



صحت روش‌های مختلف بیزی در ارزیابی ژنومی صفات آستانه‌ای با معماری ژنتیکی متفاوت

حسین بزی^۱، *مجتبی طهمورث پور^۲ و محمد رکوعی^۳

^۱ دانشجوی دکتری و ^۲ استاد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

^۳ دانشیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه زابل

تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۲۲؛ تاریخ پذیرش: ۹۶/۰۵/۲۸

چکیده

سابقه و هدف: انتخاب ژنومی که نوعی انتخاب به کمک نشانگرهای ژنتیکی می‌باشد، اثر همه نشانگرهای ژنتیکی پراکنده در سرتاسر ژنوم را به طور هم‌زمان برآورد می‌کند. در نتیجه انتخاب ژنومی به‌طور بالقوه توانایی توجیه همه واریانس ژنتیکی صفت را دارد. اساس کار در انتخاب ژنومی عدم تعادل پیوستگی بین نشانگر و جایگاه صفات کمی می‌باشد. با توجه به کمتر مورد توجه قرار گرفتن ارزیابی ژنومی صفات دارای توزیع فنوتیپی گسسته که اکثراً دارای وراثت‌پذیری پائین هم می‌باشند، در این تحقیق صحت ارزیابی‌های ژنومی صفات آستانه‌ای و صفات پیوسته حیوانات در قالب سناریوهای مختلفی با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت

مواد و روش‌ها: در این مطالعه ژنومی حاوی ۱۰۰۰ نشانگر تک نوکلئوتیدی دو آللی با تراکم ۰/۱ سانتی مورگان به‌صورت تصادفی روی کروموزومی به طول ۱۰۰ سانتی مورگان شبیه‌سازی شد. تعداد جایگاه‌های صفات کمی ۱۰، ۵۰ و ۱۰۰ و سطوح وراثت‌پذیری ۰/۱، ۰/۲ و ۰/۳ برای صفات آستانه‌ای و پیوسته در نظر گرفته شد. صفات آستانه‌ای با سطوح فنوتیپی دو، چهار، هشت و شانزده و صفات پیوسته به‌عنوان شاهد در سه جمعیت ۱۰۰۰، ۲۰۰۰ و ۵۰۰۰ با سه روش آماری بیز A، بیز B و بیز C مورد ارزیابی قرار گرفت. پیاده‌سازی سناریوهای مورد نظر در این مطالعه با استفاده از بسته‌های hypred و BGLR در محیط نرم‌افزار R انجام گرفت.

یافته‌ها: مقادیر صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی صفات مختلف در همه سناریوهای مورد بررسی نشان از افزایش همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با ارزش‌های اصلاحی واقعی با افزایش تعداد سطوح فنوتیپی در صفات آستانه‌ای دارد. دامنه تغییرات صحت‌های بدست آمده در سناریوهای مختلف برای صفت آستانه‌ای با دو گروه فنوتیپی از همه صفات دیگر بیشتر بوده است. البته با افزایش تعداد گروه‌بندی‌ها تفاوت بین صفات با ۲ گروه فنوتیپی با صفات با چهار گروه فنوتیپی قابل محسوس تر می‌باشد. ولی از ۴ سطح فنوتیپی هر چه بالاتر می‌رویم مقادیر بدست آمده نزدیک‌تر به هم می‌باشند. صحت‌های پیش‌بینی شده در روش‌های مورد مطالعه بدلیل تشابه ماهیت محاسباتی به هم نزدیک بوده ولی تغییر صحت‌ها نسبت به تغییر تعداد جایگاه‌های صفات کمی برای صفات آستانه‌ای و صفات پیوسته در روش آماری بیز C منظم تر مشاهده می‌شود. با افزایش وراثت‌پذیری صفت، صحت برآورد اثرات آللی و متعاقب آن پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی افزایش یافت. کمترین و بیشترین مقادیر

صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی به‌ترتیب برای صفات آستانه‌ای دوسطحی آنالیز شده با روش بیز B در سطح وراثت‌پذیری ۰/۱ و صفات پیوسته آنالیز شده با روش بیز A در سطح وراثت‌پذیری ۰/۳ ثبت شد. برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در انتخاب ژنومی نیاز به برآورد اثرات آلی نشانگرهای تک نوکلئوتیدی در جمعیت مرجع می‌باشد. لذا افزایش تعداد جایگاههای صفات کمی از ۱۰ به ۱۰۰ و افزایش تعداد افراد جمعیت مرجع از ۱۰۰۰ به ۵۰۰۰ فرد منجر به افزایش میزان صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی در همه صفات آستانه‌ای و صفات پیوسته گردید.

نتیجه‌گیری: برای ارزیابی ژنومی صفات آستانه‌ای استفاده از روش‌های آستانه‌ای را می‌توان جایگزین روش‌های استاندارد کرد. چون ارزیابی ژنومی صفات آستانه‌ای با روش‌های استاندارد منجر به کاهش صحت ارزیابی‌های ژنومی می‌گردد، حتی برای صفات با ۱۶ گروه فنوتیپی هم استفاده از روش‌های آستانه‌ای در همه سناریوها منجر به دقت بیشتر ارزش‌های اصلاحی ژنومی نسبت به روش‌های استاندارد گردید. افزایش گروه‌بندی صفات آستانه‌ای منجر به افزایش صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی می‌گردد، ولی بیش از ۸ سطح فنوتیپی برای صفات آستانه‌ای توصیه نمی‌شود، چون تأثیر چندانی در افزایش صحت ارزیابی‌ها ندارد.

واژه‌های کلیدی: انتخاب ژنومی، روش‌های بیزین، صحت ارزیابی، صفت آستانه‌ای، معماری ژنتیکی.

مقدمه

استفاده از اطلاعات نشانگرهای DNA اولین بار توسط سورنسن و رابرتسون (۱۹۶۱) و اسمیت (۱۹۶۷) برای بهبود ژنتیکی گاوهای شیری پیشنهاد شد. همچنین با استفاده از نشانگرهای DNA که با یک جایگاه صفات کمی در حالت عدم تعادل پیوستگی^۱ باشد، در قالب برنامه‌های اصلاح نژادی، انتخاب به کمک نشانگر مورد بهره‌برداری قرار گرفت. در انتخاب ژنومی که نوعی انتخاب به کمک نشانگرهای ژنتیکی می‌باشد، اگر تراکم نشانگری در حد کافی زیاد باشد همه واریانس ژنتیکی یک صفت می‌تواند بوسیله نشانگرها توجیه شود. انتخاب ژنومی می‌تواند بر این ضعف انتخاب به کمک نشانگرها غلبه کند. اساس کار در انتخاب ژنومی عدم تعادل پیوستگی بین نشانگر و جایگاه صفات کمی می‌باشد و به‌طور ایده‌آل برای هر جایگاههای صفات کمی یک نشانگر در عدم تعادل پیوستگی کامل وجود دارد (۱۴).

مفاهیم اولیه پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی به‌وسیله نجاتی جوارمی و همکاران (۱۹۹۷)، ویشر وهالی (۱۹۹۸) و نهایتاً میوسن و همکاران (۲۰۰۱) پایه‌گذاری شد. مطالعات زیادی بر اساس مدل‌های آماری پارامتری و ناپارامتری روی داده‌های واقعی و شبیه‌سازی شده، تاکید بر صحت بیشتر در پیش‌بینی‌های انتخاب ژنومی نسبت به پیش‌بینی‌های مبتنی بر شجره دارد. پیشرفت ژنتیکی در انتخاب بر پایه اطلاعات ژنومی به دلیل پیش‌بینی دقیق‌تر ارزش‌های اصلاحی ژنومی، کاهش فاصله نسلی و استفاده بهتر از منابع ژنتیکی در دسترس به‌مراتب بیشتر از دیگر برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشد. فنوتیپ صفات اقتصادی دامها اکثراً تابعی از فنوتیپ، محیط و اثر متقابل آنها می‌باشد، و از مدل بینهایت‌زنگه با اثرات جزئی تبعیت می‌کنند. رایت (۱۹۳۴) برای متغیرهای که بصورت نرمال توزیع شده و فنوتیپ‌های آنها بصورت طبقه‌بندی شده (گسسته) مشاهده شود، اصطلاح آستانه‌ای را بکار برد. در مدل آستانه‌ای فرض می‌شود فنوتیپ مربوط به متغیر پیوسته با بیان مرئی (نرمال) تبدیل به فنوتیپ گسسته با سطوح ثابت آستانه‌ای می‌شود. صفات آستانه‌ای بعنوان متغیر نامرئی شناخته و توزیع آن بصورت نرمال نامرئی فرض می‌شود. مدل اثرات مختلط آستانه‌ای بوسیله جیانولا، فویلی (۱۹۸۳) و هرویل و می (۱۹۸۴) برای ارزیابی ژنتیکی صفات قابل طبقه‌بندی بر مبنای شجره ارائه شده است (۱۳).

انتخاب ژنومی برای صفات مربوط به لاشه که اندازه‌گیری و رکورد برداری آنها هزینه‌بر و یا مشکل‌می‌باشد و در زمان حیات حیوان قابل اندازه‌گیری نمی‌باشد، همچنین صفات تولیدمثلی و صفات با وراثت‌پذیری پائین که توزیع فنوتیپی گسسته دارند و کمتر مورد توجه قرار گرفته است، از قبیل چندقلوزایی، درجه سخت‌زایی، مقاومت به بیماری‌ها و... منجر به بهبود ژنتیکی بیشتر می‌شود (۲۸).

در ارزیابی ژنتیکی از طریق انتخاب ژنوم با تعیین فنوتیپ نشانگرهای متراکم بر اساس آلل‌های مربوط به نشانگرها، ارزش‌های ارثی مختلفی را برای حیوانات مورد ارزیابی متصور می‌باشیم، که در نهایت حیوانات منتخب مجموع آلل‌های با ارزش بیشتری را به خود اختصاص می‌دهند.

در انتخاب ژنومی اثرات نشانگرها با تراکم بالا که کل ژنوم را پوشش می‌دهند بطور همزمان برای پیش‌بینی ارزش‌های ارثی هر فرد تعیین فنوتیپ شده، استفاده می‌شود. ارزش ارثی پیش‌بینی شده در این روش تحت عنوان

۱- Linkage Disequilibrium

ارزش اثری برآورد شده ژنومی که بر پایه نشانگرهای توزیع شده در کل ژنوم می‌باشد، باعث افزایش صحت پیش‌بینی تا ۸۵ درصد می‌شود (۳ و ۲۰).

بر اساس مطالعات ژنومی اخیر با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی و تجربی مشخص شده، که عوامل متعددی، از جمله گستره عدم تعادل پیوستگی، وراثت‌پذیری صفت، معماری ژنتیکی، تراکم نشانگر، اندازه جمعیت مرجع و مدل مورد استفاده می‌تواند بر روی صحت پیش‌بینی‌های ژنومی تأثیرگذار باشد. در این تحقیق صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی صفات آستانه‌ای (در سطوح فنوتیپی متفاوت) و صفات پیوسته با معماری‌های ژنتیکی مختلف با روش‌های بیزین آستانه‌ای و استاندارد (بیزA، بیزB و بیزC) در قالب سناریوهای مختلف مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

در مطالعه حاضر، به منظور بررسی صحت ارزیابی‌های ژنومی صفات آستانه‌ای و صفات پیوسته حیوانات، ژنومی متشکل از یک جفت کروموزوم هومولوگ به طول ۱۰۰ سانتی‌مورگان با استفاده از تابع *hybred Genome* در بسته نرم افزاری هایپرد^۱ شبیه‌سازی شد. پراکندگی نشانگرها تک نوکلئوتیدی به صورت دو آللی با تراکم ۰/۱ سانتی‌مورگان (۱۰۰۰ نشانگر در هر کروموزوم) روی ژنوم به صورت تصادفی در نظر گرفته شده است. شبیه‌سازی میوزی با استفاده از تابع *hybred Recombine* از بسته‌هایپرد، بر حسب مدل شمارش جایگاه^۲ بر طبق تابع نقشه هالدن صورت گرفت (۲۴).

شبیه‌سازی جمعیت در ابتدا با در نظر گرفتن ۱۰۰ فرد (۵۰ نر و ۵۰ ماده) به‌عنوان اولین والدین در جمعیت پایه شروع، و با ۵۰ نسل آمیزش تصادفی بدون هم‌پوشانی در جمعیت پایه با تعداد افراد ثابت در جمعیت نسل تاریخی ادامه یافت. آمیزش تصادفی برای رسیدن به تعادل جهش و رانش ژنتیکی و همچنین ایجاد عدم تعادل پیوستگی اولیه بین نشانگر و جایگاه‌های صفات کمی صورت گرفت. بعد از ۵۰ نسل آمیزش تصادفی در جمعیت نسل تاریخی با اندازه یکسان (۱۰۰ فرد با نسبت مساوی جنس نر و ماده)، تعداد افراد با نمونه‌گیری تصادفی از والدین نسل قبل به تعداد افراد (۱۰۰۰ تا ۵۰۰۰) بسط و گسترش یافته. هرچند اطلاعات جمعیت پایه و جمعیت تاریخی که فقط دارای اطلاعات ژنومی بودند در برنامه ذخیره نشد، اما با استفاده از اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی جمعیت مرجع اثرات نشانگری به‌وسیله روش‌های آماری مورد مطالعه در این تحقیق برآورد و برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی افراد جمعیت تأیید که فقط دارای اطلاعات ژنوتیپی بوده با استفاده از فرمول زیر بکار گرفته شد.

$$TBV = \sum_{j=1}^n x_{ij} b_j \quad (1)$$

n تعداد جایگاه‌های صفات کمی، x_{ij} بیانگر ژنوتیپ i امین آلل j امین جایگاه و b_j اثر جایگزینی آللی j امین جایگاه می‌باشد. در این مطالعه مشاهدات فنوتیپی مورد نظر بر اساس تعداد جایگاه‌های صفات کمی با اضافه کردن مقادیر باقیمانده (به‌عنوان اثرات محیطی) به ارزش‌های اصلاحی حقیقی افراد در جمعیت مرجع شبیه‌سازی شد.

1- Hybred Package

2- Count-Location Model

در انتخاب ژنومی اثرات ژن‌های کنترل کننده صفات از طریق نشانگرهای که در عدم تعادل پیوستگی هستند برآورد می‌شود. با توجه به ایجاد عدم تعادل پیوستگی از طریق رانش ژنتیکی و در نظر گرفتن r^2 در نسل اول برابر با صفر، مقدار مورد انتظار عدم تعادل لینکاژی در هر نسل بر اساس فرمول زیر قابل محاسبه می‌باشد (۲۱).

$$E(r_n^2) = \frac{1}{1 + 4N_e c \left[\frac{1-c/r}{(1-c)^2} \right]} \left\{ 1 - \left[\left(1 - \frac{1}{2N_e} \right) (1-c)^n \right] \right\} \quad (2)$$

$E(r_n^2)$ = مقدار مورد انتظار عدم تعادل پیوستگی در نسل n ، N_e = اندازه موثر جمعیت و c = میزان نوترکیبی بر اساس مورگان.

با توجه به اینکه در این تحقیق ارزیابی ژنومی صفات آستانه‌ای با تعداد سطوح فنوتیپی مختلف مدنظر بود. پس از شبیه‌سازی فنوتیپ صفات با توزیع پیوسته تحت عنوان متغیر نامرئی پشت‌صحنه (l_i)، بر اساس پارامترهای آستانه‌ای

$$y^T = (y_{min} < y_1 < \dots < y_{c-1} < y_{max})$$

نوع $y_{max} = +\infty$ و $y_{min} = -\infty$ صفت آستانه‌ای مورد مطالعه از لحاظ تعداد سطوح فنوتیپی (c) مشخص می‌شود.

بردار متغیرهای نامرئی پشت‌صحنه برابر است:

$$l_i = x_i' \beta + z_i' g + e_i \quad (3)$$

β = بردار اثرات ثابت (میانگین) جایگاه، g = بردار اثرات نشانگری، x_i' = ماتریس ارتباط دهنده مشاهدات به بردار ردیفی β ، z_i' = ماتریس ارتباط دهنده مشاهدات به بردار g ، عناصر ماتریس z_i' بیانگر تعداد آل‌های هر یک از مکان‌های نشانگری ردیفی بیانگر ژنوتیپ می‌باشد ارزش‌های ۰، ۱ و ۲ بیانگر ژنوتیپ‌های ۱۱، ۱۲ و ۲۲ می‌باشد، e_i =

خطای تصادفی با توزیع $N(0, \sigma_e^2)$

توابعی که هر متغیر نامرئی پشت‌صحنه را در طبقه آستانه‌ای مربوطه اختصاص می‌دهد:

$$y_i \begin{cases} 1 & \text{اگر } -\infty < l_i < \gamma_1 \\ 2 & \text{اگر } \gamma_1 < l_i < \gamma_2 \\ \vdots & \\ c & \text{اگر } \gamma_{c-1} < l_i < +\infty \end{cases} \quad (4)$$

در توابع فوق هنگامی y_i (فنوتیپ آستانه)، داخل گروه c قرار می‌گیرد که فنوتیپ صفت نرمال (متغیر نامرئی پشت‌صحنه) در دامنه تعریف شده مربوط به گروه فنوتیپی c جا بگیرد. در نسل ۵۲ به‌عنوان جمعیت هدف (کاندیدا) افراد فقط دارای اطلاعات ژنوتیپی بودند.

در این مطالعه صفات با دو، چهار، هشت و شانزده گروه فنوتیپی به وسیله مدل‌های آستانه‌ای و صفات با ۱۶ گروه فنوتیپی به همراه صفات پیوسته با استفاده از مدل‌های خطی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. صفات مورد مطالعه در این تحقیق در قالب سناریوهای مختلف با وراثت‌پذیری‌های ۰/۱، ۰/۲ و ۰/۳ تعداد ۱۰، ۵۰ و ۱۰۰ جایگاه صفات کمی در جمعیت‌های با اندازه‌های ۱۰۰۰، ۲۰۰۰ و ۵۰۰۰ با استفاده از روش‌های آماری بی‌ز A، بی‌ز B و بی‌ز C مورد ارزیابی‌های ژنومی قرار گرفته است.

غیر از مدل‌های ناپارامتری تمامی مدل‌های که در ارزیابی ژنومی مورد استفاده قرار می‌گیرد. نوعی مدل رگرسیون می‌باشد که ژنوتیپ نشانگری را با فنوتیپ افراد ارتباط می‌دهند. بطور کلی مدل آماری استفاده شد در روش‌های بیزین بصورت زیر می‌باشد:

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^m x_{ij} b_j + \epsilon \quad (5)$$

$y_i = \mu$ = اثر از مبدا، ϵ = اثرات نشانگری، ϵ = اثرات باقیمانده، x = ژنوتیپ‌های نشانگری است که دارای عناصر ۰، ۱ و ۲ می‌باشد

بیز A: چنانچه بر اساس تعداد نشانگری که داریم توزیع t مقیاس دار تعریف کنیم یعنی توزیع پیشین در این روش توزیع t می‌باشد و مدل آنالیز بیز A نام دارد (هابیر و همکاران، ۲۰۱۱).

$$p(b_j | \theta_{b_j}, \sigma^2) = t(b_j | df_b, S_b) = \int N(b_j | 0, \sigma_{b_j}^2) \chi^{-2}(\sigma_{b_j}^2 | df_b, S_b) \theta \sigma_{b_j}^2 \quad (6)$$

در این رابطه df_b و S_b به ترتیب درجات آزادی و پارامتر مقیاس $\chi^{-2}(\sigma_{b_j}^2 | df_b, S_b)$ توزیع کای اسکور مقیاس می‌باشد.

بیز B: در این مدل فرض بر این است که فقط قسمتی (بخشی) از جایگاه‌های ژنی، کل واریانس ژنتیکی را تشریح می‌کنند و بسیاری از جایگاه‌های ژنی نقشی در واریانس ژنتیکی ندارند. مدل آماری بیز B را می‌توان به صورت زیر نوشت:

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k x_{ij} \beta_j \delta_j + e_i \quad (7)$$

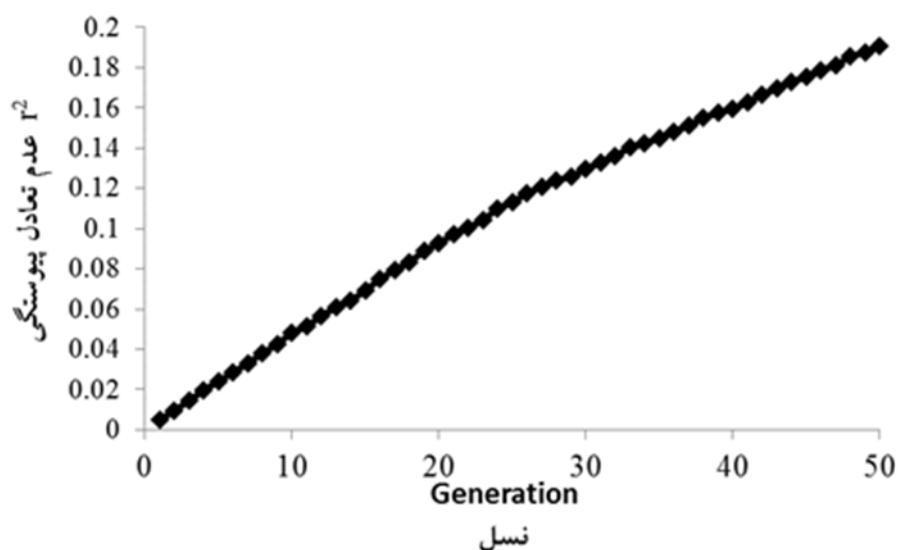
که y فنوتیپ حیوان i بوده، μ : میانگین، k تعداد جایگاه‌های نشانگری، x : ژنوتیپ نشانگر در جایگاه j (i-امین آلل) که به صورت ۰ و ۱ و ۲ (تعداد کپی‌های آلل نشانگر تک نوکلئوتیدی که حیوان i حمل می‌کند) کدگذاری می‌شوند. β_j نیز اثر جایگزینی آللی در جایگاه j و δ_j متغیر موردنظر و اختصاصی این مدل است که یک متغیر ۰ و ۱ بوده و نشان‌دهنده عدم حضور (با احتمال π) یا حضور (با احتمال $1-\pi$) جایگاه j در مدل می‌باشد. در بیز B اثرات نشانگری با احتمال π برابر با صفر و با احتمال $1-\pi$ از توزیع t بدست می‌آید.

$$b_j | df_b, S_b, \pi \sim 11D \begin{cases} 0 \text{ with probability } \pi \\ t(b_j | df_b, S_b) \text{ with probability } 1 - \pi \end{cases}$$

بیز C: این روش شکلی از بیز B است. فقط به جای اینکه از توزیع پیشین t برای اثرات نشانگرها استفاده کند از توزیع نرمال استفاده می‌شود و از این رو، توزیع پسین اثرات نشانگری هم نرمال خواهد بود.

برای اجرای روش‌های بیزی، از بسته نرم‌افزاری BGLR (دلوس کامپوس و همکاران، ۲۰۱۵) و الگوریتم نمونه‌گیری گیبس برای نمونه‌گیری توزیع پسین شرطی اثرات نشانگری استفاده شد. استنباط اثرات نشانگری با استفاده از زنجیره‌های ۱۲۰۰۰ نمونه‌ای (۲۰۰۰ نمونه اولیه گرم‌کنندگی و ۱۰۰۰۰ نمونه بعدی برای استنباط‌های توزیع پسین) صورت گرفت. صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی در سناریوهای مورد مطالعه با محاسبه همبستگی پیرسون ارزش‌های اصلاحی برآورد شده و ارزش اصلاحی حقیقی به عنوان معیار صحت مدل برآورد شد.

در این مطالعه صحت شبیه‌سازی از طریق آزمون عدم تعادل پیوستگی هنگامی که مقدار F^2 در نسل اول نزدیک به صفر بود مورد بررسی قرار گرفت. همچنین طراحی برنامه شبیه‌سازی پیش رو با فراوانی آلی اولیه ۰/۵ برای هر جایگاه صورت گرفت. با طراحی آمیزش تصادفی در نسل جمعیت تاریخی مقدار عدم تعادل پیوستگی به دلیل رانش ژنتیکی نسل به نسل افزایش یافت. با توجه به شکل ۱ مقدار عدم تعادل پیوستگی در نسل اول تقریباً صفر بوده و با رانش ژنتیکی نسل به نسل افزایش می‌یابد، و عدم تعادل لینکاژی در طول ۵۰ نسل آمیزش تصادفی در نسل تاریخی در تراکم ۰/۱ روند خطی دارد. و به مقدار مورد انتظار پیش‌نیاز ارزیابی‌های ژنومی ($F^2 \geq 0.2$) رسید.



شکل ۱: تغییرات عدم تعادل لینکاژی در نسل‌های مختلف جمعیت تاریخی

Figure 1. Changes of linkage disequilibrium in different generations of historical population

عدم تعادل پیوستگی بین جایگاه‌های ژنی در بیولوژی تکامل و در ژنتیک انسانی و ژنتیک حیوانی اهمیت فراوانی دارد، چون مبین اطلاعاتی در ارتباط با رویدادهای گذشته جمعیت‌های انسانی و حیوانی می‌باشد. چنانچه عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و ژن‌های کنترل‌کننده صفات در افراد انتخاب‌شده برقرار نباشد، انتخاب نشانگری منجر به بهبود ژنتیکی افراد یک جمعیت نخواهد شد (۲).

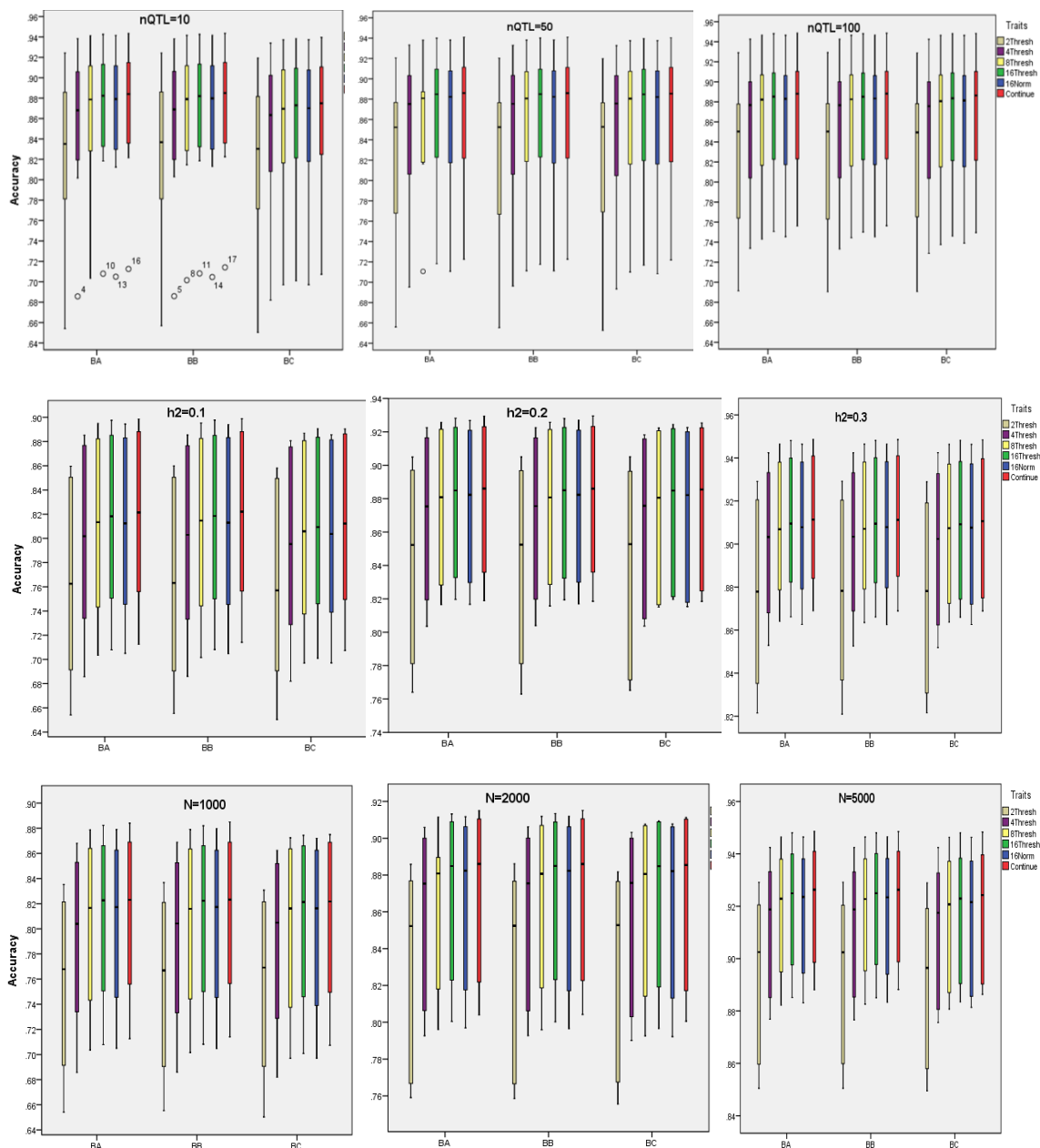
در این مطالعه عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و ژن‌های کنترل‌کننده صفات را از طریق آمیزش تصادفی در جمعیت نسل تاریخی ایجاد کردیم. به نوعی صحت برنامه‌های شبیه‌سازی با ایجاد عدم تعادل پیوستگی تأیید می‌شود. میزان عدم تعادل پیوستگی به دست آمده در این مطالعه به عنوان پیش‌نیاز ارزیابی‌های ژنومی برای یک برنامه اصلاح نژادی بخصوص در مشابهت با نتایج به دست آمده در مطالعات سایر محققین قابل قبول می‌باشد. مهربان و همکاران (۲۰۱۵) در تحقیقی مقدار عدم تعادل پیوستگی را برای تراکم‌های نشانگری ۰/۱ و ۰/۱ سانتی مورگان در نسل پنجاهم به ترتیب ۰/۱۴۵ و ۰/۱۹۵ گزارش کردند. در مطالعات مشابهی سولبرگ و همکاران (۲۰۰۸) و ویلامس و همکاران (۲۰۰۹) مقدار این پارامتر را در نسل ۵۰ در تراکم نشانگری ۰/۱ سانتی مورگان به ترتیب ۰/۲ و ۰/۱۹ اعلام کردند. همچنین مقدار عدم تعادل پیوستگی در تراکم نشانگری ۱ و ۰/۱ سانتی مورگان به ترتیب ۰/۱۳۳ و ۰/۲۰۹ به وسیله

خان سفید و همکاران (۲۰۰۹) گزارش شده است. مقدار عدم تعادل پیوستگی در تراکم بین نشانگری ۰/۱۲۸ سانتی مورگان در نسل ۵۰ به وسیله کالس و همکاران (۲۰۰۸) ۰/۲۱۱ بیان شد (۱۶).

به طور کلی با بررسی همه سناریوهای مورد نظر در این مطالعه درمی یابیم که افزایش تعداد سطوح فنوتیپی صفات آستانه‌ای، افزایش مقدار صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی را در پی دارد. البته افزایش مقادیر صحت‌های پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی بین صفات آستانه‌ای با دو سطح فنوتیپی در مقایسه با صفات با چهار گروه فنوتیپی قابل محسوس‌تر می‌باشد. ولی مقادیر صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای صفات با بیش از ۴ سطح فنوتیپی به هم نزدیک‌تر می‌باشد (شکل ۲).

در سناریوهای مورد مطالعه‌ای که مربوط به صفات با پائین‌ترین سطح وراثت‌پذیری و تعداد جایگاه‌های صفات کمی (۰/۱ و ۱۰) در جمعیت ۱۰۰۰ فردی می‌باشد. تغییرات مقادیر صحت‌های ارزش‌های اصلاحی ژنومی بدست آمده با افزایش تعداد سطوح فنوتیپی از دو گروه فنوتیپی به چهار یا هشت گروه فنوتیپی قابل توجه می‌باشد (۰/۱۲۴). لذا نتایج این تحقیق متناسب با ادعای کیزیلکایا و همکاران (۲۰۱۴) یعنی حداکثر بهبود ژنتیکی صفات با وراثت‌پذیری پایین با ارزیابی‌های ژنومی می‌باشد. افزایش تعداد گروه‌های فنوتیپی صفات آستانه‌ای تا ۸ گروه فنوتیپی منجر به افزایش صحت ارزیابی‌های ژنومی با استفاده از مدل‌های آستانه‌ای می‌شود و افزایش ۱۶ گروه فنوتیپی چندان تغییری در صحت‌های به دست آمده دیده نمی‌شود (شکل ۲). با توجه به ارزیابی صفات آستانه‌ای با ۱۶ گروه فنوتیپی به وسیله مدل‌های خطی و مدل‌های آستانه‌ای مشاهده می‌شود که استفاده از مدل‌های خطی برای ارزیابی صفات آستانه‌ای منجر به کاهش صحت ارزیابی‌های می‌شود. همچنین مشاهده می‌شود که صحت‌های ارزیابی صفات آستانه‌ای با ۱۶ گروه فنوتیپی به وسیله مدل‌های آستانه‌ای تقریباً معادل صحت‌های است که در ارزیابی صفات پیوسته به وسیله مدل‌های خطی به دست می‌آید.

وانگ همکاران (۲۰۱۲) با بررسی صفات آستانه‌ای بوسیله مدل‌های بیزین استاندارد و آستانه‌ای در یک مطالعه شبیه‌سازی، عملکرد روش‌های بیزین آستانه‌ای را بهتر گزارش کرد. میزان صحت‌های به دست آمده در ارزیابی صفات آستانه‌ای با روش‌های بیز B و C را تقریباً مشابه، و صحت‌های حاصل از دو روش بیز B و C را بهتر از روش بیز A گزارش دادند. همچنین بیان داشتند که عملکرد روش‌های بیزین آستانه‌ای متأثر از مقدار وراثت‌پذیری، تعداد جایگاه‌های صفات کمی و تعداد گروه‌بندی‌های فنوتیپی می‌باشد (۲۸). در برنامه‌های انتخاب ژنومی، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی حیوانات جمعیت متأثر از اثرات نشانگری جمعیت مرجع می‌باشد. لذا انتخاب روش آماری مناسب برای برآورد اثرات SNPها، می‌تواند صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی افراد را تحت تاثیر قرار دهد (۱۵).



شکل ۲: صحت ارزش‌های اصلاحی ژنومی (Accuracy) صفات آستانه‌ای با دو گروه فنوتیپی (2Thresh)، چهار گروه فنوتیپی (4Thresh)، هشت گروه فنوتیپی (8Thresh)، شانزده گروه فنوتیپی (16Thresh) با مدل آستانه‌ای و شانزده گروه فنوتیپی (16Norm) و صفت پیوسته (Continue) که با مدل‌های خطی با استفاده از روش‌های آماری بیس A (BA)، بیس B (BB) و بیس C (BC) در سناریوهای مختلف مورد ارزیابی قرار گرفته است

سناریوهای مورد بررسی: تعداد جایگاه‌های صفات کمی‌ها در سه سطح ۱۰ (n QTL=10)، ۵۰ (n QTL=50) و ۱۰۰ (n QTL=100). وراثت‌پذیری در سه سطح ۰/۱ (h2=0.1)، ۰/۲ (h2=0.2)، و ۰/۳ (h2=0.3) و اندازه جمعیت مرجع ۱۰۰۰ (N=1000)، ۲۰۰۰ (N=2000) و ۵۰۰۰ (N=5000) می‌باشد.

Figure 2. Accuracy values of genomic evaluation in threshold traits with two (2Thresh), four (4Thresh), eight (8Thresh), sixteen phenotypic levels (16Thresh) which are analyzed by threshold models and sixteen phenotypic levels (16Norm) and continuous trait (Continue) which are analyzed by linear models by using statistical methods of Bayes A (BA), Bayes B (BB) and Bayes C (BC)

The scenarios studied include $h^2 =$ heritability at three levels of 0.1, 0.2 and 0.3; QTL= Quantitative trait loci at three levels of 10, 50 and 100 جایگاههای صفات کمی and $N =$ size of reference population of 1000, 2000 and 50000.

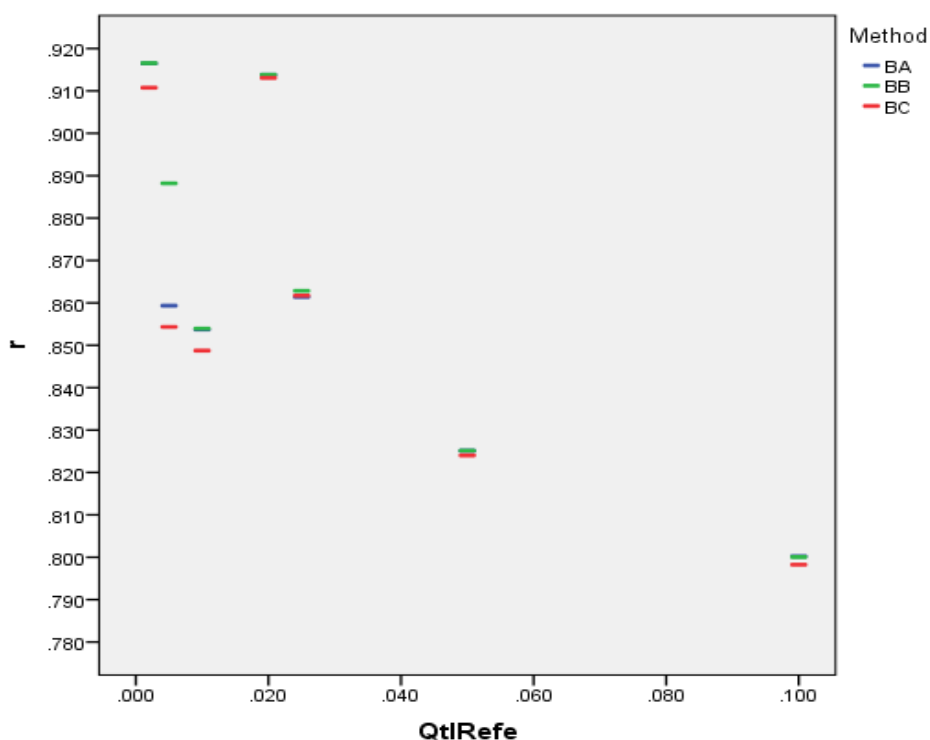
تاکنون اکثر مطالعات در حوزه برنامه اصلاح نژادی ژنومی روی صفات پیوسته بوده، و مطالعات کمتری در ارتباط با ارزیابی های ژنومی صفات آستانه ای نسبت به صفات پیوسته صورت گرفته است. از جیانولا (۱۹۸۰) و جیانولا و فولی (۱۹۸۳) می توان بعنوان پایه گذاران مطالعات ژنومی روی صفات، با فنوتیپ های قابل طبقه بندی یاد کرد. کیزیلکایا و همکاران (۲۰۱۴) در مطالعه ای مشابه پیش بینی ژنومی صفات آستانه ای با گروه بندی فنوتیپی را به وسیله روش آماری بیز C آستانه ای در مقاسه با بیز C استاندارد انجام دادند. صحت های به دست آمده بوسیله روش آماری بیز C آستانه ای را بیشتر از بیز C استاندارد گزارش کردند، و با کوچکتر شدن اندازه جمعیت این تفاوت زیاد تر می شد. گونزالز و فورنی (۲۰۱۱) برای آنالیز صفات آستانه ای با دو گروه فنوتیپی از روش های بیز A و بیز لاسو استفاده کردند و بیان داشتند، هنگامی که تعداد جایگاههای صفات کمی افزایش پیدا می کند تفاوتی بین این روش ها دیده نمی شود. در مطالعه ای مشابه ویلانوا (۲۰۱۱) گزارش داد که استفاده از روش آماری بیز B هنگامی که با صفات آستانه ای با دو گروه فنوتیپی مثل مقاومت به بیماری ها سروکار داشته باشیم صحت ارزش های اصلاحی ژنومی در مقایسه با صحت های که به وسیله مدل های خطی بدست می آید افزایش معنی داری نشان می دهد. میزان صحت ارزش های اصلاحی ژنومی به دست آمده به وسیله مدل های آستانه ای در مقایسه با مدل های خطی برای صفات آستانه ای از ۴ درصد (برای وراثت پذیری ۰/۳) تا ۱۶ درصد (برای وراثت پذیری ۰/۱) افزایش گزارش شده است (۲۸).

با توجه به نتایج به دست آمده در سناریوهای مختلف می توان گفت که روش آماری بیز C نسبت به تعداد جایگاههای صفات کمی حساسیت منظم تری نشان می دهد. بطوریکه افزایش تعداد جایگاههای صفات کمی از ۱۰ به ۱۰۰ منجر به افزایش میزان صحت های به دست آمده برای تمام صفات گسسته با گروه بندی های ۲، ۴، ۸، ۱۶ و صفات پیوسته می شود. در شکل ۲ مشاهده می شود کمترین صحت پیش بینی های ارزش های اصلاحی (۰/۶۵) مربوط صفتی با وراثت پذیری ۰/۱ در جمعیت ۱۰۰۰ فردی می باشد. در نقطه مقابل بالاترین ضریب همبستگی بین ارزش اصلاحی ژنومی برآورد شده و واقعی (۰/۹۴۸۵) مربوط به صفتی با وراثت پذیری ۰/۳ در جمعیت ۵۰۰۰ فردی می باشد. همچنین بالاترین صحت پیش بینی ارزش های اصلاحی ژنومی (۰/۹۴۸۱) برای صفات آستانه ای مربوط به صفاتی با بیشترین تعداد سطوح طبقه بندی (۱۶ سطح) و با وراثت پذیری ۰/۳ بود.

ساعتچی و همکاران (۲۰۱۱) با بررسی سه سطح وراثت پذیری ۰/۲، ۰/۵ و ۰/۷، بیان داشتند صحت ارزش های اصلاحی ژنومی با افزایش سطح وراثت پذیری صفات بیشتر می شود. بر اساس مطالعات شبیه سازی، عملکرد پیش بینی روشهای آماری در ارزیابی های ژنومی، تحت تاثیر فاکتورهای از قبیل معماری ژنتیکی صفات، گستره عدم تعادل پیوستگی، اندازه نمونه، وراثت پذیری صفت و تراکم های نشانگری می باشد (۳۰)

مقادیر صحت ارزش های اصلاحی ژنومی در روش های آماری مورد مطالعه بر اساس شاخص تعداد جایگاههای صفات کمی بر تعداد افراد جمعیت مرجع در شکل ۳ نشان داده شده است. در این شاخص بر اساس تعداد جایگاههای صفات کمی می توانیم صفات را در دو گروه مبتنی بر فرضیه بینهایت رنگه با اثرات جزئی^۱ (صفات متأثر از تعداد زیاد ژن با اثر کوچک) و فرضیه تعداد محدود جایگاه (صفات تحت تاثیر تعداد محدود ژن با اثر بزرگ) با روشهای

بیزین در این مطالعه مورد ارزیابی قرار دهیم (۱). به طور کلی می توان گفت هنگامی که شاخص تعداد جایگاههای صفات کمی نسبت به تعداد جمعیت در کمترین حد ممکن است، روش های انتخاب متغیر بیز B و بیز C بالاترین صحت ارزیابی ها را نشان می دهد. پس می توان گفت روش های انتخاب متغیر برای ارزیابی ژنومی صفات که تحت تأثیر تعداد محدود جایگاه ژنی قرار می گیرند مناسب می باشند. نسبت های بدست آمده در این تحقیق نزدیک به نتایج سایر محققین می باشد (۲۹).



شکل ۳. مقایسه صحت ارزیابی روش های آماری بیز A، بیز B و بیز C با استفاده از شاخص تعداد جایگاههای صفات کمی به تعداد افراد جمعیت مرجع (QtlRefe)

Figure 3. Comparison of accuracy of Bayes A, B and C methods using the index of QTL number to the individual number of reference population ratio (QtlRefe)

در مطالعه ای دو صفت درصد چربی شیر و درصد پروتئین را به وسیله دو روش آماری بیز B و G-BLUP در جمعیت های با تعداد افراد مختلف مورد ارزیابی قرار دادند. برای درصد چربی در جمعیت های با تعداد افراد کمتر، بیز B برآوردهای دقیق تری از روش G-BLUP داشت. ولی با افزایش جمعیت تفاوت دو مدل ارزیابی برای صفت درصد چربی شیر کاهش پیدا کرده است، ولی برای صفت درصد پروتئین شیر تفاوت دو مدل ارزیابی در جمعیت های با تعداد افراد کم و تعداد افراد زیاد تغییر نشان داده نشده است (۳).

نتیجه گیری کلی

با توجه به اینکه برای پیش بینی ارزش های اصلاحی ژنومی نیاز به برآورد اثرات آلی نشانگرهای تک نوکلئوتیدی در جمعیت مرجع می باشد و تا حد زیادی میزان صحت برآورد اثرات آلی بستگی به تعداد افراد جمعیت مرجع دارد.

در همه سناریوهای مورد بررسی، بزرگ‌تر شدن اندازه جمعیت مرجع افزایش صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی را در پی داشت، اگرچه در عمل این کار هزینه‌بر می‌باشد.

ارزیابی ژنومی صفات آستانه‌ای با روش‌های استاندارد منجر به کاهش صحت ارزیابی‌های می‌گردد، حتی در ارزیابی صفات با ۱۶ گروه فنوتیپی هم استفاده از روش‌های آستانه‌ای نسبت به روش‌های اسناددار نتایج دقیق‌تری را در پی داشت. افزایش گروه‌بندی صفات آستانه‌ای از ۸ گروه بیشتر تأثیر چندانی در افزایش صحت ارزیابی‌های نداشت. بیشترین پیشرفت ژنومی در صفات آستانه‌ای با وراثت‌پذیری پایین در جمعیت‌های با اندازه کوچک مشاهده شد. با توجه به اینکه بیشتر صفات تولید مثلی دارای فنوتیپ‌های قابل طبقه‌بندی و وراثت‌پذیری پائینی می‌باشند استفاده از برنامه‌های ژنومی می‌تواند منجر به پیشرفت ژنتیکی این صفات گردد.

منابع

- 1- Abdollahi-Arpanahi R., Pakdel, A., and Zandi-Baghchehmaryam, MB. 2012. From infinitesimal model to Genomic Selection. *Genetic-Novin*. 29:105-121. (In Persian)
- 2- Calus, M., De Roos, A., and Veerkamp, R. 2008. Accuracy of genomic selection using different methods to define haplotypes. *Journal of Genetics*. 178: 553-561.
- 3- Daetwyler, H.D., Calus, M.P., Pong-Wong, R., de los Campos, G., and Hickey, J. M. 2013. Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. *Journal of Genetics*. 193: 347-365.
- 4- Daetwyler, H.D., Villanueva, B., and Woolliams, J.A. 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. *PLoS One*. 3: e3395.
- 5- De los Campos, G., and Perez Rodriguez, P. 2015. Package BGLR "Bayesian Generalized Linear Regression". Department of Biostatistics, University of Alabama-Birmingham.
- 6- De los Campos, G., Hickey, J., Pong-Wong, R., Daetwyler, H., and Calus, M. 2013. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. *Journal of Genetics*, 193(2): 327-345.
- 7- Gianola, D., and Foulley, J. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Journal of Genetics Selection Evolution*. 15: 201-224.
- 8- Goddard, M. 2009. Genomic selection- prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Journal of Genetics*. 136: 245-257.
- 9- González-Recio, O., and Forni, S. 2011. Genome-wide prediction of discrete traits using Bayesian regressions and machine learning. *Journal of Journal of Genetics Selection Evolution*. 43: 7.
- 10- Habier, D., Fernando, R.L., Kizilkaya, K., and Garrick, D.J. 2011. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *Journal of BMC Bioinformatics*. 12: 186.
- 11- Haley, C., and Visscher, P. 1998. Strategies to utilize marker-quantitative trait loci associations. *Journal of Dairy Science*. 81: 85-97.
- 12- Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.C., Verbyla, K., and Goddard, M.E. 2009. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Journal of Genetics Selection Evolution*. 41: 51.
- 13- Kizilkaya, K., Fernando, R.L., and Garrick, D.J. 2014. Reduction in accuracy of genomic prediction for ordered categorical data compared to continuous observations. *Journal of Genetics Selection Evolution*. 46: 37.
- 14- Lande, R., and Thompson, R. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Journal of Genetics*. 124: 743-756.
- 15- Lepori Honeyman, A. 2014. Genomic selection for traits of economic importance in sheep: a thesis presented in partial fulfilment of the requirements for the degree of

- Doctor of Philosophy in Animal Breeding and Genetics at Massey University, Manawatū, New Zealand.
- 16- Mehraban, H., Nejati Javaremi, A., Mirayi Ashtiani, S., and Mehrabani Yeganeh, H. 2015. Simulation of base (historical) population and determining accuracy of linkage disequilibrium in genomic simulated studies. *Journal of Agricultural Biotechnologies*. 2: 45-51 (In Persian)
 - 17- Meuwissen, T., Hayes, B., and Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Journal of Genetics*. 157: 1819-1829.
 - 18- Nejati-Javaremi, A., Smith, C., and Gibson, J. 1997. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. *Journal of Animal Science*. 75: 1738-1745.
 - 19- Saatchi, M., McClure, M.C., McKay, S.D., Rolf, M.M., Kim, J., Decker, J.E., and Northcutt, S.L. 2011. Accuracies of genomic breeding values in American Angus beef cattle using K-means clustering for cross-validation. *Journal of Genetics Selection Evolution*. 43: 40.
 - 20- Schaeffer, L. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 123: 218-223.
 - 21- Sved, J. 1971. Linkage disequilibrium and homozygosity of chromosome segments in finite populations. *Theoretical population biology*. 2: 125-141.
 - 22- Silva, M., dos Santos, D., Boison, S., Utsunomiya, A., Carmo, A., Sonstegard, T., Cole, J., and Van Tassell, C. 2014. The development of genomics applied to dairy breeding. *Livestock Science*. 166: 66-75.
 - 23- Solberg, T.R., Sonesson, A.K., Woolliams, J.A., Ødegard, J., and Meuwissen, T.H. 2009. Persistence of accuracy of genome-wide breeding values over generations when including a polygenic effect. *Journal of Genetics Selection Evolution*. 41: 53.
 - 24- Technow, F. 2013. R Package hypred version 0.2: Simulation of genomic data in applied genetics. University of Hohenheim, Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, Stuttgart, Germany.
 - 25- Van der Werf, J., and Hayes, B. 2013. Genome-wide association studies and genomic prediction. chapter 26, *Genomic Selection in Animal Breeding Programs*. Pp: 543-561, Humana Press.
 - 26- Van Tassell, C., Van Vleck, L., and Gregory, K. 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *Journal of Animal Science*. 76: 2048-2061.
 - 27- Villanueva, B., Fernandez, J., Garcia-Cortes, L.A., Varona, L., Daetwyler, H.D., and Toro, M.A. 2011. Accuracy of genome-wide evaluation for disease resistance in aquaculture breeding programs. *Journal of Animal Science*. 89: 3433-3442
 - 28- Wang, C.L., Ding, X. D., Wang, J.Y., Liu, J.F., Fu, W.X., Zhang, Z., Jin, Z.J., and Zhang, Q. 2012. Bayesian methods for estimating GEBVs of threshold traits. *Journal of Heredity*. 110: 213-219.
 - 29- Wimmer, V., Lehermeier, C., Albrecht, T., Auinger, H.J., Wang, Y., and Schon, C.C. 2013. Genome-wide prediction of traits with different genetic architecture through efficient variable selection. *Journal of Genetics*. 195: 573-587.
 - 30- Zhang, Z., Zhang, Q., and Ding, X. 2011. Advances in genomic selection in domestic animals. *Chinese Science Bulletin*. 56: 2655-2663.
 - 31- Zhong, S., Dekkers, J.C., Fernando, R.L., and Jannink, J.L. 2009. Factors affecting accuracy from genomic selection in populations derived from multiple inbred lines: a Barley case study. *Journal of Genetics*. 182: 355-364.



Gorgan University of Agricultural
Sciences and Natural Resources

J. of Ruminant Research, Vol. 5(2), 2017
<http://ejrr.gau.ac.ir>

Accuracy of Bayesian methods in genomic evaluation threshold traits with different genetic architecture

H. Bazzi¹, *M. Tahmoorespour² and M. Rokoui³

¹Ph.D student and ²Professor, Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Iran, ³Associate Prof, of Animal Science, Faculty of Agriculture, Zabol University, Iran

Received: 03/12/2017 ; Accepted: 08/19/2017

Abstract

Background and objectives: Genomic selection, as a type of genetic marker-assisted selection, estimates simultaneously the effect of all genetic markers distributed throughout the genome. Therefore, genomic selection can potentially explain all the genetic variance of a trait. The basis of genomic selection is linkage disequilibrium between marker and quantitative trait loci. Since less attention has been paid to the genomic evaluation of traits with discrete phenotypic distribution which mostly have low heritability, the aim of the present study was to assess the accuracy of genomic evaluations of threshold and continuous traits of animals in the form of various scenarios by using computer simulation.

Materials and methods: In this study, a genome containing 1000 single nucleotide polymorphisms with two alleles at a density of 0.1 cM was randomly simulated on a chromosome with the length of 100 cM. A number of 10, 50 and 100 QTLs with heritability levels of 0.1, 0.2, and 0.3 were considered for continuous and threshold traits. Threshold traits with phenotypic levels of 2, 4, 8, and 16 and continuous traits as control were evaluated in three populations of 1000, 2000, and 5000 by using three statistical methods of Bayes A, B, and C. Implementation of intended scenarios in this study was performed by using hypred and BGLR packages in R software.

Results: The accuracy of genomic breeding values of different traits in all the studied scenarios indicates an increase in the correlation between estimated breeding values and true breeding values by increasing the number of phenotypic levels in threshold traits. The range of changes in accuracies obtained in different scenarios was the highest for threshold traits with two phenotypic groups among all other traits. However, by increasing the number of groupings, the difference between traits with two phenotypic groups and traits with four phenotypic groups was more pronounced, but this difference was not significant in phenotypic levels higher than four and the values were closer to each other. The results of the present study showed that the accuracy of prediction of all the methods studied was close to each other due to similarity in computational nature, but Bayes C method showed higher regular sensitivity in relation to the number of QTLs for threshold and continuous traits. The increase in heritability resulted in the increase in prediction accuracy of allelic effects and consequently enhancement in the prediction of genomic breeding values. Furthermore, the lowest accuracy of prediction was due to the two-level threshold traits analyzed by Bayes B at heritability level of 0.1, while the highest accuracy was related to continuous traits analyzed by Bayes A at heritability level of 0.3. Hence, increase in the number of QTL from 10 to 100 and population size from 1000 to 5000 led to the increase in the accuracy of genomic breeding values prediction in all threshold and continuous traits.

Conclusion: For genomic evaluation of threshold traits, it is recommended to use threshold traits instead of standard methods, since genomic evaluation of threshold traits by using standard methods led to the reduction in the accuracy of evaluations, and even for traits with 16 phenotypic levels, use of threshold methods in all the scenarios resulted in greater accuracy of genomic breeding values compared to the standard methods. Increase in phenotypic levels of threshold traits resulted in an increase in the accuracy of genomic breeding values, but it is not recommended for traits with phenotypic levels over eight because it did not have any significant effect on accuracy of evaluations.

Keywords: Accuracy, Bayesian methods, Genetic architecture, Genomic selection, Threshold traits.