 3	0.27±0.012	0.31±0.004	0.31±0.013
	Case 4	0.36±0.003	0.39±0.003	0.38±0.003
	Case 5	0.33±0.013	0.36±0.001	0.37±0.002
	Case 6	0.31±0.011	0.37±0.005	0.34±0.004
	Case 7	0.32±0.003	0.39±0.011	0.34±0.003
	Case 8	0.29±0.004	0.36±0.005	0.31±0.002
	Case 9	0.27±0.006	0.33±0.013	0.30±0.001

F BLUP* صحت پیش‌بینی بر اساس روش BLUP در ماده‌ها؛ M BLUP* صحت پیش‌بینی بر اساس روش BLUP در نرها

F BLUP* Prediction accuracy based on BLUP method in females; M BLUP* Prediction accuracy based on BLUP method in males

شده محاسبه می‌کند و به دلیل اینکه تراکم نشانگر، نمونه‌برداری مندلی را در سراسر ژنوم ثبت می‌کند، نسبت به BLUP مزایایی دارد. GBLUP یک روش ساده با نیازهای محاسباتی کم است (Habier و همکاران، ۲۰۰۷). میانگین صحت GBLUP بر اساس وراثت‌پذیری‌های ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ برای تراکم نشانگر ۱۰K به ترتیب برابر با ۰/۲۷، ۰/۳۰ و ۰/۳۲، برای تراکم نشانگر ۵۰K به ترتیب برابر با ۰/۳۴، ۰/۳۲ و ۰/۳۴ و برای تراکم نشانگر ۷۰K به ترتیب برابر با ۰/۳۶، ۰/۳۳ و ۰/۳۴ بود.

صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش GBLUP و سطوح مختلف تراکم نشانگرها و وراثت‌پذیری‌ها در جداول ۳ تا ۶ آورده شده است. استفاده از اطلاعات ژنومی باعث افزایش صحت در تمامی سناریوها در مقایسه با روش BLUP شد. برخی پژوهشگران روش GBLUP را که از اطلاعات ژنومی به شکل ماتریس رابطه ژنومی استفاده و کوواریانس ژنتیکی افزایشی بین افراد را توصیف می‌کند، برای ارزیابی‌های ژنومی پیشنهاد کردند. GBLUP مقادیر ژنومی مستقیم (DGV) را برای افراد ژنوتیپ

جدول ۳. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش GBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۱

Table 3. Accuracy of genomic prediction using the GBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.1

تراکم نشانگر Marker Density	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ* Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.35±0.004	0.30±0.002	0.20±0.001	0.30±0.003	0.26±0.003	0.23±0.003	0.21±0.003	0.18±0.013	0.15±0.003
	G2	0.29±0.001	0.27±0.011	0.25±0.004	0.27±0.004	0.24±0.001	0.21±0.005	0.23±0.004	0.20±0.001	0.18±0.001
	G3	0.35±0.005	0.30±0.002	0.29±0.005	0.37±0.007	0.32±0.012	0.31±0.004	0.27±0.001	0.23±0.004	0.20±0.003
	G4	0.36±0.003	0.31±0.003	0.30±0.013	0.34±0.014	0.30±0.010	0.26±0.001	0.28±0.003	0.25±0.002	0.24±0.005
50K	G1	0.38±0.001	0.35±0.011	0.23±0.001	0.35±0.004	0.35±0.001	0.32±0.002	0.23±0.005	0.21±0.011	0.19±0.005
	G2	0.39±0.003	0.35±0.004	0.32±0.002	0.39±0.001	0.35±0.004	0.34±0.014	0.34±0.004	0.32±0.003	0.30±0.006
	G3	0.42±0.002	0.37±0.003	0.35±0.004	0.40±0.003	0.36±0.010	0.32±0.005	0.32±0.003	0.27±0.001	0.25±0.005
	G4	0.47±0.001	0.40±0.005	0.32±0.011	0.42±0.005	0.39±0.006	0.36±0.002	0.38±0.001	0.36±0.006	0.34±0.003
70K	G1	0.39±0.004	0.36±0.004	0.25±0.003	0.36±0.001	0.35±0.003	0.33±0.013	0.24±0.004	0.22±0.003	0.20±0.003
	G2	0.40±0.001	0.37±0.006	0.34±0.001	0.40±0.003	0.38±0.004	0.35±0.001	0.33±0.011	0.31±0.002	0.30±0.002
	G3	0.42±0.011	0.39±0.001	0.37±0.003	0.41±0.005	0.38±0.001	0.35±0.004	0.33±0.005	0.31±0.011	0.30±0.011
	G4	0.48±0.003	0.45±0.15	0.41±0.001	0.44±0.003	0.40±0.011	0.38±0.005	0.39±0.001	0.36±0.004	0.35±0.006

G1: همه حیوانات، G2: ۱۰۰۰۰ میش، G3: ۱۰۰۰۰ میش و قوچ و G4: ۱۰۰۰۰ قوچ بطور تصادفی از ۱۵ نسل اخیر تعیین ژنوتیپ می‌شوند.

G1: All animals, G2: 10000 ewes, G3: 10000 ewes and rams, and G4: 10000 rams randomly genotyped from the last 15 generations.

جدول ۴. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش GBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۳

Table 4. Accuracy of genomic prediction using the GBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.3

تراکم نشانگر Marker Density	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.37±0.005	0.33±0.013	0.30±0.005	0.34±0.006	0.31±0.011	0.29±0.001	0.27±0.003	0.24±0.005	0.20±0.001
	G2	0.30±0.013	0.28±0.002	0.26±0.003	0.28±0.003	0.26±0.006	0.23±0.005	0.25±0.005	0.23±0.011	0.20±0.010
	G3	0.37±0.001	0.34±0.004	0.32±0.004	0.36±0.001	0.34±0.005	0.32±0.012	0.32±0.001	0.31±0.003	0.24±0.014
	G4	0.38±0.005	0.34±0.005	0.32±0.003	0.36±0.003	0.32±0.003	0.31±0.004	0.30±0.001	0.28±0.004	0.25±0.003
50K	G1	0.34±0.005	0.32±0.003	0.21±0.005	0.33±0.004	0.31±0.005	0.30±0.001	0.21±0.002	0.20±0.005	0.17±0.004
	G2	0.37±0.001	0.34±0.005	0.30±0.001	0.36±0.006	0.33±0.013	0.32±0.005	0.32±0.003	0.30±0.006	0.26±0.011
	G3	0.40±0.006	0.36±0.010	0.34±0.014	0.39±0.001	0.34±0.003	0.30±0.006	0.30±0.005	0.26±0.004	0.23±0.003
	G4	0.44±0.005	0.37±0.003	0.30±0.003	0.39±0.005	0.36±0.001	0.33±0.002	0.33±0.013	0.32±0.003	0.30±0.005
70K	G1	0.36±0.003	0.35±0.004	0.23±0.013	0.34±0.014	0.32±0.012	0.31±0.011	0.22±0.012	0.20±0.001	0.18±0.001
	G2	0.37±0.005	0.36±0.006	0.31±0.005	0.37±0.007	0.34±0.002	0.34±0.005	0.33±0.005	0.31±0.011	0.27±0.002
	G3	0.45±0.002	0.38±0.001	0.35±0.001	0.40±0.001	0.36±0.003	0.31±0.003	0.30±0.001	0.27±0.005	0.26±0.003
	G4	0.45±0.001	0.38±0.003	0.31±0.004	0.41±0.011	0.37±0.007	0.34±0.006	0.34±0.003	0.33±0.003	0.31±0.011

جدول ۵. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش GBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۵

Table 5. Accuracy of genomic prediction using the GBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.5

تراکم نشانگر Marker Density	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.37±0.001	0.35±0.004	0.33±0.002	0.35±0.005	0.33±0.003	0.31±0.005	0.31±0.003	0.27±0.004	0.24±0.003
	G2	0.33±0.013	0.31±0.003	0.30±0.003	0.30±0.001	0.29±0.005	0.27±0.005	0.32±0.002	0.30±0.003	0.29±0.001
	G3	0.39±0.002	0.36±0.003	0.35±0.011	0.37±0.002	0.35±0.003	0.34±0.001	0.35±0.005	0.33±0.005	0.31±0.011
	G4	0.39±0.011	0.35±0.001	0.33±0.002	0.36±0.003	0.33±0.004	0.32±0.012	0.31±0.004	0.30±0.002	0.26±0.003
50K	G1	0.34±0.012	0.32±0.012	0.21±0.005	0.33±0.001	0.31±0.011	0.30±0.003	0.21±0.011	0.20±0.001	0.17±0.004
	G2	0.37±0.006	0.34±0.003	0.30±0.001	0.36±0.002	0.33±0.005	0.32±0.004	0.32±0.003	0.30±0.003	0.26±0.005
	G3	0.40±0.001	0.36±0.002	0.34±0.003	0.39±0.004	0.34±0.004	0.30±0.005	0.30±0.003	0.26±0.004	0.23±0.003
	G4	0.44±0.003	0.37±0.001	0.30±0.006	0.39±0.003	0.36±0.001	0.33±0.006	0.33±0.003	0.32±0.011	0.30±0.002
70K	G1	0.36±0.005	0.35±0.003	0.23±0.002	0.34±0.005	0.32±0.003	0.31±0.011	0.22±0.001	0.20±0.003	0.18±0.004
	G2	0.37±0.001	0.36±0.006	0.31±0.011	0.37±0.003	0.34±0.005	0.34±0.002	0.33±0.005	0.31±0.001	0.27±0.002
	G3	0.41±0.013	0.38±0.001	0.35±0.001	0.40±0.001	0.36±0.001	0.31±0.003	0.30±0.006	0.27±0.005	0.26±0.003
	G4	0.45±0.005	0.38±0.003	0.31±0.005	0.41±0.011	0.37±0.002	0.34±0.005	0.34±0.004	0.33±0.004	0.31±0.001

افزایش تراکم نشانگر از ۱۰K به ۷۰K بیشترین تأثیر را روی بهبود صحت پیش‌بینی صفتی با وراثت‌پذیری ۰/۱ داشت.

صحت پیش‌بینی‌های ژنومی تحت تأثیر وراثت‌پذیری صفت قرار می‌گیرد. در هر سه روش آماری مورد ارزیابی با افزایش سطح وراثت‌پذیری صحت پیش‌بینی نیز بهبود یافت. بیشترین صحت پیش‌بینی زمانی مشاهده شد که وراثت‌پذیری برابر با ۰/۵ بود و کمترین صحت پیش‌بینی زمانی مشاهده شد که وراثت‌پذیری برابر با ۰/۱ بود. صفت با وراثت‌پذیری بالاتر صحت پیش‌بینی بالاتری نسبت به صفت با وراثت‌پذیری پایین داشت. نشانگرها با وراثت‌پذیری پایین، واریانس ژنتیکی افزایشی کمی را توضیح می‌دهند، که منجر به کاهش صحت پیش‌بینی می‌شود (Goddard & Hayes، ۲۰۰۷). به دلیل سهم بیشتر ارزش‌های اصلاحی حیوانات در بروز رکوردهای فنوتیپی خود، در وراثت‌پذیری بالاتر و برآورد اثرات نشانگرها با استفاده از اطلاعات فنوتیپی صحت بیشتری مشاهده می‌شود. همچنین با افزایش وراثت‌پذیری ارتباط بین فنوتیپ و ارزش‌های اصلاحی افزایش می‌یابد (Kolbehdari و همکاران، ۲۰۰۷). بررسی‌های متعددی بهبود صحت پیش‌بینی در نتیجه افزایش وراثت‌پذیری را گزارش کردند، که با نتایج مطالعه ما مطابقت داشت (Nwogwugwu و همکاران، ۲۰۲۰؛ Kaseja و همکاران، ۲۰۲۳؛ Gowane و همکاران، ۲۰۱۸).

صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش ssGBLUP و سطوح مختلف تراکم نشانگرها و وراثت‌پذیری‌ها در جداول ۶ تا ۸ آورده شده است. برای روش ssGBLUP میانگین صحت با تراکم نشانگر ۱۰K برای وراثت‌پذیری‌های ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ برابر با ۰/۳۰، ۰/۳۳ و ۰/۳۴، برای تراکم نشانگر ۵۰K به ترتیب برابر با ۰/۳۶، ۰/۳۵ و ۰/۳۸ و برای تراکم نشانگر ۷۰K به ترتیب برابر با ۰/۳۷، ۰/۳۶ و ۰/۴۰ بود. نتایج افزایش صحت پیش‌بینی را با استفاده از روش ssGBLUP در مقایسه با روش GBLUP را نشان دادند. که نشان دهنده‌ی بهبود صحت GEBV‌های به‌دست آمده با استفاده از ssGBLUP را در مقایسه با GBLUP است، که با نتایج گزارش شده در داده‌های واقعی و شبیه‌سازی شده گوسفند مطابقت داشت (Seyedsharifi و همکاران، ۲۰۲۵؛ Martin و همکاران، ۲۰۲۴؛ Cesarani و همکاران، ۲۰۱۹).

میانگین صحت پیش‌بینی روش BLUP به ترتیب برای وراثت‌پذیری‌های ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ برابر با ۰/۲۷، ۰/۳۱ و ۰/۳۳ بود. میانگین صحت پیش‌بینی روش GBLUP برای وراثت‌پذیری ۰/۱، بین ۰/۲۷ تا ۰/۳۶، برای وراثت‌پذیری ۰/۳، بین ۰/۳۰ تا ۰/۳۳ و برای وراثت‌پذیری ۰/۵، بین ۰/۳۲ تا ۰/۳۴ متغیر بود. میانگین صحت پیش‌بینی روش ssGBLUP برای وراثت‌پذیری ۰/۱، بین ۰/۳۰ تا ۰/۳۷، برای وراثت‌پذیری ۰/۳، بین ۰/۳۳ تا ۰/۳۶ و برای وراثت‌پذیری ۰/۵، بین ۰/۳۴ تا ۰/۴۰ متغیر بود.

جدول ۶. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش ssGBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۱

Table 6. Accuracy of genomic prediction using the ssGBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.1

تراکم نشانگر	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.34±0.001	0.30±0.003	0.28±0.004	0.28±0.003	0.25±0.001	0.23±0.011	0.26±0.003	0.22±0.002	0.20±0.005
	G2	0.35±0.005	0.32±0.012	0.30±0.006	0.34±0.001	0.32±0.004	0.27±0.003	0.34±0.005	0.33±0.005	0.29±0.002
	G3	0.35±0.003	0.30±0.004	0.29±0.003	0.31±0.002	0.29±0.003	0.25±0.004	0.30±0.001	0.27±0.003	0.25±0.005
	G4	0.41±0.011	0.39±0.001	0.34±0.004	0.33±0.005	0.31±0.011	0.30±0.006	0.31±0.011	0.30±0.004	0.27±0.003
50K	G1	0.41±0.005	0.36±0.004	0.28±0.001	0.39±0.004	0.37±0.003	0.35±0.003	0.32±0.001	0.25±0.005	0.24±0.002
	G2	0.45±0.003	0.40±0.003	0.30±0.005	0.41±0.011	0.39±0.002	0.37±0.005	0.38±0.002	0.35±0.001	0.33±0.005
	G3	0.48±0.004	0.41±0.011	0.32±0.003	0.43±0.013	0.41±0.005	0.39±0.002	0.37±0.004	0.33±0.006	0.31±0.014
	G4	0.50±0.001	0.45±0.005	0.34±0.011	0.45±0.005	0.43±0.006	0.41±0.004	0.43±0.005	0.40±0.004	0.38±0.003
70K	G1	0.44±0.005	0.38±0.004	0.36±0.002	0.41±0.004	0.39±0.001	0.38±0.005	0.35±0.001	0.28±0.002	0.25±0.001
	G2	0.47±0.003	0.42±0.002	0.34±0.005	0.42±0.003	0.40±0.005	0.39±0.003	0.40±0.001	0.38±0.004	0.35±0.005
	G3	0.49±0.002	0.43±0.001	0.35±0.003	0.45±0.003	0.42±0.011	0.41±0.006	0.39±0.002	0.35±0.001	0.3±0.002
	G4	0.52±0.011	0.46±0.003	0.36±0.001	0.46±0.002	0.44±0.004	0.43±0.004	0.44±0.003	0.42±0.005	0.40±0.004

جدول ۷. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش ssGBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۳

Table 7. Accuracy of genomic prediction using the ssGBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.3

تراکم نشانگر	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.36±0.005	0.33±0.003	0.31±0.005	0.30±0.002	0.27±0.003	0.25±0.004	0.29±0.005	0.26±0.004	0.22±0.001
	G2	0.37±0.003	0.34±0.001	0.31±0.004	0.36±0.005	0.34±0.005	0.33±0.011	0.35±0.005	0.33±0.003	0.30±0.002
	G3	0.37±0.004	0.34±0.003	0.32±0.002	0.35±0.003	0.33±0.004	0.30±0.005	0.34±0.004	0.32±0.004	0.28±0.005
	G4	0.44±0.002	0.40±0.004	0.36±0.003	0.35±0.004	0.34±0.003	0.33±0.006	0.33±0.003	0.32±0.002	0.30±0.006
50K	G1	0.39±0.001	0.33±0.011	0.25±0.005	0.36±0.005	0.34±0.003	0.32±0.013	0.29±0.007	0.22±0.003	0.21±0.004
	G2	0.41±0.011	0.37±0.005	0.29±0.002	0.37±0.004	0.35±0.004	0.33±0.003	0.35±0.004	0.32±0.004	0.30±0.005
	G3	0.44±0.003	0.40±0.004	0.30±0.006	0.40±0.011	0.37±0.005	0.35±0.005	0.34±0.002	0.32±0.005	0.30±0.003
	G4	0.45±0.004	0.40±0.003	0.32±0.003	0.42±0.002	0.40±0.007	0.40±0.014	0.41±0.011	0.39±0.001	0.36±0.002
70K	G1	0.39±0.001	0.33±0.006	0.25±0.004	0.36±0.003	0.34±0.004	0.32±0.003	0.29±0.005	0.22±0.004	0.21±0.006
	G2	0.41±0.002	0.37±0.004	0.29±0.003	0.37±0.004	0.35±0.005	0.33±0.004	0.35±0.004	0.32±0.005	0.30±0.007
	G3	0.44±0.003	0.40±0.004	0.30±0.011	0.40±0.006	0.37±0.003	0.35±0.005	0.34±0.003	0.32±0.006	0.30±0.011
	G4	0.45±0.005	0.40±0.003	0.32±0.003	0.42±0.005	0.40±0.011	0.40±0.006	0.41±0.006	0.39±0.003	0.36±0.003

از آنجایی که روش‌های ارزیابی بطور قابل توجهی بر صحت پیش‌بینی تأثیر می‌گذارند، از سه روش BLUP، ssGBLUP و GBLUP برای تخمین صحت پیش‌بینی استفاده شد. تقریباً در تمام سناریوها و مواردی که از اطلاعات ژنومی استفاده شد، روش ssGBLUP صحت بالاتری از GBLUP داشت. طبق گفته Lourenco و همکاران، ۲۰۱۵، ssGBLUP نسبت به روش‌های ارزیابی سنتی مزیت دارد زیرا از فنوتیپ‌ها به جای شبه فنوتیپ‌ها

استفاده می‌کند و کل ساختار جمعیت را برای تخمین GEBV در نظر می‌گیرد. این روش برای انتخاب گوسفند، که فقط تعداد کمی از حیوانات دارای شجره و ژنوتیپ هستند، می‌تواند استفاده شود. برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از BLUP به فنوتیپ، والدین و نتایج بستگی دارد. اما، روش ssGBLUP نسبت به سناریوهایی که حیوانات بطور انتخابی ژنوتیپ می‌شوند و یا پیش‌انتخاب ژنومی در مقایسه با روش‌های چند مرحله‌ای وجود دارد، حساسیت کمتری

دارد. از اینرو، ssGBLUP در ارزیابی‌های مرسوم جذاب است (Masuda و همکاران، ۲۰۱۸).

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که صحت پیش‌بینی به‌دست آمده با روش‌های GBLUP و ssGBLUP در سطوح مختلف وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر در طول انتخاب در مقایسه با انتخاب فنوتیپی، EBV افزایش یافته است. با این حال، به جزء زمانی که وراثت‌پذیری صفت متوسط بود، افزایش تراکم نشانگر در هر دو روش صحت بالاتری را به همراه نداشت. صحت پیش‌بینی حاصل

از ssGBLUP در تمام سناریوها از صحت پیش‌بینی حاصل از روش GBLUP بهتر بود. مطالعه ما نشان می‌دهد که استفاده از ssGBLUP، انتخاب EBV و تراکم نشانگر پایین می‌تواند به بهبود دستاوردهای ژنتیکی در گوسفند کمک کند. که با نتایج گزارش شده در گاوهای گوشتی و گوسفند مطابقت داشت (Nwogwugwu و همکاران، ۲۰۲۰؛ Granado-Tajada و همکاران، ۲۰۲۱).

جدول ۸. صحت پیش‌بینی ژنومی با استفاده از روش ssGBLUP با سطوح مختلف تراکم نشانگرها در وراثت‌پذیری ۰/۵
Table 8. Accuracy of genomic prediction using the ssGBLUP method with different levels of marker density at heritability 0.5

تراکم نشانگر	حالت‌های فنوتیپی Phenotypic Cases	حالت ۱	حالت ۲	حالت ۳	حالت ۴	حالت ۵	حالت ۶	حالت ۷	حالت ۸	حالت ۹
	سناریوهای ژنوتیپ Genotype Scenarios	Case1	Case2	Case3	Case4	Case5	Case6	Case7	Case8	Case9
10K	G1	0.41±0.004	0.36±0.004	0.28±0.013	0.39±0.001	0.37±0.003	0.35±0.004	0.32±0.003	0.25±0.004	0.24±0.006
	G2	0.45±0.005	0.40±0.006	0.30±0.005	0.41±0.012	0.39±0.005	0.37±0.003	0.38±0.003	0.35±0.002	0.33±0.003
	G3	0.48±0.003	0.41±0.003	0.32±0.006	0.43±0.004	0.41±0.010	0.39±0.001	0.37±0.002	0.33±0.004	0.31±0.005
	G4	0.50±0.002	0.45±0.004	0.34±0.004	0.45±0.004	0.43±0.004	0.41±0.005	0.43±0.004	0.40±0.006	0.38±0.002
50K	G1	0.41±0.003	0.35±0.005	0.27±0.003	0.38±0.003	0.37±0.003	0.35±0.004	0.35±0.003	0.25±0.004	0.23±0.005
	G2	0.43±0.011	0.39±0.002	0.31±0.002	0.39±0.004	0.37±0.004	0.36±0.003	0.37±0.004	0.35±0.010	0.32±0.004
	G3	0.46±0.004	0.41±0.011	0.32±0.005	0.42±0.002	0.39±0.002	0.37±0.004	0.37±0.002	0.35±0.004	0.32±0.003
	G4	0.48±0.003	0.43±0.002	0.35±0.004	0.45±0.001	0.42±0.005	0.42±0.006	0.43±0.006	0.42±0.006	0.39±0.001
70K	G1	0.41±0.004	0.35±0.004	0.23±0.004	0.34±0.006	0.32±0.003	0.31±0.013	0.22±0.003	0.20±0.007	0.18±0.005
	G2	0.37±0.003	0.36±0.005	0.31±0.005	0.37±0.005	0.34±0.001	0.34±0.005	0.33±0.005	0.31±0.005	0.27±0.006
	G3	0.41±0.005	0.38±0.003	0.35±0.003	0.40±0.007	0.36±0.004	0.31±0.014	0.30±0.006	0.27±0.003	0.26±0.005
	G4	0.45±0.004	0.38±0.001	0.31±0.002	0.41±0.006	0.37±0.005	0.34±0.006	0.34±0.004	0.33±0.004	0.31±0.003

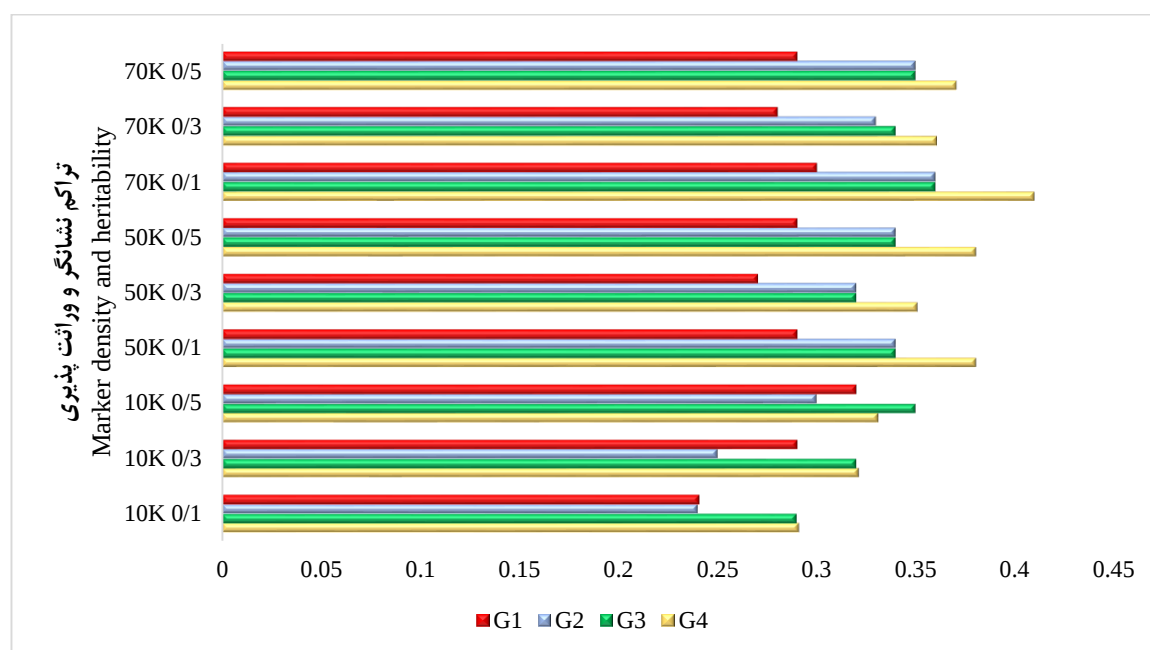
استفاده می‌نمایند، یک مزیت است (Carillier و همکاران، ۲۰۱۴).

یکی از چالش‌های به کارگیری GS در عمل این است که کاندیداهای انتخاب زیادی وجود دارد و ژنوتیپ‌بندی همه آن‌ها اغلب غیرعملی است. سناریوهای ژنوتیپی فقط باید نسبت‌های کوچکی از کاندیداهای انتخاب را تعیین ژنوتیپ کنند که مورد استقبال اصلاح‌گران قرار گرفته است، زیرا نتایج نشان داده است که سرمایه‌گذاری‌های قابل توجه در تعیین ژنوتیپ کاندیداهای انتخاب برای بهره‌برداری کامل از مزایای انتخاب ژنومی ضروری نیست (Pryce & Daetwyler، ۲۰۱۲؛ Howard و همکاران، ۲۰۱۸). با توجه به اهمیت تعیین ژنوتیپ، در این پژوهش ما ۴ سناریو تعیین ژنوتیپ در نظر گرفتیم. در شکل ۱ و ۲ صحت پیش‌بینی سناریوهای تعیین ژنوتیپ روش‌های GBLUP و ssGBLUP بر اساس تراکم نشانگر و وراثت‌پذیری آورده شده

روش ssGBLUP از نظر مفهومی و عملی ساده‌تر از روش GBLUP چند مرحله‌ای است و علاوه بر این، دارای عیب‌هایی مانند اریب بودن و از دست دادن اطلاعات برای تعداد کم نتاج و همچنین پیچیدگی عملیاتی ندارد (Legarra و همکاران، ۲۰۱۴). بنابراین، روش ssGBLUP ساده‌تر و قابل استفاده برای مدل‌های پیچیده است و بطور کلی، به اندازه روش‌های چند مرحله‌ای دقیق است. همچنین، با توجه به حساسیت کمتر روش ssGBLUP به سناریوهای تعیین ژنوتیپ، می‌توان از این روش برای تعیین بهترین سناریو تعیین ژنوتیپ همراه با کاهش هزینه‌های تعیین ژنوتیپ و در عین حال افزایش صحت استفاده شود (Howard و همکاران، ۲۰۱۸). علاوه بر این، روش ssGBLUP اطلاعات مادران کاندیداهای انتخاب را در نظر می‌گیرد که این موضوع خود در جمعیت‌های گوسفند و بز که به ندرت از تلقیح مصنوعی

صحت پیش‌بینی بطور کامل در مطالعات مختلف مورد بررسی قرار گرفته است، تعیین ژنوتیپ ماده‌ها، می‌تواند بعنوان یک استراتژی برای افزایش اندازه جمعیت تعیین ژنوتیپ شده در نظر گرفته شود (Jiménez-Montero؛ و همکاران، ۲۰۱۲؛ Jenko و همکاران، ۲۰۱۷؛ Perez و همکاران، ۲۰۱۷). در نتیجه، استفاده همزمان از اطلاعات ژنوتیپ میش‌ها و قوچ‌ها زمانی که اطلاعات ژنوتیپی قوچ‌ها کم است، می‌تواند سناریوی مناسبی برای افزایش صحت پیش‌بینی باشد.

است. در بین سناریوهای مورد بررسی، به ترتیب کمترین و بیشترین صحت پیش‌بینی مربوط به سناریوهای G1 و G4 بود. در بین سناریوهای مورد بررسی صحت پیش‌بینی تفاوت چندانی بین سناریوهای G2 و G3 وجود نداشت. زمانی که از اطلاعات میش‌ها و قوچ‌ها بطور همزمان استفاده می‌شود (سناریو G3) صحت پیش‌بینی اندکی بیشتر بود. به عبارتی، تعیین ژنوتیپ ترکیبی میش‌ها و قوچ‌ها، بدون توجه با استراتژی انتخاب میش منجر به صحت پیش‌بینی متوسط می‌شود (Granado-Tajada و همکاران، ۲۰۲۰). تأثیر گنجاندن اطلاعات ژنوتیپی ماده‌ها بر



شکل ۱. صحت پیش‌بینی روش GBLUP سناریوهای تعیین ژنوتیپ بر اساس تراکم نشانگر وراثت‌پذیری
Figure 1. Prediction accuracy of the GBLUP method for genotyping scenarios based on heritability marker density

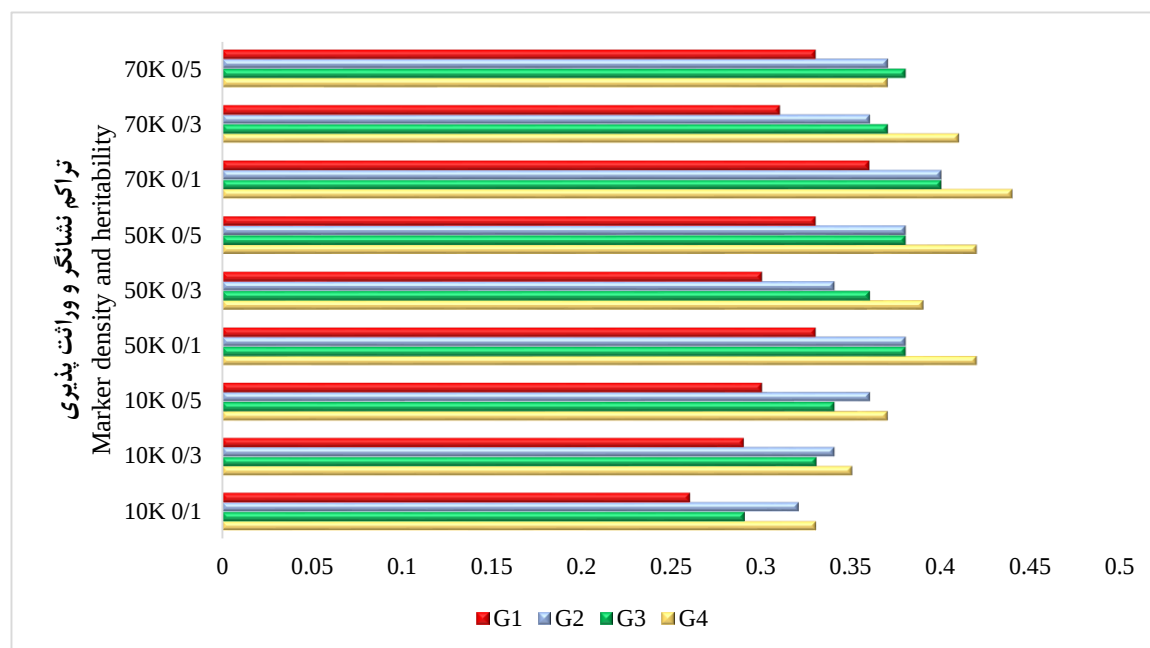
(۲۰۱۴). نتایج نشان داد تعیین ژنوتیپ همه حیوانات، بدون در نظر گرفتن محدودیت، کمترین صحت پیش‌بینی را دارد (G1). یک استراتژی رایج، تعیین ژنوتیپ قوچ‌ها (نرها) است، نرها صحت پیش‌بینی بیشتری را به دلیل اطلاعات دخترانشان ارائه می‌دهند، از آنجایی که نرها ساختار ژنتیکی جمعیت را هدایت می‌کنند (Granado-Tajada و همکاران، ۲۰۲۰).

به دلیل محدودیت منابع اقتصادی تعیین ژنوتیپ فقط نرها روشی استاندارد در GS است، به این دلیل که انتشار ژنتیک نرها با تلقیح مصنوعی بیشتر است و شدت انتخاب بر این جنس بیشتر

روش‌های مختلفی در زمینه کاهش هزینه‌های ژنوتیپ کردن برای اصلاح‌گران دام وجود دارد. روش اول تعیین ژنوتیپ حیوانات ماده است که، به دلیل شدت انتخاب پایین‌تر ماده‌ها، چندان سودمند نیست. بنابراین زمانیکه هزینه تعیین ژنوتیپ بالا است، تعیین ژنوتیپ ماده‌ها به‌جزء ماده‌هایی که برای اهداف تولیدمثلی انتخاب شده‌اند، ضروری نمی‌باشد. روش دوم این است که، اصلاح‌گران می‌توانند از روش ژنوتیپ کردن ۲۰ درصد از نتاج نرهای جوان که تقریباً معادل ۸۰ درصد سود انتخاب ژنومی بر اساس تعیین ژنوتیپ کل نرها می‌باشد، استفاده کنند (Van der Werf و همکاران،

مختلف دریافتند که، تعیین ژنوتیپ نرها (تعیین ژنوتیپ انتخابی) ضمن کاهش هزینه‌های تعیین ژنوتیپ منجر به، افزایش بهبود ژنتیکی می‌شود (Granleese و همکاران، ۲۰۲۴؛ Aydin و همکاران، ۲۰۱۹).

است (VanRaden، ۲۰۲۰). نتایج پژوهش نشان داد که، می‌توان برای به حداکثر رساندن مزیت انتخاب ژنومی در گوسفند، از تعیین ژنوتیپ انتخابی حیوانات نر (قوچ‌ها) استفاده کرد. در واقع نتایج نشان داد که، ژنوتیپ قوچ‌ها (نرها) نسبت به ژنوتیپ میش‌ها (ماده‌ها) تأثیر بیشتری بر صحت پیش‌بینی دارد. پژوهشگران در مطالعات



شکل ۲. صحت پیش‌بینی روش ssGBLUP سناریوهای تعیین ژنوتیپ بر اساس تراکم نشانگر وراثت‌پذیری
Figure 1. Prediction accuracy of ssGBLUP method for genotyping scenarios based on heritability marker density

نیست از تراکم بالای نشانگر استفاده کرد بلکه، می‌توان با صرف هزینه کمتر و استفاده از تراکم نشانگر به صحت پیش‌بینی بیشتر دست یافت.

در شرایط عملی، همه حیواناتی که ارزیابی می‌شوند به ندرت اطلاعات فنوتیپی دارند و رکوردها برای صفاتی مانند بیماری و کیفیت گوشت بطور گسترده در دسترس نیستند. برای پرداختن به این موضوع، سناریوهای فنوتیپی مختلفی را در شبیه‌سازی خود در نظر گرفتیم. صحت پیش‌بینی روش‌های مختلف آماری بر اساس فرضیات فنوتیپی در سطوح مختلف وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر در جدول ۹ آورده شده است. در تمام سناریوهای مورد مطالعه، با کاهش رکوردهای فنوتیپی، صحت پیش‌بینی نیز کاهش یافت که نشان دهنده رابطه مستقیم بین رکوردهای فنوتیپی و صحت پیش‌بینی است (Takeda، ۲۰۰۹؛ Goddard، ۲۰۲۰). در همه سناریوهای فنوتیپی درصد رکورد فنوتیپی بیشتر، صحت پیش‌بینی بیشتری را به همراه داشت. این

یکی از عوامل مؤثر بر صحت پیش‌بینی تراکم نشانگر است که مطالعات مختلفی تأثیر تراکم نشانگر بر صحت پیش‌بینی‌های ژنومی را بررسی کردند (Solberg و همکاران، ۲۰۰۸؛ Zhu و همکاران، ۲۰۱۷). از اینرو، در این پژوهش سه تراکم نشانگر (۱۰K، ۵۰K و ۷۰K) مورد بررسی قرار گرفت. دامنه میانگین صحت برای روش‌های تعیین ژنوتیپ برای تراکم نشانگر ۱۰K، برای GBLUP بین ۰/۲۴ تا ۰/۳۵ و برای ssGBLUP بین ۰/۲۶ تا ۰/۳۷، برای تراکم نشانگر ۵۰K، برای GBLUP بین ۰/۲۷ تا ۰/۴۸ و برای ssGBLUP بین ۰/۳۰ تا ۰/۴۲ و برای تراکم نشانگر ۷۰K، برای GBLUP بین ۰/۲۸ تا ۰/۴۱ و برای ssGBLUP بین ۰/۳۱ تا ۰/۴۴ بود. افزایش تراکم نشانگر از ۵۰K به ۷۰K تأثیر چندانی بر افزایش صحت پیش‌بینی نداشت. که با نتایج گزارش شده در پژوهشی همخوانی داشت (Nwogwugwu و همکاران، ۲۰۲۰؛ Zhu و همکاران، ۲۰۱۷). نتایج نشان داد که برای دستیابی به صحت بالاتر همیشه لازم

میش (ها) برتری داشت. در بین همه سناریوهای ژنوتیپی و فنوتیپی مورد بررسی بیشترین صحت پیش‌بینی مربوط به تراکم نشانگر ۷۰K با وراثت‌پذیری ۰/۱ بود.

روند برای همه سناریوها و صرف نظر از در دسترس بودن رکورد فنوتیپی برای هر دو یا یکی از جنس‌ها مشابه بود. در تراکم نشانگر ۱۰K فرض ۱ (وجود رکورد فنوتیپی برای میش‌ها و قوچ‌ها) و در تراکم نشانگر ۵۰K و ۷۰K فرض ۲ (وجود رکورد فنوتیپی در

جدول ۹. صحت پیش‌بینی روش‌های مختلف آماری بر اساس فرضیات فنوتیپی در سطوح مختلف وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر
Table 9- Prediction accuracy of different statistical methods based on phenotypic assumptions at different levels of heritability and marker density

تراکم نشانگر Marker Density	وراثت‌پذیری Heritability	روش آماری Statistical Method								
		BLUP			GBLUP			ssGBLUP		
	فرضیات فنوتیپی Phenotypic Assumptions	0.1	0.3	0.5	0.1	0.3	0.5	0.1	0.3	0.5
10K	1*	0.23±0.005	0.29±0.004	0.36±0.004	0.30±0.013	0.33±0.003	0.35±0.005	0.33±0.003	0.35±0.004	0.37±0.004
	2*	0.25±0.003	0.32±0.004	0.30±0.003	0.28±0.002	0.31±0.006	0.33±0.003	0.29±0.002	0.32±0.005	0.34±0.005
	3*	0.29±0.001	0.25±0.003	0.24±0.004	0.22±0.006	0.26±0.002	0.30±0.014	0.28±0.003	0.30±0.008	0.31±0.003
50K	1	0.23±0.005	0.29±0.004	0.36±0.004	0.36±0.002	0.34±0.001	0.36±0.003	0.39±0.003	0.36±0.002	0.39±0.003
	2	0.25±0.003	0.32±0.004	0.30±0.003	0.36±0.003	0.34±0.004	0.37±0.003	0.40±0.006	0.37±0.005	0.40±0.006
	3	0.29±0.001	0.25±0.003	0.24±0.004	0.29±0.004	0.27±0.005	0.32±0.005	0.32±0.005	0.32±0.010	0.34±0.004
70K	1	0.23±0.005	0.29±0.004	0.36±0.004	0.39±0.003	0.36±0.003	0.37±0.004	0.42±0.003	0.37±0.004	0.38±0.002
	2	0.25±0.003	0.32±0.003	0.30±0.003	0.38±0.002	0.35±0.005	0.36±0.005	0.42±0.011	0.38±0.005	0.39±0.003
	3	0.29±0.001	0.25±0.003	0.24±0.004	0.29±0.005	0.28±0.004	0.29±0.003	0.36±0.002	0.33±0.003	0.35±0.004

1*, 2* و 3* فرضیات فنوتیپی به ترتیب شامل هر دو میش و قوچ، فقط میش‌ها و فقط تراها رکورد فنوتیپی دارند.

1*, 2* and 3* phenotypic assumptions include both ewes and rams; only ewes and only rams have phenotypic records, respectively.

روش‌های اصلاحی کلاسیک در گوسفند معمولاً فاقد بخش پایه و اصلی و مورد نیاز است، اما وجود داده‌های ژنومی فرصتی منحصر به فرد برای برطرف نمودن محدودیت‌های برنامه‌های کلاسیک فراهم می‌کند. بهبود روش‌های انتخاب بر اساس تکنولوژی‌های در دسترس منجر به انتخاب دام‌های برتر خواهد شد. با توجه به نقش مهمی که نشخوارکنندگان کوچک در معیشت دامداران ایفا می‌کنند، معرفی انتخاب ژنومی بایستی از نظر مالی برای دامدار سودمند باشد. در نتیجه، پرورش‌دهندگان به دنبال بهبود ژنتیکی با کمترین هزینه هستند. بنابراین باید این موضوع را درک کنند که انتخاب ژنومی با صحت کافی و هزینه معقول امکان‌پذیر است. بنابراین با توجه به نتایج پیشنهاد می‌شود که پرورش‌دهندگان گوسفند با استفاده از تعیین ژنوتیپ انتخابی و تراکم متوسط نشانگر ضمن صرف هزینه کم صحت پیش‌بینی را برای صفاتی با وراثت-پذیری پایین و متوسط افزایش دهند.

سپاسگزاری

نویسندگان این مقاله بر خود لازم می‌دانند از تمام افرادی که در انجام این پژوهش همکاری داشتند سپاسگزاری نمایند.

پرورش گوسفند در کشور، در سیستم‌های پرورش باز (مرتج) و دامداری‌های روستایی است. تعداد قوچ‌های ثبت شده با ارزش اصلاحی تخمینی (EBV) معتبر کم است. اطلاعات اندکی در زمینه برنامه‌های بهبود ژنتیکی گوسفندان، به دلیل فراوانی تعداد و تنوع توده‌های نژادی گوسفند در کشور، در دسترس است. از اینرو، این پژوهش با استفاده از شبیه‌سازی و در نظر گرفتن برخی از عوامل مؤثر بر صحت پیش‌بینی در گوسفند انجام شد. تا پرورش‌دهندگان گوسفند را به استفاده از انتخاب ژنومی ترغیب کند. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که انتخاب ژنومی می‌تواند ابزاری ارزشمند برای افزایش پیشرفت ژنتیکی در گوسفند باشد و تعیین ژنوتیپ انتخابی حیوانات ممکن است منجر به بهبود قابل توجهی نسبت به تخمین ارزش اصلاحی بر اساس شجره شود. با این وجود، مطالعات بیشتر، به خصوص برای ارزیابی‌های اقتصادی قبل از اجرای عملی انتخاب ژنومی مورد نیاز است (Martin و همکاران، ۲۰۲۴).

۴. نتیجه‌گیری

Clark, S. A., Hickey, J. M., Daetwyler, H. D., & Werf, J. H., Van Der, J. (2012). The importance of information on relatives for the prediction of genomic breeding values and the implications for the makeup of reference data sets in livestock breeding schemes. *Genetics Selection Evolution*, 44(1), 4. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-4>

Derbie, Y., & Tilahun, H. (2023). Phenotypic characterization of indigenous sheep breeds in the Jimma Zone, oromia. Ethiopia. *Journal of Applied Animal Research*, 51, 644–652. <https://doi.org/10.1080/09712119.2023.2266667>

Gao, H., Christensen, O. F., Madsen, P., Nielsen, U. S., Zhang, Y., ... & Su, G. (2012). Comparison on genomic predictions using three GBLUP methods and two single-step blending methods in the Nordic Holstein population. *Genetics Selection Evolution*, 44, 8. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-8>

Gershoni, M., Shirak, A., Raz, R., & Seroussi, E. (2022). Comparing BeadChip and WGS genotyping: non-technical failed calling is attributable to additional variation within the Probe Target sequence. *Genes (Basel)*, 13(3), 485. <https://doi.org/10.3390/genes13030485> PMID: 35328039

Goddard, M. (2009). Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of long-term response. *Frontiers in Genetics*, <https://doi.org/10.1007/s10709-008-9308-0>

Goddard, M.E. & Hayes, B. J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, 10, 381–391. <https://doi.org/10.1038/nrg2575>

Gowane, G. R., Lee, S. H., Clark, S., Moghaddar, N., Al-Mamun, H. A., & van der Werf, J. H. J. (2018). Effect of selection on bias and accuracy in genomic prediction of breeding values. *bioRxiv*, 298042. <https://doi.org/10.1101/298042>

Granado-Tajada, I., Legarra, A., & Ugarte, E. (2020). Exploring the inclusion of genomic information and meta founders in Latxa dairy sheep genetic evaluations. *Journal of*

تضاد منافع نویسندگان

نویسندگان این مقاله اعلام می‌دارند که هیچ‌گونه تضاد منافی در خصوص نگارش و انتشار مطالب و نتایج این پژوهش ندارند.

دسترسی به داده‌ها

همه اطلاعات و نتایج در متن مقاله ارائه شده است.

مشارکت نویسندگان

همه نویسندگان به‌طور مساوی در تدوین مفهوم و چارچوب مقاله و نگارش نسخه اولیه و نسخه‌های بعدی مقاله مشارکت داشته‌اند.

References

- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., & Lawlor, T. J. (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(2), 743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>
- Alberto, F. J., Boyer, F., Orozco-ter Wengel, P., Streeter, I., Servin, B., ... & Barbato, M. (2018). Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nature communications*, 9(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-03206-y>
- Aydin, K. B., Bi, Y., Brito, L. F., Ulutaş, Z., & Morota, G. (2024). Review of sheep breeding and genetic research in Türkiye. *Frontiers in Genetics*, 15, 1308113. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1127530>
- Carillier, C., Larroque, H., & Robert-Granié, C. (2014). Comparison of joint versus purebred genomic evaluation in the French multi-breed dairy goat population. *Genetic Selection Evolution*, 46, 67.
- Cesarani, A., Gaspa, G., Correddu, F., Cellesi, M., Dimauro, C., & Macciotta, N. P. P. (2019). Genomic selection of milk fatty acid composition in Sarda dairy sheep: Effect of different phenotypes and relationship matrices on heritability and breeding value accuracy. *Journal of Dairy Sciences*, 102, 3189–3203. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15333>

- 124.356-61. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007>
- Legarra, A., Christensen, O. F., Aguilar, I., & Misztal, I. (2014). Single Step, a general approach for genomic selection. *Livestock Science*, 166(1), 54–65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
- Lourenco, D. A. L., Tsuruta, S., Fragomeni, B. O., Masuda, Y., Aguilar, I., ... & Misztal, I. (2015). Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *Journal of Animal Science*, 93(6), 2653–2662. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8836>
- Lund, M. S., van den Berg, I., Ma, P., Brøndum, R. F., & Su, G. (2016). How to improve genomic predictions in small dairy cattle populations. *Animal*, 10, 1042–1049. <https://doi.org/10.1017/S1751731115003031>
- Madsen, P., & Jensen, J. (2013). A user's guide to DMU a package for analysing multivariate mixed models. In Center for Quantitative Genetics and Genomics Dept. of Molecular Biology and Genetics, University of Aarhus Research Centre Foulum Box 50, 8830 Tjele Denmark.
- Martin, R., Pook, T., Bennewitz, J., & Schmid, M. (2024). Genomic selection strategies for the German Merino sheep breeding programme a simulation study. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 142, 251–262.
- Masuda, Y., VanRaden, P. M., Misztal, I., & Lawlor T. J. (2018). Differing genetic trend estimates from traditional and genomic evaluations of genotyped animals as evidence of preselection bias in US Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 101(6), 5194–5206. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13310>
- Mazinani, M., & B. Rude. (2020). Population, world production and quality of sheep and goat products. *Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 15(4), 291-299. <https://doi.org/10.3844/ajavsp.2020.291.299>.
- Meuwissen, T., Hayes, B., & Goddard, M. (2016). Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*, *Dairy Science*, 103, 6346–6353. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-18033>
- Granleese, T., Clark, S.A., & Van Der Werf, J.H.J. (2019). Genotyping strategies of selection candidates in livestock breeding programmes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136(2), 91–101. <https://doi.org/10.1111/jbg.12381>
- Habier, D., Fernando, R. L., & Dekkers. J. C. M. (2007). The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*, 177, 2389-97. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.081190>
- Howard, J. T., Rathje. T. A., Bruns, C. E., Wilson-Wells, D. F., Kachman, S. D., & Spangler, M. L. (2018). The impact of selective genotyping on the response to selection using single-step genomic best linear unbiased prediction. *Journal of Animal Science*, 96(11), 4532–4542. <https://doi.org/10.1093/jas/sky330>
- Ibañez-Escriche, N., & Simianer, H. (2016). From the editors: Animal breeding in the genomics era. *Animal Frontiers*, 6, 4–5. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0001>
- Jenko, J., Wiggans, G. R., Cooper, T. A., Eaglen, S. A. E., Luff, W. G. L., ... & Woolliams, J. A. (2017). Cow genotyping strategies for genomic selection in a small dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 100, 439–452. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11479>
- Jiménez-Montero, J. A., González-Recio, O., & Alenda, R. (2012). Genotyping strategies for genomic selection in small dairy cattle populations. *Animal*, 6, 1216–1224. <https://doi.org/10.1017/S1751731112000341>
- Kaseja, K., Mucha, S., Smith, E., Yates, J., Banos, G., & Conington, J. (2023). Including genotypic information in genetic evaluations increases the accuracy of sheep breeding values. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 140, 462–471. <https://doi.org/10.1111/jbg.12771>
- Kolbehdari, D., Schaeffer, L. R., & Robinson, J. A. B. (2007). Estimation of genome-wide haplotype effects in half-sib designs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*;

- Sargolzaei, M., & Schenkel, F. S. (2009). QMSim: A large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25(5), 680–681. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp045>
- Schöpke, K., & Swalve, H. H. (2016). Review: Opportunities and challenges for small populations of dairy cattle in the era of genomics. *Animal*, 10, 1050–1060. <https://doi.org/10.1017/S1751731116000410>
- Seyedsharifi, R., Esrafil Taze kand Mohamaddiyeh, M., Seifdavati, J., Hedayat-Evrigh, N., & Ala Noshahr, F. (2025). Investigating the effect of genotyping strategies on genomic prediction accuracy in sheep by simulation. *Journal of Advances in Medical and Biomedical Research*, 13(4), 472–486. <https://doi.org/10.48309/IJABBR.2025.2054379.1576>
- Solberg, T. R., Sonesson, A. K., Woolliams, J. A., & Meuwissen, T. H. E. (2008). Genomic selection using different marker types and densities. *Journal of Animal Sciences*, 86, 2447–54. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-001>
- Takeda, M., Uemoto, Y., & Satoh, M. (2020). Effect of genotyped bulls with different numbers of phenotyped progenies on quantitative trait loci detection and genomic evaluation in a simulated cattle population. *Animal Science Journal*, 91(1), 1–9. <https://doi.org/10.1111/asj.13432>
- van den Berg, I., Meuwissen, T. H. E., MacLeod, I. M., & Goddard, M. E. (2019). Predicting the effect of reference population on the accuracy of within, across, and multibreed genomic prediction. *Journal of Dairy Sciences*, 102, 3155–3174. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15231>
- Van der Werf, J. H. J., Banks, R. G., Clark, S. A., Lee, S. J., Daetwyler, H. D., ... & Swan, A. A. (2014). Genomic selection in sheep breeding programs. *Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*. Vancouver, BC Canada.
- Van Grevenhof, I. E., & Van Der Werf, J. H. (2015). Design of reference populations for 6(1), 6–14. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>
- Molina-Flores, B., Manzano-Baena, P., & Coulibaly, M.D. (2020). The role of livestock in food security, poverty reduction and wealth creation in West Africa. *Accra FAO*. <https://doi.org/10.4060/ca8385en>
- Nel, C. I., van der Werf, J. H. J., Rauw, W. M., & Cloete, S. W. P. (2023). Challenges and strategies for genetic selection of sheep better adapted to harsh environments. *Animal Frontiers*, 13(5), 43–52. <https://academic.oup.com/af/article/13/5/43/7311132>
- Nwogwugwu, C. P., Kim, Y., Choi, H., Lee, J. H., & Lee, S. H. (2020). Assessment of genomic prediction accuracy using different selection and evaluation approaches in a simulated Korean beef cattle population. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, Vol. 33, No. 12: 1912–1921. <https://doi.org/10.5713/ajas.20.0217>
- Özdemir, A., & Bozca, B. (2025). Genomic Selection and Genome-Wide Association Analysis (GWAS) Technology in Small Ruminant Breeding Globally. *Veterinary and Zootechnical Sciences*, 1(2), 215–235. <https://doi.org/10.64614/vzs-27>
- Perez, B. C., Balieiro, J. C. C., Carneiro, R., Tirelo, F., Oliveira Junior, G. A., ... & Ventura, R.V. (2019). Accounting for population structure in selective cow genotyping strategies. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136, 23–39. <https://doi.org/10.1111/jbg.12369>
- Pryce, J. E., & Daetwyler, H. D. (2012). Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: A review of international research. *Animal Production Science*, 52(2–3), 107–114. <https://doi.org/10.1071/AN11098>

- Journal of Dairy Science*, 103, 5291–5301. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17684>
- Zhao, F. P., Wei, C. H., Zhang, L., Liu, J. S., Wang, G. K., & Tao, Z. E. (2016). A genome scan of recent positive selection signatures in three sheep populations. *Journal of Integrative Agriculture* ;15 (1),162–74. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(15\)61080-2](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(15)61080-2)
- Zhu, B., Zhang, J., Niu, H., Long, G., Peng, G., ... & Junya, L. (2017). Effects of marker density and minor allele frequency on genomic prediction for growth traits in Chinese Simmental beef cattle. *Journal of Integrative Agriculture*, 16,911-20. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(16\)61474-0](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61474-0)
- genomic selection in crossbreeding programs. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0104-x>
- VanRaden, P. M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91(11), 4414–4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>
- VanRaden, P. M., Van Tassell, C. P., Wiggans, G. R., Sonstegard, T. S., Schnabel, R. D., ... & Schenkel, F. S. (2009). Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *Journal of Dairy Science*, 92(1), 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- VanRaden, P. M. (2020). Symposium review: How to implement genomic selection.