نشریه علوم دامی
(پژوهش و سازندگی)

شماره ۱۳۰، بهـار ۱٤۰۰
ص‌ص: ۱۵۱~۱٦٤

تعیین شاخص انتخاب بهینه بدون استفاده از ضرایب اقتصادی در مرغان بومی استان یزد

- **بابک عنایتی** (نویسنده مسئول)
دانش آموخته دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام.

تاریخ دریافت : فروردین ۱۳۹۹ تاریخ پذیرش : خرداد ۱۳۹۹
شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۱۱۸۶۶۷۱۸
Email: bkenayati@gmail.com

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2020.342662.2056

چکیده

هدف از این مطالعه طراحی یک شاخص انتخاب بهینه بدون استفاده از ضرایب اقتصادی بر مبنای بهبود ژنتیکی مورد انتظار در صفات اقتصادی مهم بود. برای بررسی نتایج شاخص‌های طراحی شده از شبیه‌سازی تصادفی با ۵ تکرار استفاده شد. صفات شبیه-سازی شده شامل اوزان بدن در تولد (BW1)، هشت هفتگی (BW8)، دوازده هفتگی (BW12)، بلوغ جنسی (BWM)، سن در زمان اولین تخم‌گذاری (AFE)، وزن اولین تخم‌مرغ (EWM)، میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ (EW) و تعداد تخم‌مرغ (EN) بود. سه شاخص انتخاب شامل صفات BW12، EN و EW در هدف انتخاب و تمام صفات شبیه‌سازی شده در معیار انتخاب بود. شاخص‌ها با هدف ایجاد تغییر ژنتیکی برای ۵ گرم در صفت EW، ۲۰ عدد در صفت EN و تفاوت سه شاخص انتخاب اول تا سوم مربوط به تغییر مقادیر مورد انتظار به میزان ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ گرم در صفت BW12 بود. نتایج نشان داد هر سه شاخص انتخاب قادرند بهبود یکنواخت و مطلوبی را در صفات ایجاد نمایند. اما شاخص انتخاب دوم قادر است در تعداد نسل کمتر این نتایج قابل را حاصل نماید (بهبود ۳۰٤ گرم، ۲۵/۳ عدد و ٦/٤ گرم به ترتیب برای صفات BW12، EN و EW). همخونی ایجاد شده بعد از ۵ نسل اجرای شاخص‌های انتخاب‌اول تا سوم مطلوب (در حدود ۰/۰۲) و تفاوت همخونی بین شاخص‌های انتخاب معنی‌دار نبود (p>۰/٤). پیشنهاد می‌شود در اصلاح‌نژاد مرغ بومی استان یزد از شاخص انتخاب دوم برای ۵ نسل بهره‌برداری شود.

واژه‌های کلیدی: بهبود ژنتیکی مورد انتظار، تعداد نسل، شبیه‌سازی، همخونی.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 130 pp: 151-164

Determining the optimal selection index without using economic coefficients in native fowls of Yazd province.

By Babak Enayati
Ph.D. Graduate in Genetics and Animal Breeding
* Corresponding author E-mail: bkenayati@agri.ut.ac.ir

Received: April 2020 **Accepted: June 2020**

The aim of this study was to design an optimal selection index without the use of economic coefficients based on the expected genetic gains in important economic traits. Random simulation with 5 replications was used to evaluate the results of the designed selection index. Simulated traits include body weight at birth (BW1), eight weeks (BW8), twelve weeks (BW12), maturation (BWM), age at first laying (AFE), weight of first egg (EWM), The mean egg weight from 28 to 32 weeks (EW) and the egg number (EN). In three selection indices, BW12, EN and EW traits were in the selection target and all simulated traits were in the selection criterion. Indices with the aim of genetic gain for 5 g in the EW trait, 20 in the EN trait and the difference between the three indices of the first to third selection were related to the change in the expected values of 100, 200 and 300 g in the BW12 trait. The results showed that all three selection indicators are able to create a uniform and desirable genetic gain in traits. However, the second selection index is able to achieve acceptable results in a smaller number of generations (304 gr, 25.3 and 6.4 gr genetic gain for BW12, EN and EW traits, respectively). The inbreeding after 5 generations of the implementation of the first to third selection indices was not desirable (approximately 0.02) and the difference in inbreeding between the selection indices was not significant (P> 0.4).It is suggested that the second selection index for 5 generations be used for the Yazd province native fowls breeding.

Key words: Expected genetic gain, generation number, inbreeding, simulation.

مقدمه

مرغان بومی دارای ویژگی دومنظوره (تخم‌گذار-گوشتی) و نقش مهمی در امنیت غذایی جوامع روستایی به خصوص در ویژگی-های کیفی دارند (Adene and Oguntade, 2006). همچنین تاثیر آن‌ها در اقتصاد خانوارهای روستایی غیر قابل چشم-پوشی است (Yousefi و همکاران، 2013). عطر، طعم و کیفیت گوشت و تخم‌مرغ طیور بومی در بین مصرف کنندگان از بازارپسندی ویژه‌ای برخوردار است (Haunshi و همکاران، 2010). امروزه خزانه ژنتیکی مرغ بومی در بسیاری از کشورهای در حال توسعه، پایه و اساس برنامه‌های اصلاح‌نژادی طیور را تشکیل می‌دهد (Hoofman, 2005). تنوع ژنتیکی برای حفظ تولید در شرایط محیطی متغیر، لازم و ضروری است، همچنین این تنوع عامل مهمی در بهبود مستمر صفات اقتصادی بوده (Reist-Marti و همکاران، 2003) و سازگاری افراد اصلاح‌شده را با شرایط و اهداف اصلاح‌نژاد تضمین می‌نماید (Notter, 1999)، این ویژگی ارزشمند در طیور بومی وجود دارد. یک روش پایدار برای بهره‌برداری از توان بالقوه طیور بومی، بهبود ژنتیکی از طریق به کارگیری روش‌های انتخاب درون جمعیتی است (Szwaczkowski و همکاران، 2003). تعریف اهداف اصلاح نژاد باید اولین قدم در شروع یک برنامه بهبود ژنتیکی باشد. صفات در نظر گرفته شده در هدف اصلاح نژاد بر مبنای عملکرد سود تعیین می‌شود که آن هم متاثر از ارزش‌های اقتصادی صفات است. برنامه‌های انتخاب عموماً برای دوره‌های چند ساله طراحی می‌شوند و یا می‌توان بیان کرد که حداقل مربوط به بیش از یکسال هستند (MacNeil و همکاران،1997). بنابراین، ثبات قیمت‌ها در بخش درآمد و هزینه به منظور استمرار حضور صفات مهم در هدف انتخاب از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. تغییرات مکرر در

قیمت می‌تواند تأثیر مخربی بر تعیین صفات موجود در هدف انتخاب و وزن‌های اقتصادی آن‌ها داشته باشد (Ochsner, 2016). برای رفع مشکل تاثیر تغییر مداوم قیمت‌ها بر برنامه‌های اصلاح‌نژادی و مستقل نمودن معادلات شاخص انتخاب از ارزش اقتصادی صفات، می‌توان وزن دهی برای صفات موجود در هدف انتخاب را با استفاده از حداکثر نمودن همبستگی بین تغییرات ژنتیکی مورد انتظار صفات هدف و شاخص کل برآورد شده انجام داد (Yamada و همکاران، 1975). تغییرات ژنتیکی کل مربوط به صفاتی است که برای اصلاح کننده مهم بوده و عموماً در هدف انتخاب قرار داده می‌شوند. در بسیاری از موارد استفاده از ضرایب اقتصادی در طراحی یک شاخص انتخاب کفایت نمی‌نماید و محقق باید با توجه به دقت شاخص و پاسخ همبسته حاصل شده از دیگر صفات، مجدداً ضرایب شاخص را تغییر دهد که نشان دهنده این است که در عمل اهمیت برخی صفات موجود در هدف انتخاب به جای تبعیت صرف از ضرایب اقتصادی، توسط اصلاح‌گر تعیین می‌شود (Yamada و همکاران، 1975). همچنین استفاده از ضرایب اقتصادی برای طراحی یک شاخص انتخاب مطلوب جزء اهداف یک اصلاح‌گر نیست و اهمیت ویژه‌ای ندارد و در صورتی که اصلاح‌گر قادر باشد بر مبنای تغییرات مورد نظر خود در صفات هدف، وزن صفات در شاخص را به صورت غیر مستقیم تعیین نماید، می‌تواند یک راهکار مطلوب باشد. این روند کاستی‌های ناشی تغییر قیمت‌ها که موجب تغییر درآمدها و هزینه‌های تولید و به تبع آن تغییر مستمر ضرایب اقتصادی می‌شود را مرتفع می‌نماید.

علیرغم اینکه بازده طیور بومی در مقابل هزینه انجام شده نسبتاً مطلوب است لیکن طیور بومی عموماً دارای تولید پایینی هستند (Ahlers و همکاران، 2009). این عامل موجب می‌گردد سرمایه‌گذاری مطلوبی در بخش طیور بومی انجام نگیرد (Naerls, 2000) و سرمایه‌گذاری صورت گرفته عمدتاً توسط دولت‌ها بوده واین موضوع موجب کندی در توسعه این بخش شده است. در حال حاضر تولیدات مرغ بومی، کمتر از ۱۰ درصد تخم‌مرغ و کمتر از ۲ درصد از گوشت مرغ مورد نیاز کشور را تامین می‌نماید (عنایتی و همکاران، ۱۳۹۷ ; Jafarnejad و همکاران، 2017). تولید تخم‌مرغ اولین صفت اقتصادی مهم در تصمیم‌گیری برای بهبود ژنتیکی در طیور بومی است این صفت تحت تاثیر چندین صفت دیگر از جمله سن بلوغ جنسی، سرعت تخم‌گذاری و دیگر ویژگی‌های تخم‌مرغ تولیدی قرار می‌گیرد (Khawaja و همکاران، 2016). سن بلوغ جنسی نیز نیز به این علت از صفات مهم اقتصادی است که کاهش آن می‌تواند منجر به افزایش تولید تخم‌مرغ شود. کیفیت تخم مرغ برای مصرف کنندگان مهم است و یک رابطه معنی دار بین رشد جوجه‌ها تا پایان سه هفتگی و صفت وزن تخم‌مرغ گزارش شده‌است (Eqbql و همکاران،2016). همچنین، وزن تخم‌مرغ صفتی است که بر صفت باروری و جوجه درآوری تاثیر مستقیم دارد (Wolanski و همکاران، 2007). بنابراین صفت وزن تخم مرغ می‌تواند یک صفت مهم در برنامه‌های انتخاب تلقی شود. بهبود صفات رشد نیز از عواملی مهمی است که باید در برنامه‌های اصلاحی جهت بهبود ژنتیکی در نظر گرفته شود (Minga و همکاران، 2004) که می‌تواند به دلایل بهربرداری از جنس نر که ۵۰ درصد تخم‌مرغ‌های هچ شده را به خود اختصاص داده و عمدتاً خروس‌ها نیز برای صفت رشد مورد بهره‌برداری قرار می‌گیرند، همچنین جثه بزرگتر مرغ‌ها نیز موجب ذخیره بدنی بیشتر برای گذر از اوج تولید و منجر به تولید تخم‌مرغ‌های بزرگتر خواهد شد. اگر صفت رشد در زمان‌های مختلف رکوردگیری شود هر یک از آن‌ها می‌تواند به عنوان یک صفت مطرح باشد، قراردادن یک صفت با وراثت‌پذیری و صحت پیش‌بینی‌های بیشتر در هدف انتخاب نسبت به قراردادن چند صفت مرتبط با رشد در هدف انتخاب دارای ارجحیت است (Bourdon, 1999 ; عنایتی، ۱۳۹۸). محققین زیادی از صفات تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم مرغ و وزن بدن به عنوان اهداف انتخاب در برنامه‌های اصلاح نژاد مرغ بومی استفاده کرده‌اند (Vivian و همکاران، 2012; Ndofor-Foleng و همکاران، 2010; Tule و همکاران، 2005; Okpeku و همکاران، 2003 ; Ogbu and Omeje, 2011).

فاکتورهای محیطی تصادفی مانند کیفیت خوراک، روابط سلطه طلبی بین طیور در محیط پرورش، درجه حرارت محیط و بیماری-ها مانع بروز ویژگی‌های ژنتیکی است و سدی در مسیر اصلاح نژاد محسوب می‌شوند. شبیه‌سازی می‌تواند فارغ از این شرایط اثرات روش‌های متفاوت انتخاب را بر عملکرد حیوان نمایان سازد (Thiruvenkadan و همکاران، 2010). شرکت‌های اصلاح-نژاد در دوره‌های مختلف زمانی برای بهبود ژنتیکی در طیور، روش‌های متفاوتی از انتخاب را به کار گرفته‌اند که می‌تواند راهکاری مناسب در راستای دو هدف بهبود ژنتیکی در کنار حفظ تنوع ژنتیکی باشد (Thiruvenkadan و همکاران، 2011) لیکن مقایسه شاخص‌های انتخاب به صورت عملی و تحت شرایط طبیعی (به دلیل صرف وقت و هزینه زیاد) ممکن نبوده و شبیه-سازی می‌تواند راهکاری مناسب باشد (Medrano و همکاران، 2010). هدف از این تحقیق یافتن یک شاخص انتخاب مطلوب بدون استفاده از ضرایب اقتصادی در گله مرغ بومی استان یزد به کمک روش شبیه‌سازی بود.

مواد و روش‌ها

شاخص انتخاب استفاده در این تحقیق مطابق با آن چه Yamada و همکاران(1975) ارائه کردند و سایر محققین نیز از آن استفاده نمودند، طراحی شد (Hazary ;Gill and Verma, 1983 و همکاران، 1998; Nishida و همکاران، 2001 ; Noda و همکاران، 2002 ; Kaushik and Khanna, 2003).

مقایسه بین شاخص‌های حاصل شده از این روش بر اساس تعداد نسل‌های مورد نیاز برای رسیدن به اهداف اصلاح نژادی انجام گرفت. ویژگی بارز این نوع از شاخص انتخاب زمانی است که ضرایب اقتصادی نسبی صفات ناشناخته و یا از آن چشم‌پوشی شده باشد، مشروط به اینکه اصلاح‌گر اهداف مشخص شده‌ای را از قبل در نظر داشته باشد (Yamada و همکاران، 1975). در تحقیق حاضر شاخص انتخاب با استفاده از معادله ۱ برای صفات موجود در معیار انتخاب تعیین شد.

$$I = b'X$$ معادله (۱)

در این معادله I برابر شاخص انتخاب هر فرد، b بردار n×۱ فاکتورهای وزنی و X بردار n×۱ منابع اطلاعاتی است که می-تواند رکوردهای فنوتیپی تصحیح شده فرد یا خویشاوندان آن و یا ارزش‌های اصلاحی هر فرد برای هر صفت باشد. در این تحقیق از ارزش اصلاحی برای هر فرد استفاده شد. ضرایب b زمانی که تعداد صفات موجود در هدف (m) و معیار انتخاب (n) یکسان نباشد (یعنی زمانی که $n \neq m$) از معادله ۲ حاصل خواهد شد.

$$b = P^{-1}RG[G'RP^{-1}RG]^{-1}Q$$ معادله (۲)

در این معادله P ماتریس n×n (کو) واریانس فنوتیپی صفات موجود در معیار انتخاب، G ماتریس n×m (کو) واریانس ژنتیکی بین صفات موجود در هدف و معیار انتخاب، R ماتریس n×n روابط خویشاوندی رایت زمانی که از داده‌های فنوتیپی یک صفت برای بهبود صفت دیگر استفاده شود، می‌باشد. در این تحقیق چون تمام صفات موجود در هدف انتخاب دارای رکورد بودند و از ارزش اصلاحی به عنوان منابع اطلاعاتی استفاده شد، این ماتریس به صورت یک ماتریس یکه معرفی شد، و Q یک بردار n×۱ بیانگر میزان تغییرات ژنتیکی مورد نظر محقق برای صفات موجود در هدف انتخاب بود.

میزان تغییر در صفات معیار و هدف در یک نسل از معادله ۳ حاصل می‌شود.

$$\Delta G^* = G^{*\prime}Rb$$ معادله (۳)

در این معادله G^* برابر ماتریس (کو)واریانس ژنتیکی بین صفات معیار انتخاب است (در این تحقیق صفات هدف در معیار انتخاب نیز حضور داشتند) در صورتی که در این معادله از ماتریس G استفاده شود صرفاً میزان تغییر ژنتیکی در صفات هدف انتخاب برای یک نسل حاصل می‌شود. با تقسیم ΔG^* حاصل شده برای صفات موجود در هدف انتخاب بر میزان تغییر مورد انتظار، تعداد نسل‌های مورد نیاز برای رسیدن به اهداف انتخاب حاصل می‌شود. شاخص انتخابی مطلوب خواهد بود که بتواند تغییرات مورد انتظار را در تعداد نسل کمتری محقق نماید.بنابراین برای دستیابی به شاخص مطلوب، بردارهای Q متفاوتی طراحی شد. هدف تغییر ۲۰ عدد تخم‌مرغ و با توجه به محدودیت‌های فیزیولوژیکی بهبود ۵

گرم وزن تخم‌مرغ و۵۰۰ گرم صفت وزن بدن در سن ۱۲ هفتگیبود. صفت وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی به عنوان نماینده صفات رشد و به دلیل صحت بیشتر در برآوردها که ناشی از وجود فنوتیپ برای مرغ‌ها و خروس‌ها بود، صفت تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ نیز به عنوان صفاتی که مستقیم با درآمدزایی مرتبط هستند، انتخاب شدند. این اهداف در قالب شیب تغییرات برای صفات تعداد تخم‌مرغ از ۴ تا ۲۰ عدد با ۵ سطح تغییر، وزن تخم با ۱ تا ۵ گرم با ۵ سطح تغییر ووزن بدن در ۱۲ هفتگی از ۱۰۰ الی ۵۰۰ گرم با ۵ سطح تغییر، در کل ۱۲۵ حالت مختلف که منجر به ایجاد ۱۲۵ شاخص انتخاب با ضرایب متفاوت می‌شود، ایجاد گردید.از بین ۱۲۵ شاخص بیان شده ۳ شاخص که قادر بودند بیشترین بهبود در صفات هدف انتخاب را در کمترین تعداد نسل محقق نمایند در جدول یک نشان داده شد.

جدول ۱- میزان بهبود ژنتیکی مورد انتظار در صفات هدف انتخاب و تعداد نسل مورد نیاز برای رسیدن به این اهداف بر اساس شاخص

شماره شاخص	BW12[1](gr)	EN[2]	EW[3](gr)	تعداد نسل
۱	۱۰۰	۲۰	۵	۴/۶۳۱
۲	۲۰۰	۲۰	۵	۵/۲۹۵
۳	۳۰۰	۲۰	۵	۶/۴۶۶

[1]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [2] تعداد تخم مرغ و [3]وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ هفتگی

ردیف دوم جدول شماره ۱ نشان می‌دهد طراحی شاخص انتخاب دوم با هدف بهبود ۲۰۰ گرم وزن بدن در ۱۲ هفتگی، ۲۰ عدد تخم مرغ و ۵ گرم میانگین وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ طراحی شده و ضرایب صفات موجود در معیار انتخاب با لحاظ این اهداف برآورد شده است و شاخص دوم اهداف مورد انتظار در صفات هدف انتخاب را طی ۵/۲۹ نسل محقق نماید. به عنوان مثال هدف اولیه یعنی بهبود ۵۰۰ گرم وزن بدن در ۱۲ هفتگی، ۲۰ عدد تخم‌مرغ و ۵ گرم وزن تخم طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ طی ۹/۵۳ نسل محقق می‌شد که با توجه به اینکه هدف مورد انتظار در دو صفت تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ و ۲۰۰ گرم وزن بدن در ۱۲ هفتگی حدود ۵/۳ نسل به طول می-انجامد بنابراین منطقی نیست که برای ۳۰۰ گرم وزن بدن بیشتر ۴/۵ نسل زمان بیشتر به برنامه اصلاحی زمان اختصاص یابد. بدین ترتیب این شاخص مطلوب نبود و در جدول ۱ نشان داده نشد.

محققین بیان کردند نتایج معادلات ۱ تا ۳ زمانی محقق خواهد شد که پارامترهای جمعیت از جمله پارامترهای ژنتیکی و دیگر خصوصیات جمعیت ثابت باشد. با توجه به اینکه این فرضیه به دلایل وجود عوامل تصادفی مانند جهش، نوترکیبی، تغییر فراوانی آللی و همچنین تغییر پارامترهای ژنتیکی به دلیل اجرای برنامه انتخاب و تغییرات همخونی در هر نسل،عملاً غیر ممکن است، نمی‌تواند صحیح باشد. به منظور تطابق نتایج شاخص‌های طراحی شده با ویژگی‌های ژنتیکی جمعیت، اقدام به ایجاد ۵ جمعیت شبیه‌سازی شده به صورت تصادفی گردید. مدل استفاده شده در شبیه‌سازی، به صورت هشت صفت همبسته بود. صفات شبیه‌سازی شده در هر دو جنس عبارت بود از: وزن بدن در یک روزگی (BW1)، وزن بدن در سن هشت هفتگی (BW8)، وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی (BW12)، و صفات شبیه‌سازی شده در مرغ‌ها عبارت از وزن بدن در زمان بلوغ جنسی (BWM)، سن بلوغ جنسی (AFE)، وزن اولین تخم‌مرغ(EWM)، میانگین وزن تخم مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ (EW) و تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول پس از بلوغ جنسی (EN) بودند. شبیه‌سازی صفات به صورت چند متغیره (چند صفته) بود. ساختار کروموزومی جمعیت اولیه به کمک نرم افزار MaCS ایجاد گردید (Chen و همکاران، 2009 ; Hudson, 2004) برای ایجاد جمعیت

تاریخی[1]از پکیج tidyverse استفاده گردید، اندازه‌های موثر جمعیت به میزان ۱۰۰، ۲۵۰، ۱۰۰۰، ۱۰۰۰۰، ۵۰۰۰۰، ۲۵۰۰۰۰ و ۵۰۰۰۰۰ به ترتیب برای ۱۰۰، ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۵۰۰۰، ۱۰۰۰۰، ۱۰۰۰۰۰ و ۱۰۰۰۰۰۰ نسل در نظر گرفته شد. اندازه موثر جمعیت پایه ۱۰۰ در نظر گرفته شد. اندازه کل ژنوم Gbp ۱/۲ و با تقسیم آن به ۳۹ جفت کروموزوم، اندازه تقریبی هر کروموزوم ۳×۱۰^{۸} جفت باز در نظر گرفته شد. نرخ نوترکیبی و جهش به ترتیب برابر $۲/۵\times۱۰^{-۸}$ و ۵×۱۰^{-۸} بود. برای هر کروموزوم QTL۲۰ در نظر گرفته شد. پارامترهای جمعیت بر گرفته از گزارش محققین در مرغ بومی استان یزد و به شرح جداول ۲ و ۳ بود (قربانی و همکاران، ۱۳۹۶).

شبیه‌سازی در این تحقیق بر اساس برنامه‌نویسی در محیط R نسخه3.6.3(R Core Team, 2019)و با کمک برخی توابع پکیج AlphaSimR (Faux et al., 2016 ; Gaynor *et al.*, Unpublished) انجام گرفت.

جدول ۲- میانگین (Mean)، انحراف معیار (SD)، ضریب تغییرات (CV)، حداقل (Min) و حداکثر (Max) مقادیر صفات برای شبیه‌سازی جمعیت اولیه

صفات	Mean	SD	CV (%)	Min	Max
BW1[1]	۳۲/۹۹	۳/۶۵	۱۱/۰۶	۲۰	۴۹
BW8[2]	۴۱۴/۷۷	۸۵/۵۷	۲۰/۶۳	۲۰۰	۷۹۶
BW12[3]	۷۳۱/۶۶	۱۵۲/۹۱	۲۰/۹۰	۳۰۰	۱۳۸۹
BWM[4]	۱۳۴۶/۱۵	۱۷۴/۸۳	۱۲/۹۹	۸۰۰	۲۱۰۰
AFE[5]	۱۷۶/۴۴	۱۹/۱۰	۱۰/۸۳	۱۳۶	۲۴۸
EWM[6]	۳۸/۳۷	۶/۷۹	۱۷/۷۰	۲۰/۹۰	۸۸/۳۰
EW[7]	۴۵/۷۵	۴/۶۰	۱۰/۰۵	۳۰/۴۷	۸۳/۷۵
EN[8]	۳۷/۹۵	۱۷/۹۱	۴۷/۱۹	۱	۷۹

[1]وزن بدن در یک روزگی، [2] وزن بدن در سن هشت هفتگی، [3]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [4]وزن بدن در زمان اولین تخم‌مرغ ، [5]سن بلوغ جنسی، [6] وزن اولین تخم‌مرغ ، [7]میانگین وزن تخم مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ و [8]تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول پس از بلوغ جنسی

جدول ۳- وراثت‌پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی (زیر قطر) و همبستگی فنوتیپی (بالای قطر) صفات برای شبیه‌سازی جمعیت پایه

	BW1	BW8	BW12	BWM	AFE	EWM	EW	EN
BW1[1]	**۰/۵۴**	۰/۱۸	۰/۱۷	۰/۱۹	۰/۰۲	۰/۱۰	۰/۲۱	۰/۰۴
BW8[2]	۰/۳۰	**۰/۴۰**	۰/۷۵	۰/۴۴	−۰/۱۴	۰/۱۱	۰/۲۵	۰/۰۶
BW12[3]	۰/۳۱	۰/۹۴	**۰/۴۱**	۰/۵۷	−۰/۱۲	۰/۱۶	۰/۳۲	۰/۰۳
BWM[4]	۰/۴	۰/۶۲	۰/۸۰	**۰/۵۸**	۰/۱۸	۰/۳۰	۰/۴۱	−۰/۱۶
AFE[5]	۰/۱۵	−۰/۱۸	−۰/۱۲	۰/۱۱	**۰/۲۸**	۰/۲۳	۰/۰۳	−۰/۶۸
EWM[6]	۰/۰۴	۰/۲۵	۰/۴۲	۰/۶۲	۰/۳۴	**۰/۱۹**	۰/۳۸	−۰/۵۳
EW[7]	۰/۵۸	۰/۴۰	۰/۵۲	۰/۶۱	۰/۰۹	۰/۸۶	**۰/۵۲**	−۰/۲۰
EN[8]	۰/۲۱	۰/۰۲	−۰/۰۴	−۰/۳۱	−۰/۸۴	−۰/۲۲	−۰/۰۴	**۰/۲۳**

[1]وزن بدن در یک روزگی، [2] وزن بدن در سن هشت هفتگی، [3]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [4]وزن بدن در زمان اولین تخم‌مرغ، [5]سن بلوغ جنسی، [6]وزن اولین تخم‌مرغ ، [7]میانگین وزن تخم مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ و [8]تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول پس از بلوغ جنسی

بعد از تشکیل جمعیت پایه، به منظور ایجاد هموژنی در جمعیت و کمک به ایجاد تعادل در اثر بالمر پنج نسل آمیزش تصادفی در

جمعیت پایه انجام شد. اثر بالمر موجب کاهش واریانس ژنتیکی در اثر انتخاب می‌شود بنابراین برای استقلال نسل پایه از رخدادهای جمعیتی در نسل‌های قبل، این پنج نسل آمیزش تصادفی اعمال گردید. اندازه جمعیت پایه از ۲۵۰۰ فرد با نسبت جنسی یکسان به ۸۰۰۰ فرد پس از ۵ نسل تلاقی تصادفی افزایش یافت. نسل پنجم با اندازه۸۰۰۰ فرد به عنوان نسل صفر برای اعمال شاخص انتخاب‌های طراحی شده در نظر گرفته شد.

محاسبه مولفه‌های افزایشی و غلبه نیازمند اطلاع از میانگین اثر جایگزینی آللی α_k است (Falconer and Mackay, 1996).

$$\alpha_k = a_k + d_k\,(q_k - p_k) \qquad (۴)$$

در این معادله p_k و q_k به ترتیب فراوانی‌های آلل‌های غیر صفر و صفر در نسل قبل برای QTLkام، d_k اثرات ژنتیکی غیرافزایشی که در این تحقیق برابر صفر و a_k برابر اثرات ژنتیکی افزایشی که به صورت تصادفی از توزیع گاما با پارامتر شکل ۰/۴ به کمک تابع ۵ نمونه‌گیری شد، حاصل گردید.

$$a_k = RandDev\sqrt{\frac{\sigma_a^2}{n_{QTL}}} \qquad (۵)$$

در اینجا $RandDev$ نشان دهنده نمونه‌گیری تصادفی از توزیع گاما، σ^2 برابر واریانس ژنتیکی افزایشی آغازکننده[۲] که حاصل $h^2\times SD^2$ است که از جدول ۳ قابل استخراج می‌باشد و n_{QTL} برابر تعداد QTLهای مرتبط با یک هر صفت است.

میانگین اثرات افزایشی برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی حقیقی (TBV) برای هر فرد به وسیله تجمیع اثرات جایگزینی آللی برای جایگاه‌ها طبق تابع ۶ محاسبه شد (Bernardo, 2010).

$$TBV = \sum_{k=1}^{nQTL}[-2p_k\alpha_k.(q_k - p_k)\alpha_k.2\,q_k\alpha_k] \times [x_{i.k} = 0.x_{i.k} = 1.x_{i.k} = 2] \qquad (۶)$$

در اینجا $x_{i.k}$ژنوتیپ فرد iام در جایگاه $QTLk$ام است که به صورت صفر، یک و دو مشخص می‌شوند. فنوتیپ هر صفت به وسیله اضافه کردن انحراف باقی مانده به ارزش اصلاحی حقیقی هر فرد تعیین می‌شود. انحراف باقی مانده از یک توزیع نرمال با میانگینی برابر با میانگین صفت (جدول ۲) و واریانسی برابر با واریانس باقی مانده برای هر صفت محاسبه شد. واریانس باقی مانده به کمک تابع ۷ برآورد شد.

$$\sigma^2 = \frac{\sigma_{a_0}^2}{h^2} - \sigma^2 \qquad (۷)$$

در این معادله σ^2 برابر واریانس ژنتیکی افزایشی در نسل پایه که برابر با واریانس TBV افراد در نسل پایه است. با توجه به اینکه در این تحقیق از شبیه‌سازی چند صفتی استفاده گردید، اثرات ژنتیکی افزایشی و باقی مانده توسط دو تابع ۸ و ۱۰ برآورد شد.

$$a_{k.r} = \sum_{r=1}^{nTraits} \sum_{s=1}^{r} RandDev\,\frac{L_{A_{r,s}}}{\sqrt{n_{QTL}}} \qquad (۸)$$

در این معادله k و r نشان دهنده صفت، $nTraits$ برابر تعداد صفات، $RandDev$ نشان دهنده نمونه‌گیری تصادفی مشابه آنچه برای تابع ۲ بیان شد، $L_{A_{r,s}}$ نشان دهنده فاکتور چالسکی که از تابع ۹ برای kQTL و r صفت قابل برآورد است (Hickey and Gorjanc, 2012).

$$V_A = L_{A_{r,s}}.L'_A \qquad (۹)$$

V_A ماتریس واریانس-کوواریانس ژنتیکی آغازکننده است که در جدول ۳ قابل رویت است.

$$e_{i,r} = \sum_{r=1}^{nTraits} \sum_{s=1}^{r} RandDevL_{E_{r,s}} \qquad (۱۰)$$

در اینجا $RandDev$ نشان دهنده نمونه‌گیری تصادفی از توزیع نرمال با میانگین برای هر صفت برگرفته از جدول ۲ و واریانس برای هر صفت حاصل شده از تابع ۷، $L_{E_{r,s}}$ نشان دهنده فاکتور چالسکی که از تابع ۱۱ برای هر فرد i و هر صفت r قابل برآورد است (Hickey and Gorjanc, 2012).

$$V_E = L_{E_{r,s}}.L'_E \qquad (۱۱)$$

V_E ماتریس واریانس-کوواریانس باقی مانده آغازکننده است.

در این تحقیق سه شاخص انتخاب اول، دوم و سوم در ۵ جمعیت شبیه‌سازی شده اعمال شد. ارزش اصلاحی هر فرد برای قراردادن

در شاخص انتخاب با خصوصیات BLUP و به کمک نرم افزار BLUPF90و به صورت هشت صفته برآورد شد (Misztalو همکاران، 2015). برای ایجاد نسل جدید به مبنای هر شاخص انتخاب، ۱۱۰ خروس و ۸۸۰ مرغ از بین ۸۰۰۰ فرد جمعیت انتخاب شدند. برای لحاظ نمودن تلفات مجدداً به صورت تصادفی ۱۰ خروس و ۸۰ مرغ از بین منتخبین حذف شدند. افراد باقی مانده در هر نسل با تلاقی تصادفی آمیزش و نسل بعد را ایجاد نمودند.

ضریب همخونی توسط نرم افزار CFC برآورد شد (Sargolzaeiو همکاران،2006). معنی‌داری میزان بهبود ارزش اصلاحی حقیقیو میزان همخونی ایجاد شدهبرای تمام صفات شبیه-سازی شده بعد از ۵ نسل به کمک تابع aov نرم افزار R و پکیج lsmeansدر سطح ۰/۹۵ آزمون، و سه شاخص انتخاب با یکدیگر مقایسه شدند. ضرایب شاخص‌هایانتخاب مطلوب که از بین ۱۲۵ شاخص اولیه انتخاب شدند در جدول ۴ نشان داده شد.

جدول ٤- ضرایب صفات موجود در معیار انتخاب برای سه شاخص مورد بررسی

صفات	شاخص انتخاب اول	شاخص انتخاب دوم	شاخص انتخاب سوم
BW1[۱]	۱/۰۰۰۰۰	۱/۰۰۰۰۰	۱/۰۰۰۰۰
BW8[۲]	۰/۰۲۳۷۲	۰/۰۲۴۴۶	۰/۰۲۵۲۹
BW12[۳]	-۰/۰۰۰۹۵	۰/۰۰۵۶۸	۰/۰۱۳۱۰۸
BWM[۴]	-۰/۰۰۱۹۲	-۰/۰۰۰۰۷	۰/۰۰۲۰۰
AFE[۵]	-۰/۰۵۴۲۸	-۰/۰۹۶۳۴	-۰/۱۴۳۳۹
EWM[۶]	-۰/۱۰۲۳۹	-۰/۱۱۶۰۸	-۰/۱۳۱۴۱
EW[۷]	-۰/۰۳۲۳۱	-۰/۰۴۷۵۲	-۰/۰۶۴۵۵
EN[۸]	۰/۲۵۴۲۶	۰/۲۴۳۷۴	۰/۲۳۱۹۶

[۱]وزن بدن در یک روزگی، [۲] وزن بدن در سن هشت هفتگی، [۳]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [۴]وزن بدن در زمان اولین تخم‌مرغ ، [۵]سن بلوغ جنسی، [۶] وزن اولین تخم‌مرغ ، [۷]میانگین وزن تخم مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ و [۸]تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول پس از بلوغ جنسی

نتایج و بحث

عدم تطابق بهبود مورد انتظار و محقق شده در صفات هدف انتخاب نشان داد بهبود ژنتیکی صفات، تحت متغیرهای زیادی قرار دارد و صرفاً پیش‌بینی بهبود صفات برای طراحی شاخص فرضی بوده و به صورت دقیق قابل دستیابی نیست (جدول ۵). با توجه به اینکه شاخص طراحی شده میزان بهبود ژنتیکی مورد انتظار در تعداد نسل‌های متفاوتی را نشان می‌داد بنابراین میزان مورد انتظار به تعداد نسل مورد نیاز تقسیم و در عدد ۵ ضرب شد تا بهبود ژنتیکی مورد انتظار به صورت یکسان برای ۵ نسل لحاظ شود که در جدول ۵ نشان داده شد. یکسان‌سازی ۵ نسل مورد نیاز برای هر شاخص انتخاب موجب شد نتایج حاصل از شبیه سازی با ارقام مندرج در جدول ۵ قابل مقایسه باشد. نتایج جدول پنجم نشان دادبهبود ژنتیکی مورد انتظار برای صفت BW12 در سه شاخص طراحی شده موجب تغییرات معنی‌دار در بهبود صفت BW12 شد اما در صفت EN فقط نتایج بین شاخص انتخاب اول و سوم معنی‌دار بود. برای صفت EW نیز تفاوت‌ها در بین شاخص‌های انتخاب معنی‌دار نبود. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت علیرغم عدم حصول نتایج مشابه بین بهبود ژنتیکی مورد انتظار و مشاهده شده ناشی از عوامل تصادفی در مطالعه شبیه‌سازی، تغییرات مشاهده شده صفات تا حدودی تحت تاثیر ارقام مورد انتظار بود، چون مقادیر مورد انتظار با تغییر در ضرایب شاخص انتاب می‌تواند بهبود ژنتیکی مشاهده شده را دستخوش تغییر نماید.

جدول ۵- بهبود ژنتیکی مورد انتظار و مشاهده شده صفات برای پنج نسل

منابع تغییر	BW12[1](gr)	EN[2]	EW[3](gr)
بهبود مورد انتظار برای شاخص انتخاب اول	۱۰۸/۰	۲۱/۶	۵/۴
بهبود مورد انتظار برای شاخص انتخاب دوم	۱۸۸/۸	۱۸/۹	۴/۷
بهبود مورد انتظار برای شاخص انتخاب سوم	۲۳۱/۹	۱۵/۵	۳/۸
بهبود مشاهده شده برای شاخص انتخاب اول	۲۲۷/۰^{a}	۲۶/۲^{a}	۵/۹^{a}
بهبود مشاهده شده برای شاخص انتخاب دوم	۳۰۴/۰^{b}	۲۵/۳^{ab}	۶/۴^{a}
بهبود مشاهده شده برای شاخص انتخاب سوم	۳۶۵/۰^{c}	۲۲/۷^{b}	۷/۱^{a}

[1]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [2] تعداد تخم مرغ و [3]وزن تخم‌مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ هفتگی

نتایج جدول ۶ نشان داد افزودن مقدار مورد انتظار صفت BW12از شاخص انتخاب اول به سوم به میزان ۱۰۰ گرم موجب بهبودیمعنی‌دار در تمام صفات وزن بدن به غیر از صفت BW1گردد. عدم تبعیت صفت BW1 از دیگر صفات وزن بدن را می‌توان مربوط به همبستگی ژنتیکی بالا (۰/۵۸) بین این صفت و صفت EW دانست. در تحقیقی روی مرغان بومی فارس گزارش شد تغییر ۲۳۳ گرمی وزن بدن در ۱۲ هفتگی طی ۱۳ نسل محقق شد (Ghorbani and Kamali, 2007) که ناچیز بود. در تحقیقی دیگر که روی مرغان تخم‌گذار همپشایر انجام شد بهبود تولید تخم‌مرغ منجر به کاهش ۲۰۷ گرمی وزن بدن گردید(Calik, 2010)، لیکن در تحقیق حاضر شاخص انتخاب طراحی شده منجر به بهبود توام صفات وزن بدن با بهبود صفات تولید تخم‌مرغ شد، اختلاف در نتایج می‌تواند مربوط به پارامترهای ژنتیکی دو جمعیت مورد بررسی باشد. Hogsett and Nordskog (1958) همبستگی ژنتیکی ایجاد شده بین صفات را ناشی از انتخاب برای بهبود صفات در نسل‌های قبل دانستند و اعلام کردند همبستگی دو صفت تعداد و وزن تخم‌مرغ ناشی از شدت انتخابی است که برای بهبود این دو صفت در نسل-های قبل صورت گرفته است، همچنین این محققین همبستگی منفی بین این دو صفت را ناشی از همبستگی مثبت بین وزن بدن و وزن تخم‌مرغ دانستند. بدین ترتیب تغییر در جهت همبستگی را می‌توان ناشی از همبستگی بین یک صفت با سایر صفات و عامل آن را انتخاب برای بهبود برخی صفات طی نسل‌های گذشته دانست ومشکل وجود تضاد بین صفات وزن بدن و وزن تخم‌مرغ با صفاتتعداد تخم‌مرغرا در جمعیت‌هایی که تحت تاثیر انتخاب شدید بوده‌اند بیشتر است. بنابراین بهبود توام این صفات در گله-های مرغ بومی که از تنوع نسبتاً مطلوبی برخوردار می‌باشند، منطقی و ممکن خواهد بود (عنایتی، ۱۳۹۸).

نتایج تحقیق حاضر در صفات تولید مثلی متفاوت بود در برخی از این صفات مانند EW و EWM نتایج حاصل ازشاخص انتخاب دوم حد وسط دو شاخص انتخاب دیگر بود طوری که با دو شاخص انتخاب اول و سوم رابطه معنی‌داری نداشت لیکن دو شاخص انتخاب اول و سوم با یکدیگر دارای اختلاف معنی‌دار بودند. این صفات دارای تغییر قابل قبولی (بین ۵ تا ۷ گرم) بعد از ۵ نسل اعمال شاخص‌های انتخاب مورد بررسی بودند. روند ژنتیکی صفات EWM و EW در جمعیت مرغ‌های بومی آذربایجان غربی به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۱۷ گرم در هر نسل گزارش شد (قربانی و قره‌داغی، ۱۳۹۷). اما در تحقیقی دیگر این روند برای صفت EW منفی گزارش شد (Jafarnejad و همکاران، 2017).

کاهش در میانگین ارزش اصلاحی حقیقی برای صفت سن بلوغ جنسی از شاخص انتخاب اول به شاخص انتخاب دوم معنی‌دار، لیکن کاهش از شاخص انتخاب دوم به سوم معنی دار نبود. میانگین این صفت از ۱۷۶/۴۱ روز به حدود ۱۵۲ روز بعد از ۵ نسل اعمالشاخص انتخاب دوم رسید که بسیار مطلوب بود. در تحقیقی با استفاده از شبیه‌سازی در جمعیت مرغان بومی مازندران وقتی صفت AFE در هدف انتخاب حضور نداشت انتخاب برای بهبود صفت BW12در خروس‌ها و انتخاب برای بهبود EN در مرغ‌ها منجر به بهبود (کاهش) ۰/۷۹ روز بعد از ۱۰ نسل شد که ناچیز بود

لیکن در تحقیق یاد شده وقتی صفت AFE در هدف انتخاب قرار گرفت موجب بهبود (کاهش) ۹/۴۴ روز شد (عنایتی، ۱۳۹۸). کاهش میانگین ژنتیکی برای AFE در دو لاین خالص با رنگ تخم قهوه‌ای طی هشت سال ۸/۳- و ۱۱/۸- روز بود (Goger و همکاران، 2010). در مطالعه‌ای دیگر طی ۱۵ نسل انتخاب روند صفت سن بلوغ جنسی در مرغ بومی فارس ۱/۶۵- روز گزارش شد (Ghorbani and Kamali, 2007).نتایج یک مطالعه در مرغان بومی آذربایجان غربی نشان داد یک رابطه ژنتیکی متضاد بین BW12 و AFE وجود دارد. بدین معنی که انتخاب طولانی مدت برای بهبود BW12 موجب کاهش سن در اولین تخم-گذاری می‌شود ((Jafarnejad و همکاران، 2017). از دیدگاه فیزیولوژیکی، سرعت رشد موجب تکمیل زودهنگام دستگاه تناسلی و در نهایت موجب بلوغ زودرس می‌گردد (El-Dlebshany, 2008).

در خصوص صفت EN افزایش مقدار مورد انتظار برای BW12 که تنها تفاوت در بین پارامترهای استفاده شده در شاخص انتخاب‌ها بود ناشی از یک همبستگی ژنتیکی منفی و ناچیز (۰/۰۴-) منجر به کاهش تعداد تخم مرغ طی شاخص انتخاب اول تا سوم شد اما این کاهش معنی دار نبود. لیکن استفاده از شاخص-های انتخاب طراحی شده در تحقیق حاضر موجب بهبود ۱۸/۳، ۱۷/۳ و ۱۴/۳ عددی تعداد تخم مرغ به ترتیب برای شاخص انتخاب‌های اول تا سوم شدبا توجه به اینکه این میزان پیشرفت باید طی ۵ نسل محقق گردد، بسیار مطلوب بود.در مطالعات شبیه سازی شده بهبود ۸/۸۶ عدد تخم مرغ طی ۱۰ نسل در جمعیت مرغ بومی مازندران گزارش شد، در این تحقیق صفت EN به عنوان صفات هدف در شاخص انتخاب به کار گرفته شد (عنایتی، ۱۳۹۸). نتایج یک پژوهش نشان داد روند ژنتیکی EN و EW در مرغان بومی فارس مثبت می‌باشد (Ghorbani and Kamali, 2007) که با نتایج حاصل از این تحقیق مطابقت داشت. همچنین نتایج تحقیق دیگر روند ژنتیکی مثبت برای EN را در کنار یک روند ژنتیکی منفی برای EW در پرندگان رودایسلندرد گزارش کرد (Jafarnejad و همکاران،2017Goger; و همکاران، 2010Niknafs; و همکاران، 2013).

با توجه به اینکه حفظ همخونی به عنوان معیاری برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی تلقی می‌گردد و در طیور بومی به منظور تطابق پذیری با شرایط محیطی یک اصل در هر برنامه اصلاحی می‌باشد، میزان همخونی بعد از اجرای سه شاخص انتخاب در نسل پنجم برآورد شد. میزان همخونی برای سه شاخص انتخاب اول تا سوم به ترتیب برابر ۰/۰۲۱، ۰/۰۲۰ و ۰/۰۲۵ بود که تفاوت معنی داری با یکدیگر نداشتند. در پژوهشی گزارش شد رشد نرخ همخونی کمتر از یک درصد در هر نسل برای برنامه‌های اصلاح نژاد طیور مطلوب است (Morris and Pollot, 1997).

جدول ٦- میانگین حداقل مربعات ارزش اصلاحی حقیقی صفات در نسل پنجم برای سه شاخص انتخاب مورد بررسی

صفات	میانگین جمعیت پایه	شاخص انتخاب اول	شاخص انتخاب دوم	شاخص انتخاب سوم
BW1[۱]	۳۲/۹±۰/۰۹	۴۳/۹^{a}	۴۲/۳^{b}	۴۱/۴^{b}
BW8[۲]	۴۱۴/۲±۰/۰۷	۵۵۱/۰^{a}	۵۸۷/۰^{b}	۶۱۵/۱^{c}
BW12[۳]	۷۳۰/۰±۳/۳۳	۹۵۸/۰^{a}	۱۰۳۴/۰^{b}	۱۰۹۵/۰^{c}
BWM[۴]	۱۳۴۵/۱±۸/۴۹	۱۵۱۸/۰^{a}	۱۵۹۹/۰^{b}	۱۶۸۲/۰^{c}
AFE[۵]	۱۷۶/۴±۰/۸۰	۱۵۸/۰^{a}	۱۵۲/۰^{b}	۱۵۰/۰^{b}
EWM[۶]	۳۸/۳±۰/۲۵	۳۹/۹^{a}	۴۰/۵^{ab}	۴۱/۷^{b}
EW[۷]	۳۷/۸±۰/۷۵	۵۱/۷^{a}	۵۲/۱^{ab}	۵۲/۹^{b}
EN[۸]	۴۵/۷±۰/۲۸	۶۴/۰^{a}	۶۳/۰^{a}	۶۰/۰^{a}

[۱]وزن بدن در یک روزگی، [۲] وزن بدن در سن هشت هفتگی، [۳]وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، [۴]وزن بدن در زمان اولین تخم‌مرغ ، [۵]سن بلوغ جنسی، [۶] وزن اولین تخم‌مرغ ، [۷]میانگین وزن تخم مرغ طی هفته‌های ۲۸ تا ۳۲ و [۸]تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول پس از بلوغ جنسی

نتیجه‌گیری

صفات وزن بدن و صفات تولید تخم عموماً دارای تضاد و همبستگی منفی با یکدیگر می‌باشند، همبستگی منفی ایجاد شده بین صفات تعداد تخم مرغ و صفات وزن بدن در مرغ بومی استان یزد به میزانی نیست که بتواند برای بهبود توام این صفات محدودیت ایجاد نماید. بنابراین پیشنهاد می‌گردد برای ایجاد بهبود هم زمان این دو صفت در کوتاه ترین زمان (۵ نسل) از شاخص انتخاب دوم و ضرایب شاخص بیان شده در جدول ۴ برای این شاخص استفاده گردد و در نسل ششم با توجه به تغییرات محقق شده صفات در جمعیت حقیقی، اهداف جدید در نظر گرفته شود و مجدداً این تحقیق با پارامترهای ژنتیکی جدید تکرار گردد و بهترین شاخص برای تعداد نسل مشخص طراحی و اجرا شود.

پانویس

1- Historic Population
2- Prior

منابع

عنایتی، ب. ۱۳۹۸. ارزیابی شاخص انتخاب‌های مختلف اصلاح نژاد در مرغان بومی به وسیله شبیه‌سازی. رساله دکتری، دانشگاه کردستان.

عنایتی، ب.، رشیدی، ا.، عبدالهی آرپناهی، ر. و رزم کبیر، م. ۱۳۹۷. ارزیابی استراتژی‌های اصلاح‌نژاد در مرغان بومی مازندران با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای. نشریه علوم دامی ایران، شماره (۴)۴۹، ص ص ۴۸۱-۴۹۴.

قربانی، ش.، قره‌داغی، ع. ا.، عباسی، م. ع. و نعمتی، س. ا. ۱۳۹۶. بررسی عملکرد صفات تولیدی و تولید مثلی و مقایسه مدل‌های مختلف حیوانی در برآورد پارامترهای ژنتیکی در مرغ‌های بومی یزد. نشریه علوم دامی، شماره ۱۱۷، ص ص ۱۷۷-۱۹۲.

قربانی، ش. و قره‌داغی، ع. ۱۳۹۷. برآورد وراثت‌پذیری و روند ژنتیکی برخی صفات اقتصادی در مرغ‌های بومی اصفهان. نشریه علوم دامی، شماره ۱۱۸، ص ص۸۵-۹۸.

Adene, D. F. and Oguntade A. E. (2006). The structure and importance of the commercial and village based poultry industry in Nigeria (102pp). Rome: FAO Study.

Ahlers, C., Alders, R., Bagnol, B., Cambaza, A. B., Harun, M., et al. (2009). Improving village chicken production: A manual for field workers and trainers. ACIAR Monograph No. 139. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra, pg 17, http:// www.aciar.gov.au/publication/MN139.

Bernardo, R. (2010). Breeding for quantitative traits in plants (2nded). Stemma Press, Woodsbury Minn. Pp 390.

Bourdon, R.M. (1999). Understanding Animal Breeding. 2nd edition. Prentice Hall, Newjersey, USA. 500 p.

Caballero, A. and Toro, M. A. (2002). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for management of conserved populations. *Genetics Research*. 75: 331-343.

Calik, J. (2011). Genetic and production trends in New Hampshire laying hens over 8 generations. *ActaScientiarumPolonorum. Zootechnica.10*(3).

El-Dlebshany, A.E. (2008). The relationship between age at sexual maturity and some productive traits in local chickens strain. *Journal of Egypt Poultry Science*. 28: 1253-1263

Falconer D. S. and Mackay T. F. C. 1996. Introduction to quantitative genetics (4thed). Addison Wesley Longman, Harlow. Pp. 480.

Faux, A. M., Gorjanc, G., Gaynor, R. C., Battagin, M., Edwards, S. M., Wilson, D. L. et al. 2016. AlphaSim: Software for Breeding Program Simulation. *The Plant Genome*. 9(3):1-14.

Gaynor, R.C., Gorjanc, G. and Wilson, D.L. AlphaSimR: An R Package for Breeding Program Simulations. Manuscr Prep.

Ghorbani, S. H. andKamali, M. A. (2007). Genetic trend in economic traits in Iranian native fowl. *Pakistan Journal of Biological Science*. 10: 3215-3219.

Gill, H. S. andVerma, S. K. (1983). Construction of selection index in poultry ignoring relative economic values. *Indian J. Anim. Sci*. 53(10): 1110- 1112.

Goger, H., Yurtogullari, S. and Demirtas, S. (2010). Effect of applied index selection approach on egg production traits in two pure breed brown egg layers. *Trends in Animal &Veteroberrinary Science Journal*. 1(2): 75-78.

Haunshi, S., Niranjan, M., Shanmugam, M., Padhi, M.K., Reddy, M.R., Sunitha, R. et al. (2010). Characterization of Two Indian Native Chicken Breeds for Production, Egg and Semen Quality, and Welfare Traits. *Poultry Science*. 90: 314-320.

Hazary, R. C, Johri, D. C, Kataria, M. C, Sharma, D. and Singh, D. P. (1998). Evaluation of efficiency of multisource weight-free selection index for desired gains in egg type chicken. *Indian J. Anim. Sci*. 68(7): 662- 666.

Hickey J. M. and Gorjanc G. (2012). Simulated data for genomic selection and genome-wide association studies using a combination of coalescent and gene drop methods. *G3*. 2: 425–427.

Hogsett, M.L. and Nordskog, A.W. (1958). Genetic economic value in selecting for egg production rate, body weight and egg weight. *Poultry Science*. 37: 1404-1419.

Hoofman, I. (2005). Research and investment in poultry genetic resources-challenges and options for sustainable use. *J. World's Poult. Sci*. 61: 57–70.

Iqbal, J.,Mukhtar,N.,Rehman, Z, U.,Hassan Khan, S., Ahmad, T.,Anjum, M, S. et al. (2017). Effects of egg weight on the egg quality, chick quality, and broiler performance at the later stages of production (week 60) in broiler breeders. *J. Appl. Poult. Res*. 00:1–9.

Jafarnejad, A., Kamali, M.A., Fatemi, S.J. and Aminafshar, M. (2017). Genetic evaluation of laying traits in Iranian indigenous hens using univariate and bivariate animal models. *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 27(1): 20-27.

Jafarnejad, A., Kamali, M.A., Fatemi, S.J. and Aminafshar, M. 2017. Genetic evaluation of laying traits in Iranian indigenous hens using univariate and bivariate animal models.*The Journal of Animal & Plant Sciences*. 27(1): 20-27.

Kaushik, R. and Khanna, A. S. (2003). Efficiency of different selection indices for desired gain in reproduction and production traits in Hariana Cattle. *Asian-Australasian J. Anim. Sci*. 16(6): 789-793.

Khawaja, T., Khan, S. H., Mukhtar, N., Parveen, A. and Fareed, G. (2013). Production Performance, Egg Quality and Biochemical Parameters of Three Way Crossbred Chickens with Reciprocal F_1 Crossbred Chickens in Sub-Tropical Environment**.** *Italian Journal of Animal Science*.12: 127-132.

Minga, U., Msoffe, P. and Gwakisa, P. (2004). Biodiversity in disease resistance and in pathogens within rural Chickens. Proceeding of the 22nd World's Poultry Congress, Istanbul.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A. and Vitezica, Z. (2015). Manual for BLUPF90 family of program. Accessed Mar 2016.

Morris, A.J. and Pollott, G.E. (1997). Comparison of selection based on phenotype, selection indexand best linear unbiased prediction using data form a closed broiler line. *British Poultry Science*. 38: 249-254.

Naerls(National Agricultural Extension and Research Liason Services). (2000). Improving the performance of local chickens. Extension bulletin No. 92, Poultry series 6:3.

Ndofor-Foleng, H. M., Ngongeh, L. A., Iberu, C. P. N. and Nwosu, C. C. (2010). Evaluation of the performance of two local chicken and the main cross ecotypes reared in Nsukka, Enugu State, Nigeria. *International Journal of science and Nature*. 1(2), 179-182.

Nishida, A., Ogawa, T., Kikuchi, Y., Wakoh, K., Suzuki, K., Shibata, T. et al. (2001). A hopeful prospect for genetic improvement of chronic disease resistance in swine. *Asian-Australasian J. Anim. Sci*. 14: 106-110.

Noda, K., Kino, K., Miyakawa, H., Banba, H. andUmezawa, Y. (2002). Persistency of laying strain building by index selection including oviposition time as selection trait in laying hens. *J. Poult. Sci*. 39: 140-148.

Notter, D. R. (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*. 77(1):61-9.

Ochsner, K.P. (2016). Development of economic selection indices for beef cattle improvement. Beef Improvement federation annual meeting & symposium, Manhattan, Kansas, USA.

MacNeil, M. D., Nugent,R. A. and Snelling,W. M.(1997). Breeding for Profit: an Introduction to Selection Index Concepts. Range Beef Cow Symposium. Paper 142.

Ogbu, C. C. and Omeje, S. S. I. (2011). Within population variation in performance traits in the Nigerian indigenous chicken (NIC). *International Journal of Science and Nature*. 2(2): 192-197.

Okpeku, M., Orheruata, M. and Imunorin, I. G. (2003). Phenotype, genetic variation among local chickens in Edo State of Nigeria. *Journal Society of Animal Production*. 28: 119-127.

R Core Team. (2019). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. https://www.R-project.org

Reist-Marti, S. B., Simianer, H., Gibson. J., Hanotte. O. and Rege, J. E. O. (2003). Weitzman's Approach and Conservation of Breed Diversity: an Application to African Cattle Breeds. *Conservation Biology*. 17: 1299-1311.

Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J.J. (2006). CFC. A tool for monitoring genetic diversity, 8th WCGALP,Belo Horizonte, Brazil.

Szwaczkowski, T., Cywa-Benko, K., andWezyk, S. (2003). A note on inbreeding effect on productive and reproductive traits in laying hens. *Anim. Sci. Papers and Reports. 21*(2), 121-129.

Tule, J. J. (2005). Effects of management system and nutrition on the performance of local chicken ecotypes at Nsukka in the derived savannah zone of Nigeria. PhD Thesis. Dept of Animal Science, University of Nigeria, Nsukka.

Vivian, O. O., Nwosu, C. C, Adeolu, A. I., Udeh, I., Uberu, C. P. N. and Ndofor-Foleng, H. M. (2012). Egg Production Performance in a Nigerian Local Chicken Ecotype Subjected to Selection. *Journal of Agricultural Science*.4(6): 180-186.

Wolanski, N.J., Renema,R.A., Robinson,F.E.,Camey, V.L. andFanchert,B.I. (2007). Relationships among egg characteristics, chick measurements, and early growth traits in ten broiler strains. *Poult. Sci*. 86: 1784-1792.

Yamada, Y., Yokouchi, K. and Nishida, A. (1975). Selection index when genetic gains of individual traits are of primary concern. *Japanese J. Genet*. 50(1): 33-41.

Esfahan native chickens. *Journal of Livestock Science and Technologies*. 1: 34-38.

Yousefi, A., Alijani, S., Mohammadi, H., Rafat, A. and Daghigh Kia, H. (2013). Estimation of genetic parameters for productive and reproductive traits in