

تعیین برنامه مناسب برای اصلاح نژاد بز عدنی با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی

• سید ابوطالب صادقی

دانش آموخته دکتری دانشگاه زابل و استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان بوشهر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بوشهر، ایران

• محمد رکوعی (نویسنده مسئول)

دانشیار گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

• مهدی وفایی واله

دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

• مختارعلی عباسی

دانشیار موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی کرج

• هادی فرجی آروق

استادیار پژوهشکده دام‌های خاص، دانشگاه زابل

تاریخ دریافت: تیر ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش: مرداد ۱۳۹۷

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۳۳۷۲۰۵۳۱

Email: Rokouei@uoz.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.122383.1728

چکیده

این مطالعه باهدف مقایسه میزان پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و فاصله نسل منتج از سه برنامه اصلاح نژاد هسته باز، هسته بسته و نر مرجع با روش شبیه‌سازی تصادفی با نرم‌افزار ADAM انجام شد. چهار سطح اندازه گله، سه سطح تعداد ماده به ازاء هر نر و چهار شاخص انتخاب در سه برنامه اصلاح نژاد (هسته باز، هسته بسته و نر مرجع) ترکیب شده و در مجموع ۱۴۴ سناریو مقایسه گردید. بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات در سیستم هسته باز بدست آمد. هسته بسته کمترین فاصله نسل را داشته و از نظر میزان هم‌خونی بین دو سیستم دیگر بود. سیستم نر مرجع نیز دارای کمترین میزان هم‌خونی و بیشترین فاصله نسل بود. فاصله نسل تحت تأثیر اندازه گله تفاوت معنی‌داری در تمام سطح گله نشان داد و با افزایش اندازه گله زیاد شد. تعداد بز ماده به ازاء هر نر به شدت میزان هم‌خونی و فاصله نسل را تحت تأثیر قرار داد ولی پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات کمتر تحت تأثیر قرار گرفت و در شرایط انتخاب ۲۵ ماده به ازاء هر نر بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات مشاهده گردید. شاخص‌های انتخاب استفاده شده تنها روی پیشرفت ژنتیکی کل تأثیر معنی‌داری نشان دادند و بیشترین مقدار آن در شاخص ۴ (شامل وزن فروش، تعداد زایش در سال و تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش) بدست آمد. با در نظر گرفتن اندازه گله در هسته‌ها تفاوت معنی‌داری در پیشرفت ژنتیکی کل و فاصله نسل مشاهده شده اما ضریب هم‌خونی تحت تأثیر قرار نگرفت. در سیستم هسته باز، بسته و نر مرجع به ترتیب گله‌های ۲۰۰، ۳۰۰ و ۵۰۰ رأسی و سناریوهای ۱۵، ۲۵ و ۳۵ ماده به نر مناسب‌تر بودند. با در نظر گرفتن شاخص‌های انتخاب در سه سیستم اصلاح نژاد، شاخص ۴ به علت سادگی و پیشرفت ژنتیکی بیشتر، بهترین بود.

واژه‌های کلیدی: هسته باز، هسته بسته، نر مرجع، پیشرفت ژنتیکی، هم‌خونی

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 123 pp: 81-94

Determination of appropriate breeding program for Adani Goat using stochastic simulationBy: S.A.T. Sadeghi¹, *M. Rokouei², M. Vafaye Valleh², M.A. Abbasi³ and H. Faraji Arogh⁴¹ PhD Graduated Student of Zabol University and Assistant Prof. Of Animal Science Research Department, Bushehr Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Bushehr, Iran.² Associate Prof. of Dep. of Animal Science and Bioinformatics, Agriculture Faculty, University of Zabol.³ Associate Prof. and Assistant Prof. of Dep. of Animal Science, Agriculture Faculty, University of Zabol,⁴ Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.⁵ Assistant Prof. of Dep. of Research Center of Special Domestic Animals, University of Zabol

*Corresponding Author: Email: Rokouei@uoz.ac.ir

Received: July 2018**Accepted: August 2018**

The objective of this study was to compare genetic gain, inbreeding rate and generation intervals from three breeding programs, include open nucleus, closed nucleus and sire reference through stochastic simulation. Four levels of herd size, three levels of number of female per male, and four selection indices in three breeding programs (open nucleus, closed nucleus and sire references) were combined to make of 144 scenarios. The highest total genetic gain and genetic gain of traits were obtained in the open nucleus system. The closed nucleus had the lowest generation interval, and it in terms of the inbreeding rate was between the other two systems. The sire reference system had the least amount of inbreeding and maximum generation interval. The generation interval affected by herd size and showed a significant difference in the herd level and increased with increasing herd size. The number of female per male significantly affected the inbreeding rate and generation interval, but total genetic gain and genetic gain of the traits were less affected, and the high value was observed in the 25 female per male scenario. The selected indices showed a significant effect on the total genetic gain, and the highest value was obtained in index 4 (Weight at selling, Number of kidding per year, Litter size). Considering the size of the herd in the nucleus, significant difference was observed in total genetic gain and generation interval, but the inbreeding rate factor was not affected. In the open nucleus, closed nucleus and sire reference, 200, 300 and 50 herds, and 15, 25 and 35 female per male scenarios were more suitable, respectively. With regard to selection indices in the three breed systems, index 4 was the best because of its simplicity and had more genetic gain.

Key words: Open nucleus, Closed nucleus, Sire reference, Genetic gain, Inbreeding.**مقدمه**

(۲۰۱۶)، هسته بسته (Mavrogenis، ۲۰۰۶؛ Amayi و همکاران، ۲۰۱۶) و نر مرجع (Donaldson و Robertson، ۱۹۹۲) اشاره کرد.

در ایران برخی برنامه‌های اصلاح نژادی از طریق تأسیس ایستگاه‌های اصلاح نژاد در نقاط مختلف کشور در حال انجام است؛ ولی به دلایل مشخص نبودن اهداف اصلاحی، عدم استفاده از معیار انتخاب مناسب، عدم استفاده از روش‌های دقیق برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی صفات، عدم دقت در رکوردگیری از عملکرد صفات تولیدی و شجره و...، پیشرفت ژنتیکی قابل قبولی برای صفات مورد نظر حاصل نشده است (وطن‌خواه و

پرورش بز یکی از مهم‌ترین منابع درآمدی دامداران در جنوب ایران است که با توجه به خشکسالی‌های اخیر و همچنین وجود شغل‌هایی با درآمد بهتر، ادامه پرورش این دام با خطر مواجه شده است، بنابراین افزایش بازده اقتصادی این حیوان ضروری به نظر می‌رسد. در بیشتر کشورها برنامه‌های اصلاح نژادی مختلفی برای بهبود بازده اقتصادی بز و گوسفند ارائه گردیده که به علت داشتن اهداف مشخص اصلاح نژادی و شاخص انتخاب، مناسب نتایج مثبتی از این برنامه‌ها حاصل شده است. از مهم‌ترین برنامه‌های اصلاح نژاد گوسفند و بز می‌توان به برنامه هسته باز (Oltenuacu، ۲۰۰۱؛ Mueller و همکاران، ۲۰۱۵؛ Amayi و همکاران،

گله بر میزان بهبود ژنتیکی برنامه‌های اصلاح نژادی تأثیر می‌گذارند. مطالعات مختلف نشان می‌دهد با افزایش اندازه گله، میزان پیشرفت ژنتیکی افزایش و میزان هم‌خونی کاهش می‌یابد (کارگر، ۱۳۹۵؛ وطن‌خواه، ۱۳۸۴؛ عباسی و ساورسغلی، ۱۳۹۴؛ Kosgey و همکاران، ۲۰۰۲؛ Gandini و همکاران، ۲۰۱۴). همچنین با افزایش شدت انتخاب و کاهش بز نر در گله، پیشرفت ژنتیکی افزایش داشته است (وطن‌خواه، ۱۳۸۴؛ عباسی و ساورسغلی، ۱۳۹۴).

نوع شاخص انتخاب نیز بر پیشرفت ژنتیکی و ضریب هم‌خونی تأثیر دارد. البته تغییرات پیشرفت ژنتیکی برای صفات در شاخص‌های مختلف انتخاب می‌تواند به علت همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفات زیاد نباشد (کارگر و همکاران، ۱۳۹۵). بیشترین پیشرفت ژنتیکی در شاخص‌های مختلف انتخاب برای صفت تولید شیر گزارش شده است (کارگر، ۱۳۹۵؛ Bett و همکاران، ۲۰۰۷). همچنین گزارش شده که سود خالص در حالی که انتخاب بر اساس شاخص انتخاب کامل انجام گیرد ۱۰ درصد به ازاء هر میش در هر نسل افزایش می‌یابد (وطن‌خواه، ۱۳۸۴).

در ایران برنامه‌های مشخص و هدفمند اصلاح نژادی برای گوسفند و بز وجود نداشته و یا اگر بوده صحیح انجام نشده است. بز عدنی نیز از این قاعده مستثنا نبوده و بنابراین برای بهبود گله‌های آن باید اقدام نمود. این حیوان با شرایط سخت نواحی ساحلی خلیج فارس سازگار بوده و با وجود سیستم تغذیه بسیار ضعیف، تولید شیر و دوقلوزایی بالایی دارد (Bidari و همکاران، ۲۰۱۲). همچنین به علت شکل ظاهری بسیار زیبا بازارپسندی بالایی دارد. بنابراین تعیین استراتژی مناسب اصلاح نژادی با هدف افزایش بازده این حیوان مهم است. با توجه به این که برنامه‌های اصلاح نژاد زمان‌بر و هزینه‌بر هستند و از طرفی در صورت نامناسب بودن یک برنامه اصلاح نژاد، هزینه زیادی ایجاد می‌شود، بنابراین استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری جهت مقایسه استراتژی‌های مختلف اصلاح نژادی ضروری به نظر می‌رسد.

همکاران، ۱۳۸۳). در یک برنامه اصلاح نژادی هسته باز، برای افزایش بازده اقتصادی بزهای کشمیر جنوب ایران، سود به ازاء هر بز در سال به میزان ۴ دلار آمریکا افزایش یافت. همچنین دقت شاخص‌های انتخاب برای انتخاب دام‌های برتر بسته به نوع صفات موجود در شاخص، بین ۴۷ تا ۶۶ درصد گزارش شد (Mueller و همکاران، ۲۰۱۵). در مطالعه دیگری در گوسفند بلوچی، سه استراتژی نر مرجع، هسته باز و هسته بسته با روش شبیه‌سازی کامپیوتری مطالعه شد. نتایج نشان داد که برای تمامی صفات، پیشرفت ژنتیکی ناشی از نر مرجع بیشتر از هسته باز و بسته است. اما میزان هم‌خونی در هسته باز نسبت به نر مرجع و هسته بسته کمتر بود (عباسی و همکاران، ۱۳۸۶).

در شبیه‌سازی استراتژی هسته بسته اصلاح نژادی و دو زیرگروه تکثیرکننده و تجارتمی برای بهبود صفات عملکردی بز حجاز در مناطق نیمه‌گرمسیری برای یک دوره ۵ ساله، گزارش گردید که میزان پیشرفت ژنتیکی تولید شیر و گوشت به ترتیب ۱۹۹ و ۱۰۷ گرم می‌باشد. همچنین با بالا رفتن وراثت‌پذیری صفات، روند پیشرفت ژنتیکی نیز افزایش یافت (Al-Jumaah و Al-Atiyat، ۲۰۱۳).

در یک مطالعه شبیه‌سازی برای مقایسه سناریوهای مختلف اصلاح نژادی بز بودین سیاه در کشور اردن، سیستم هسته بسته که در آن فقط نرها به گله‌های مزرعه منتقل می‌شوند نسبت به هسته باز از نظر سوددهی سالانه بهتر بود (Al-Atiyat و همکاران، ۲۰۱۰). در مطالعه برنامه‌های اصلاحی برای بهبود ژنتیکی بزهای شیری در سیستم‌های تولیدی خرده‌پای کنیا، مشخص شد که هسته باز هم از نظر پاسخ ژنتیکی و هم پاسخ اقتصادی برتر از هسته بسته بوده و بازگشت سرمایه سالیانه، سود هر رأس بز بالغ و پیشرفت ژنتیکی سالیانه هسته باز به ترتیب ۸، ۳/۸ و ۳/۱ درصد بهتر از هسته بسته بود. همچنین دقت انتخاب شاخص انتخاب نیز در هسته باز (۶۲/۳) بیشتر از هسته بسته (۵۷/۸) گزارش شد؛ اما از نظر فاصله نسلی، تفاوتی بین دو هسته مشاهده نشد (Amayi و همکاران، ۲۰۱۶).

اندازه گله، شدت انتخاب و نوع شاخص انتخاب استفاده شده در

مواد و روش‌ها

ساختار جمعیت

جمعیت پایه برای تمامی سناریوها، به طور یکسان با ساختار سنی مبتنی بر سن تولیدمثل برای نرها و ماده‌ها با استفاده از نرم افزار ADAM ایجاد شد. ساختار جمعیت شبیه‌سازی شده مبتنی بر اطلاعات موجود و مربوط به بز عدنی انجام گرفت. مؤلفه‌های واریانس - کواریانس استفاده شده برای صفات موجود در شاخص انتخاب از داده‌های جمع‌آوری شده در ایستگاه اصلاح‌نژادی بز عدنی استخراج گردید (جدول ۱).

میانگین صفات، دامنه سنی استفاده شده و میزان حذف نیز با استفاده از اطلاعات در دسترس برای این حیوان بدست آمد. تعداد حیوان شبیه‌سازی شده برای تمامی سناریوها ۲۰۰۰ رأس بود که بر اساس اندازه گله‌های مختلف، تعداد متفاوتی گله ایجاد گردید. تمام شبیه‌سازی‌ها مبتنی بر دو گروه انتخابی نر و ماده بود. بالاترین سن در نظر گرفته شده برای استفاده از بزهای نر و ماده به ترتیب ۹ و ۸ سال در نظر گرفته شد که به صورت تصادفی هر سال ۱۰ درصد از این حیوانات از گله‌ها حذف می‌شدند. احتمال نر یا ماده بودن بزغاله در همه سناریوها مساوی نیم و سه بزغاله به ازاء هر سال در نظر گرفته شد.

جدول ۱- مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی (روی قطر)، کوواریانس ژنتیکی (بالای قطر) و کوواریانس باقیمانده (پایین قطر)

مورد استفاده برای شبیه‌سازی صفات

صفات	میانگین	وزن فروش (کیلوگرم)	تعداد زایش در سال	تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش (رأس)	تولید شیر (کیلوگرم)	وزن بز بالغ (کیلوگرم)
وزن بز بالغ	۳۲/۵	۰/۸۹۸	۷/۰۳	۱۳/۷۱	۳/۹۵	۳/۱
تولید شیر	۵۷	-۶۱۶/۷	-۳۳۲/۵۱	-۴۹۵/۳۵	۱/۸۶	۲/۶۱۶
تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش	۱/۳۵	۱۰۸۵/۲	۶۲۳/۲۵	۰/۱۲۲	-۸/۷۸	۵/۰۱
تعداد زایش در سال	۱/۷	۷۰۱/۲۲	۰/۲۱	۸۱/۰۹	-۸/۳۴	۲/۴۶۵
وزن فروش	۲۱	۱/۶۸۵	-۲۴۳/۹۷	-۲۸۱/۴۱	۸۸/۴۳	۸/۹۶

انتخاب و صفات موجود در شاخص انتخاب

انتخاب نرها و ماده به صورت انتخاب نقطه‌ای^۱ و براساس شاخص شایستگی کل^۲ صورت گرفت. شاخص شایستگی کل شامل پنج صفت وزن فروش، تعداد زایش در سال، تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش، وزن بز بالغ و تولید شیر بود. ضرایب اقتصادی نسبی این صفات به ترتیب ۱۲/۴۵۷، ۱۸/۰۰۷، ۱۳/۱۳۷، ۰/۷۴۲- و ۱/۵۷۲ بود (صادقی و همکاران، ۱۳۹۷). ارزش اصلاحی برای صفات در تمامی سناریوها با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی و

تجزیه و تحلیل پنج صفتی برآورد شدند. مدل ماتریسی برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر بود:

$$y = Xb + Za + e$$

که y بردار مشاهدات صفات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات افزایشی حیوان، X و Z به ترتیب ماتریس‌های طرح برای اثرات ثابت و افزایشی و e اثرات باقیمانده است. ارزش‌های اصلاحی توسط برنامه DMU (Madsen و Jensen، ۲۰۰۷) برای تجزیه و تحلیل‌ها استفاده شده و بعد از برآورد ارزش اصلاحی

۵۰۰ رأس منظور شد و ۱۵۰۰ رأس بقیه به طور یکسان در گله‌های زیر مجموعه توزیع شدند.

$$H = v_1g_1 + v_2g_2 + \dots + v_n g_n = \bar{v}g$$

تعداد ماده برای آمیزش با هر نر

برای انتخاب تعداد مناسب ماده برای آمیزش با نر انتخاب شده در سناریوها، سه سطح ۱۵، ۲۵ و ۳۵ رأس ماده به ازای هر نر انتخاب شده، مدنظر قرار گرفت. با توجه به تعداد متفاوت ماده که برای نرها منظور می‌شد تعداد کل نر مورد نیاز برای انتخاب در نسل بعد تعیین شده و با استفاده از شاخص شایستگی کل انتخاب می‌شدند.

شاخص انتخاب

با توجه به تعداد صفات و اهمیت نسبی آنها تعداد ۴ شاخص انتخاب مختلف برای سناریوها مدنظر قرار گرفت. با استفاده از ضرایب اقتصادی و اهمیت نسبی حساب شده برای صفات مذکور شاخص‌های مختلف تشکیل گردید. برای منظور کردن شاخص‌های مختلف در برنامه کامپیوتری، اهمیت نسبی صفات نسبت به بزرگترین اهمیت نسبی، سنجیده شده و در ماتریس ضرایب اقتصادی در برنامه مورد نظر وارد شدند. برای صفاتی که در شاخص انتخاب نبودند اهمیت نسبی صفر در نظر گرفته شد (جدول ۲).

صفات، شاخص شایستگی کل براساس ضریب اقتصادی نسبی صفات به صورت زیر محاسبه گردید:

که $\bar{v}g$ ارزش ژنتیکی i امین صفت و v_i ارزش اقتصادی برای i امین صفت هستند.

آمیزش حیوانات انتخاب شده به صورت تصادفی مدنظر قرار گرفت و انتخاب افراد نر و ماده بر اساس نوع برنامه اصلاح نژادی هسته باز، بسته و نر مرجع به صورت داخل گله‌ای یا بین گله‌ای در نظر گرفته شد.

سناریوها

عواملی که برای ایجاد سناریوها مدنظر قرار گرفت شامل اندازه گله، تعداد ماده در نظر گرفته شده برای آمیزش با هر نر، شاخص انتخاب صفات و استراتژی‌های اصلاح نژادی بودند که به تفصیل عبارتند از:

اندازه گله

برای وارد کردن اندازه گله ۴ سطح ۵۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ رأسی مدنظر قرار گرفت با توجه به این که تعداد حیوانات شیبه‌سازی شده ۲۰۰۰ رأس بود، این تعداد حیوان بین گله‌های مختلف به طور یکسان توزیع گردید. البته لازم به ذکر است از آنجایی که در هسته باز و بسته نیاز به یک گله هسته بود، اندازه این گله هسته

جدول ۲- اهمیت نسبی صفات و شاخص‌های انتخاب

شاخص ۴	شاخص ۳	شاخص ۲	شاخص ۱	اهمیت نسبی	صفات
				۰/۶۹	وزن فروش
				۱/۷	تعداد زایش در سال
				۰/۷۳	تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش
-	-			۰/۰۹	شیر تولیدی
-		-		-۰/۰۴	وزن بز بالغ

برنامه اصلاح نژاد

در این تحقیق سه برنامه اصلاح نژاد هسته باز، هسته بسته و نر مرجع شبیه سازی شد. در برنامه های هسته باز و بسته یک گله هسته به اندازه ۵۰۰ رأس به عنوان هسته مدنظر قرار گرفت. در برنامه نر مرجع تعداد ۴۰، ۲۰، ۱۰ و ۷ گله به ترتیب برای اندازه گله ۵۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ رأسی در نظر گرفته شد. بر اساس تعداد ماده در نظر گرفته شده برای نرها، تعداد نر مورد نیاز برای گله ها تعیین شده و نرهای برتر هر گله به عنوان نر مرجع در برنامه آمیزش گله های دیگر شرکت داده شده؛ به طوری که نر انتخاب شده در هر گله نمی توانست در آمیزش خود آن گله شرکت کند. انتخاب نرها بین گله ای و ماده ها داخل گله ای بود و آمیزش ماده ها و نرها نیز به ترتیب داخل گله ای و بین گله ای انجام می شد.

در استراتژی هسته باز، اندازه گله هسته، ۵۰۰ رأس در نظر گرفته شده و مابقی حیوانات در بین گله های دیگر به تعداد مساوی با اندازه های ۵۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ رأسی توزیع شدند. در گله هسته، دام های مازاد برتر نر و ماده با کمک شاخص انتخاب، مشخص و در صورتی که شاخص بالاتری نسبت به متوسط دام های انتخابی گله های عضو داشتند به گله های زیرمجموعه (۵۰ درصد نرها و ۲۰ درصد ماده ها) منتقل می شدند. همچنین دام های برتر از گله های زیرمجموعه نیز به شرطی که شاخص بالاتری نسبت به میانگین گله هسته داشتند، به هسته منتقل می شدند. بقیه حیوانات گله ها برای ثابت ماندن اندازه گله داخل خود گله انتخاب می شد. برنامه هسته بسته مشابه برنامه هسته باز شبیه سازی شد با این تفاوت که فقط دام های برتر مازاد گله هسته در صورتی که شاخص بالاتری نسبت به دام های انتخابی گله های عضو داشتند به آن گله های زیرمجموعه منتقل می شدند و هیچ حیوانی از بیرون هسته به آن وارد نمی شد. در این هسته نیز ۲۰ درصد ماده ها و ۵۰ درصد نرهای هر گله زیرمجموعه از گله هسته وارد شده و بقیه از خود گله تأمین می شد.

تجزیه و تحلیل نتایج

برای بررسی استراتژی های اصلاح نژاد، ۴ سطح اندازه گله (۵۰، ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ رأسی)، ۳ سطح تعداد ماده به ازای هر نر (۱۵،

۲۵ و ۳۵ ماده برای هر نر)، ۴ شاخص انتخاب (جدول ۲) و سه برنامه اصلاح نژادی (هسته باز، بسته و نر مرجع) در نظر گرفته شده و در مجموع ۱۴۴ سناریو برای ۳۰ سال با ۵ تکرار توسط برنامه کامپیوتری ADAM (Pedersen و همکاران، ۲۰۰۹) شبیه سازی شد. بعد از اجرای سناریوهای مختلف، میانگین ارزش اصلاحی صفات، فاصله نسلی و ضرایب هم خونی برای جمعیت در تمامی حیوانات ناشی از ۵ تکرار در هر سال بدست آمد. بر اساس تابعیت میانگین ارزش های اصلاحی صفات، فاصله نسلی و هم خونی از سال تولد، تغییرات ژنتیکی صفات، تغییرات هم خونی و فاصله نسلی جمعیت بدست آمد. تغییرات ژنتیکی کل از تابعیت میانگین شایستگی ژنتیکی کل از سال تولد محاسبه شد. مقایسات آماری بین سطوح مختلف عوامل با استفاده از آنالیز واریانس و آزمون دانکن به کمک نرم افزار SAS (SAS، ۲۰۰۷) انجام گرفت.

نتایج و بحث

نتایج مربوط به اثرات مورد مطالعه بر پیشرفت ژنتیکی کل، پیشرفت ژنتیکی صفات، میزان هم خونی و فاصله نسل در جدول ۳ ارائه شده است. نتایج نشان می دهد سه سیستم اصلاح نژاد هسته باز، هسته بسته و نر مرجع از نظر تمام خصوصیات مورد مطالعه تفاوت معنی داری نشان دادند ($p < 0/05$). بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات در سیستم هسته باز بدست آمد. هسته بسته کمترین فاصله نسل را داشت و از نظر میزان هم خونی بین دو سیستم دیگر بود. سیستم نر مرجع نیز دارای کمترین میزان هم خونی و بیشترین فاصله نسل بود. نتایج مشابهی در مورد مناسب تر بودن هسته باز در بزهای شیری کنیا (Amayi و همکاران، ۲۰۱۶) و بزهای کشمیر جنوب ایران (Mueller و همکاران، ۲۰۱۵) گزارش شده است، ولی برخلاف نتایج این تحقیق، در گوسفند بلوچی سیستم نر مرجع بیشترین پیشرفت ژنتیکی و هسته باز کمترین هم خونی گزارش شده است (عباسی و همکاران، ۱۳۸۶).

کل و پیشرفت ژنتیکی صفات در گله ۵۰ رأسی کمترین بود و تفاوت معنی داری با سایر گله‌ها نشان داد ($p < 0/05$) که می‌تواند بخاطر بیشتر بودن میزان هم‌خونی نیز در این گله باشد. با افزایش اندازه گله، پیشرفت ژنتیکی کل به اندازه ۱/۳۸ درصد افزایش یافت هرچند این افزایش در گله‌های بزرگتر معنی دار نبود. نتایج مشابهی نیز در مورد اندازه گله بر میزان پیشرفت ژنتیکی گزارش شده است (وطن‌خواه، ۱۳۸۴؛ فرجی آروق و همکاران، ۱۳۹۵؛ Gandini و همکاران، ۲۰۱۴). فاصله نسل نیز با افزایش اندازه گله زیاد شد که این افزایش به ترتیب ۰/۷، ۱/۴ و ۱/۸ درصد در گله‌های ۱۰۰، ۲۰۰ و ۳۰۰ رأسی نسبت به گله ۵۰ رأسی بود. با افزایش اندازه گله شدت انتخاب برای نرها کاهش می‌یابد، بنابراین نرهای آزمون شده و مطمئن در گله کم بوده و افراد جایگزین باید مدت زمان بیشتری در گله باقی بمانند، که در نتیجه آن فاصله نسل افزایش می‌یابد (فرجی آروق و همکاران، ۱۳۹۵).

تعداد بز ماده به ازاء هر نر که شدت انتخاب نرها را مشخص می‌کند به شدت میزان هم‌خونی و فاصله نسل را تحت تأثیر قرار داد ولی پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات کمتر تحت تأثیر قرار گرفت؛ طوری که تنها در حالت ۱۵ ماده به ازاء هر نر تفاوت معنی داری با سایر حالات مشاهده گردید ($p < 0/05$). در شرایط انتخاب ۲۵ ماده به ازاء هر نر بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات مشاهده گردید ضمن این که میزان هم‌خونی و فاصله نسل نیز نسبت به دو سناریو دیگر متوسط بود. میزان هم‌خونی و فاصله نسل تحت تأثیر تعداد متفاوت ماده به ازاء هر نر بود و در هر سه سناریو تفاوت معنی دار بود ($p < 0/05$). با افزایش تعداد ماده به نر تعداد نرهای هر گله کاهش و بنابراین شدت انتخاب زیاد می‌شود، بنابراین میزان هم‌خونی زیاد شده و فاصله نسل کم می‌گردد (Bourdon، ۲۰۰۰). بیشترین و کمترین میزان هم‌خونی به ترتیب در سناریو ۳۵ و ۱۵ ماده به ازاء هر نر و بیشترین و کمترین فاصله نسل برعکس در سناریو ۱۵ و ۳۵ ماده به ازاء هر نر مشاهده گردید. در بز کرکی رایجی بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی و هم‌خونی در نسبت ۲۵ ماده به نر و کمترین آن را در نسبت ۱۶ ماده به نر بدست آمد (کارگر، ۱۳۹۵) که یکی از

برای بز سیاه بودین در کشور اردن سیستم هسته بسته به عنوان سیستم اصلاح نژاد مناسب‌تر معرفی شده است (Al-Atiyat و همکاران، ۲۰۱۰). البته چون عوامل مختلفی مانند تعداد صفات، ضرایب اقتصادی صفات، شدت انتخاب نر و ماده، مؤلفه‌های (کو)واریانس صفات، اندازه جمعیت، روش انتخاب، تعداد ماده به نر و نوع برنامه اصلاح نژاد بر میزان پیشرفت ژنتیکی و میزان هم‌خونی برنامه‌های مختلف اصلاح نژاد تأثیر دارند (Kosgey و همکاران، ۲۰۰۲؛ Sørensen و همکاران، ۲۰۰۲)، بنابراین در مطالعات مختلف نیز نتایج مختلفی قابل انتظار است. از نظر میزان پیشرفت ژنتیکی کل، سیستم هسته باز نسبت به هسته بسته و نر مرجع به ترتیب ۱۹ و ۸ درصد بیشتر بود. این مزیت می‌تواند به علت بیشتر بودن تنوع ژنتیکی و شدت انتخاب در هسته باز باشد. از نظر میزان هم‌خونی، سیستم نر مرجع نسبت به هسته باز و بسته به ترتیب ۵۰ و ۱۳ درصد کمتر بود. زیرا در سیستم نر مرجع هر سال از نرهای جدید گله‌های دیگر در گله هدف استفاده می‌شود و نرهای هر گله نیز به خارج از آن گله منتقل می‌گردند، بنابراین هم‌خونی در این سیستم کمتر است. فاصله نسل در سیستم هسته بسته نسبت به هسته باز و نر مرجع به ترتیب ۴/۶ و ۱۸ درصد کمتر بدست آمد. در این سیستم از نرهای آزمون شده بیشتری در آمیزش‌ها استفاده می‌شود لذا این نرها مدت زمان کمتری در گله بوده و بنابراین فاصله نسل کاهش می‌یابد (Bourdon، ۲۰۰۰)، با این وجود هم‌خونی زیاد می‌شود. میزان پیشرفت ژنتیکی صفات وزن فروش، تعداد زایش در سال، تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش، وزن بز بالغ و شیر در سیستم هسته باز بیشترین مقدار را نشان داد و سیستم نر مرجع و هسته بسته در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند، البته صفت تولید شیر در سیستم هسته بسته کمترین پیشرفت ژنتیکی را داشت (جدول ۳).

پارامتری که به شدت تحت تأثیر اندازه گله قرار گرفت فاصله نسل بود و در همه چهار سطح گله تفاوت معنی داری را نشان داد ($p < 0/05$) و با افزایش اندازه گله نیز زیاد شد. میزان هم‌خونی گله نیز تحت تأثیر اندازه گله قرار نگرفت ولی بیشترین میزان هم‌خونی در گله ۵۰ رأسی مشاهده گردید. میزان پیشرفت ژنتیکی

پیشرفت ژنتیکی کل در شاخص ۱ و بیشترین مقدار آن در شاخص ۳ مشاهده گردید، ولی چون تفاوت معنی داری بین شاخص‌های ۳ و ۴ وجود نداشت بنابراین شاخص ۴ که ساده‌تر است به عنوان شاخص انتخاب مناسب پیشنهاد می‌شود. ضمن این‌که شاخص‌های انتخاب تأثیر معنی داری بر میزان هم‌خونی و فاصله نسل نشان ندادند. همچنین پیشرفت ژنتیکی صفات نیز تحت تأثیر شاخص‌ها قرار نگرفتند. در برخی گزارشات بیشترین پیشرفت ژنتیکی در صفات موجود در شاخص انتخاب برای صفت تولید شیر

دلایل بالاتر بودن میزان پیشرفت ژنتیکی، زیاد بودن شدت انتخاب است (Bourdon, ۲۰۰۰). در گوسفند لری بختیاری نسبت قوچ ۰/۰۲ (۵۰ ماده به نر) و در گله‌های کوچک‌تر نسبت قوچ بالاتر از ۰/۰۶ (۱۶ ماده به نر) به عنوان مناسب‌ترین گزینه پیشنهاد شده است (وطن‌خواه، ۱۳۸۴).

شاخص‌های انتخاب استفاده شده تنها روی پیشرفت ژنتیکی کل تأثیر معنی داری نشان دادند ($p < 0/05$) طوری که شاخص انتخاب ۱ و ۲ تفاوت معنی داری با شاخص ۳ و ۴ نشان داد. کمترین میزان

جدول ۳- میزان پیشرفت ژنتیکی کل و هر صفت، میزان هم‌خونی و فاصله نسل \pm خطای معیار بین سطوح مختلف عوامل بررسی شده

شدت انتخاب نر	پیشرفت ژنتیکی صفات					فاصله نسل (سال)	میزان هم‌خونی (درصد)	پیشرفت ژنتیکی کل	هسته
	صفت ۵	صفت ۴	صفت ۳	صفت ۲	صفت ۱				
۲/۷۸۱ ^a \pm ۰/۰۲	۰/۱۴۶ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۸۰۶ ^a \pm ۰/۰۳	۰/۱۲۷ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۸۲۶ ^d \pm ۰/۰۰	۹/۴۱۳ ^d \pm ۰/۰۴	۲/۸۵ ^a \pm ۰/۰۰	۰/۶۶ ^d \pm ۰/۰۳	۲۳/۵۹۴ ^d \pm ۰/۱۱	باز
۲/۲۴۴ ^b \pm ۰/۰۲	۰/۱۲۳ ^b \pm ۰/۰۰	-۵/۵۵۱ ^b \pm ۰/۰۳	۰/۱۲۳ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۶۸ ^d \pm ۰/۰۰	۷/۶۵۵ ^d \pm ۰/۰۴	۲/۷۲ ^b \pm ۰/۰۰	۰/۳۸ ^b \pm ۰/۰۲	۱۹/۱۳۳ ^b \pm ۰/۱۰	بسته
۱/۸۵۰ ^c \pm ۰/۰۴	۰/۹۸۰ ^c \pm ۰/۰۰	-۶/۲۲۴ ^c \pm ۰/۰۵	۰/۱۱۵ ^c \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^c \pm ۰/۰۰	۸/۵۷۳ ^c \pm ۰/۰۷	۲/۹ ^c \pm ۰/۰۱	۰/۳۳ ^c \pm ۰/۰۲	۲۱/۶۰۱ ^c \pm ۰/۱۶	نر مرجع
									اندازه گله
۲/۴۱۸ ^a \pm ۰/۰۵	۰/۱۳۳ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۱۵۰ ^a \pm ۰/۰۱	۰/۱۱۴ ^a \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۴ ^a \pm ۰/۰۰	۸/۴۷۸ ^a \pm ۰/۱۴	۲/۸۰ ^a \pm ۰/۰۱	۰/۴۷ ^a \pm ۰/۰۳	۲۱/۲۳۳ ^a \pm ۰/۳۶	۵۰
۲/۳۲۸ ^b \pm ۰/۰۶	۰/۱۱۸ ^b \pm ۰/۰۰	-۶/۲۲۱ ^b \pm ۰/۰۹	۰/۱۱۶ ^b \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۹۶ ^b \pm ۰/۱۴	۲/۸۲ ^b \pm ۰/۰۱	۰/۴۵ ^b \pm ۰/۰۳	۲۱/۵۲۶ ^b \pm ۰/۳۳	۱۰۰
۲/۲۳۸ ^c \pm ۰/۰۸	۰/۱۲۰ ^b \pm ۰/۰۰	-۶/۲۰۹ ^{ab} \pm ۰/۰۱	۰/۱۱۵ ^{cd} \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۶۷ ^b \pm ۰/۱۳	۲/۸۴ ^c \pm ۰/۰۲	۰/۴۵ ^b \pm ۰/۰۴	۲۱/۵۲۷ ^b \pm ۰/۳۲	۲۰۰
۲/۱۸۳ ^c \pm ۰/۰۹	۰/۱۱۹ ^b \pm ۰/۰۰	-۶/۱۹۵ ^{ab} \pm ۰/۰۹	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۴۸ ^b \pm ۰/۱۳	۲/۸۵ ^c \pm ۰/۰۲	۰/۴۵ ^b \pm ۰/۰۴	۲۱/۵۲۹ ^b \pm ۰/۳۶	۳۰۰
									ماده به نر
۲/۱۲۸ ^a \pm ۰/۰۶	۰/۱۲۲ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۱۶۰ ^a \pm ۰/۰۹	۰/۱۱۴ ^a \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۴۹۱ ^a \pm ۰/۱۲	۲/۸۵ ^a \pm ۰/۰۱	۰/۲۰ ^a \pm ۰/۰۱	۲۱/۳۴۴ ^a \pm ۰/۳۰	۱۵
۲/۱۲۸ ^a \pm ۰/۰۶	۰/۱۲۴ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۲۰۶ ^b \pm ۰/۰۸	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۷۶ ^b \pm ۰/۱۲	۲/۸۲ ^b \pm ۰/۰۱	۰/۴۶ ^b \pm ۰/۰۲	۲۱/۵۰۸ ^b \pm ۰/۳۰	۲۵
۲/۱۲۸ ^a \pm ۰/۰۶	۰/۱۲۱ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۲۱۶ ^c \pm ۰/۰۸	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۷۴ ^b \pm ۰/۱۱	۲/۸۰ ^c \pm ۰/۰۱	۰/۶۲ ^c \pm ۰/۰۳	۲۱/۴۷۵ ^b \pm ۰/۲۸	۳۵
									شاخص انتخاب
۲/۲۹۱ ^{ab} \pm ۰/۰۷	۰/۱۲۷ ^a \pm ۰/۰۰	-۶/۱۴۷ ^a \pm ۰/۰۱	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۳۵ ^b \pm ۰/۱۴	۲/۸۳ ^b \pm ۰/۰۲	۰/۴۶ ^b \pm ۰/۰۳	۲۱/۱۶۳ ^a \pm ۰/۳۵	۱
۲/۵۹۵ ^a \pm ۰/۰۷	۰/۱۲۵ ^a \pm ۰/۰۰	-	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۵۲ ^b \pm ۰/۱۳	۲/۸۲ ^b \pm ۰/۰۱	۰/۴۶ ^b \pm ۰/۰۳	۲۱/۱۸۴ ^a \pm ۰/۳۳	۲
۲/۲۸۹ ^u \pm ۰/۰۷	-	-۶/۲۲۵ ^b \pm ۰/۰۹	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۳۹ ^b \pm ۰/۱۴	۲/۸۳ ^b \pm ۰/۰۲	۰/۴۵ ^b \pm ۰/۰۴	۲۱/۶۶۴ ^u \pm ۰/۳۵	۳
۲/۲۹۱ ^{ab} \pm ۰/۰۷	-	-	۰/۱۱۵ ^d \pm ۰/۰۰	۰/۰۷۵ ^b \pm ۰/۰۰	۸/۵۶۲ ^b \pm ۰/۱۳	۲/۸۲ ^b \pm ۰/۰۲	۰/۴۶ ^b \pm ۰/۰۴	۲۱/۵۷۹ ^v \pm ۰/۳۳	۴

بیشترین پیشرفت ژنتیکی را داشت و بهترین بود ضمن این که فاصله نسل و هم‌خونی تحت تأثیر اندازه گله قرار نگرفتند. در سیستم نر مرجع اندازه گله به شدت میزان پیشرفت ژنتیکی کل و فاصله نسل را تحت تأثیر قرار داد و تفاوت معنی‌داری بین سطوح مختلف گله مشاهده گردید ($p < 0/05$). در این سیستم برخلاف دو سیستم هسته باز و بسته بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی و کمترین میزان فاصله نسل در گله کوچکتر یعنی ۵۰ رأسی مشاهده گردید (جدول ۴). در یک تحقیق در گوسفند نشان داده شد با افزایش اندازه گله از ۱۰۰ به ۵۰۰ رأس در طرح‌های اصلاح نژادی مبتنی بر هسته یا نر مرجع و روش‌های مختلف ارزیابی به صورت ژنتیکی و فنوتیپی میزان پیشرفت ژنتیکی افزایش و میزان هم‌خونی کاهش می‌یابد (Kosgey و همکاران، ۲۰۰۲). نتایج مشابهی نیز در گوسفند لری بختیاری گزارش شده است (وطن‌خواه، ۱۳۸۴).

در جدول ۴ اثر اندازه گله بر صفات مورد بررسی در سه برنامه اصلاح نژاد نشان داده شده است. با در نظر گرفتن اندازه گله در برنامه‌های مختلف، تفاوت معنی‌داری در پیشرفت ژنتیکی کل و فاصله نسل بین گله‌ها مشاهده شد ($p < 0/05$) ولی میزان هم‌خونی تحت تأثیر قرار نگرفت. در سیستم هسته باز و بسته با بزرگ شدن اندازه گله میزان پیشرفت ژنتیکی کل افزایش و فاصله نسل کاهش یافت و میزان هم‌خونی نیز تحت تأثیر قرار نگرفت. زیرا در این دو سیستم با بزرگ شدن اندازه گله، تنوع ژنتیکی زیاد شده و به علت استفاده بیشتر از نرهای آزمون شده فاصله نسل کمتر می‌شود و این عوامل باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌شود. در سیستم هسته باز در گله ۲۰۰ رأسی بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی و کمترین فاصله نسل مشاهده گردید و بنابراین این اندازه گله در سیستم هسته باز مناسب‌ترین است. در سیستم هسته بسته نیز، گله ۳۰۰ رأسی

جدول ۴- اثر اندازه گله در میزان پیشرفت ژنتیکی کل، میزان هم‌خونی و فاصله نسل \pm خطای معیار در سه برنامه اصلاح نژادی

فاصله نسل (سال)	میزان هم‌خونی (درصد)	پیشرفت ژنتیکی	اندازه گله	
۲/۸۶۱ ^a \pm ۰/۰۳	۰/۶۶ \pm ۰/۰۱۶	۲۲/۷۳ ^a \pm ۰/۱۳	۵۰	هسته باز
۲/۸۵۳ ^b \pm ۰/۰۰	۰/۶۴ \pm ۰/۰۱۶	۲۳/۴۱ ^b \pm ۰/۱۰	۱۰۰	
۲/۸۴۸ ^{bc} \pm ۰/۰۰	۰/۶۶ \pm ۰/۰۱۷	۲۳/۹۶ ^c \pm ۰/۱۲	۲۰۰	
۲/۸۴۴ ^c \pm ۰/۰۰	۰/۶۸ \pm ۰/۰۲۰	۲۴/۲۸ ^d \pm ۰/۱۷	۳۰۰	
۲/۷۱۸ \pm ۰/۰۱	۰/۴۰ \pm ۰/۰۳۵	۱۸/۳۲ ^a \pm ۰/۱۵	۵۰	هسته بسته
۲/۷۱۹ \pm ۰/۰۱	۰/۳۸ \pm ۰/۰۳۷	۱۸/۹۳ ^b \pm ۰/۱۶	۱۰۰	
۲/۷۲۱ \pm ۰/۰۱	۰/۳۸ \pm ۰/۰۳۶	۱۹/۵۸ ^c \pm ۰/۱۲	۲۰۰	
۲/۷۲۰ \pm ۰/۰۱	۰/۳۸ \pm ۰/۰۳۲	۱۹/۷۱ ^d \pm ۰/۱۲	۳۰۰	
۲/۸۰۸ ^a \pm ۰/۰۱	۰/۳۵ \pm ۰/۰۳۶	۲۲/۶۵ ^a \pm ۰/۱۲	۵۰	نر مرجع
۲/۸۸۵ ^b \pm ۰/۰۱	۰/۳۲ \pm ۰/۰۳۳	۲۲/۲۵ ^b \pm ۰/۱۲	۱۰۰	
۲/۹۴۵ ^c \pm ۰/۰۱	۰/۳۱ \pm ۰/۰۲۸	۲۱/۰۴ ^c \pm ۰/۲۳	۲۰۰	
۲/۹۷۵ ^d \pm ۰/۰۱	۰/۳۳ \pm ۰/۰۲۶	۲۰/۴۷ ^d \pm ۰/۲۷	۳۰۰	

در جدول ۵ نتایج اثر تعداد ماده به نر در میزان پیشرفت ژنتیکی کل، میزان هم‌خونی و فاصله نسل در سه برنامه اصلاح‌نژادی ارائه شده است. تعداد ماده به ازاء هر نر که نشان‌دهنده شدت انتخاب است در هر سه سیستم، میزان هم‌خونی و فاصله نسل را تحت تأثیر قرار داد ($p < 0/05$) به طوری که در سیستم اصلاحی هسته باز و نر مرجع روی پیشرفت ژنتیکی نیز تأثیر معنی‌داری داشت ($p < 0/05$) در سیستم هسته باز در سناریو تعداد ۱۵ ماده به نر بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی و کمترین میزان هم‌خونی و فاصله نسل مشاهده گردید بنابراین این شدت انتخاب می‌تواند مناسب‌ترین در نظر گرفته شود. در این سناریو با وجودی که شدت انتخاب کمترین است ولی به علت تنوع ژنتیکی بیشتر و کمتر بودن میزان هم‌خونی به دلیل ارتباط بین گله‌های هسته و گله‌های زیر مجموعه، پیشرفت ژنتیکی زیاد شده است. معمولاً در شدت انتخاب بالاتر پیشرفت ژنتیکی بیشتر است (Bourdon, 2000) ولی چون در اینجا میزان هم‌خونی و فاصله نسل در شدت انتخاب بالاتر زیاد شده بنابراین پیشرفت ژنتیکی کاهش یافته است (Falconer و Mackay, 1996). در هسته بسته نیز تفاوت معنی‌داری در میزان هم‌خونی و فاصله نسل مشاهده گردید

در این سیستم، در سناریو تعداد ۲۵ ماده به نر چون میزان هم‌خونی و فاصله نسل در حد واسط دو سناریو دیگر قرار دارد و با توجه به این که پیشرفت ژنتیکی در این سه سناریو تغییر معنی‌داری پیدا نکرده و همچنین در نظر گرفتن هزینه نگهداری نرها در گله، سناریو تعداد ۲۵ ماده به نر، مناسب‌تر است. همچنین توجه به این نکته نیز لازم است که میزان هم‌خونی بالا در گله کل سود اقتصادی دامدار را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Falconer و Mackay, 1996). در سیستم نر مرجع، میزان پیشرفت ژنتیکی نیز تحت تأثیر سه سناریو تعداد ماده به نر، تغییرات معنی‌داری پیدا کرد ($p < 0/05$) و با افزایش شدت انتخاب، بیشتر شد. همچنین میزان هم‌خونی افزایش ولی فاصله نسل کاهش یافت. بنابراین در این حالت با وجود بالاتر بودن میزان هم‌خونی در سناریو ۳۵ ماده به نر، چون میزان پیشرفت ژنتیکی بیشترین و فاصله نسل کمترین است در مقایسه با دو سناریو دیگر می‌تواند مناسب‌تر باشد (جدول ۵). در گوسفند لری بختیاری برای گله‌های کمتر از ۵۰۰ رأس نسبت ۱۶ ماده به نر (وطن‌خواه، ۱۳۸۴) و در بز کرکی راینی نسبت ۲۵ ماده به نر در گله ۴۰۰ رأسی (کارگر، ۱۳۹۵) به عنوان مناسب‌ترین سناریو پیشنهاد شده است.

جدول ۵- اثر تعداد ماده به نر در میزان پیشرفت ژنتیکی کل، میزان هم‌خونی و فاصله نسل \pm خطای معیار

در سه برنامه اصلاح‌نژادی

فاصله نسل (سال)	میزان هم‌خونی (درصد)	پیشرفت ژنتیکی	ماده به نر	
$2/847^a \pm 0/002$	$0/24^a \pm 0/001$	$23/75^a \pm 0/16$	۱۵	هسته باز
$2/855^b \pm 0/002$	$0/38^b \pm 0/002$	$23/64^{ab} \pm 0/24$	۲۵	
$2/852^{ab} \pm 0/002$	$0/52^c \pm 0/003$	$23/39^b \pm 0/15$	۳۵	
$2/752^a \pm 0/002$	$0/43^a \pm 0/002$	$19/21 \pm 0/13$	۱۵	هسته بسته
$2/714^b \pm 0/002$	$0/67^b \pm 0/004$	$19/12 \pm 0/22$	۲۵	
$2/693^c \pm 0/002$	$0/89^c \pm 0/005$	$19/06 \pm 0/19$	۳۵	
$2/947^a \pm 0/018$	$0/21^a \pm 0/001$	$21/06^a \pm 0/24$	۱۵	نر مرجع
$2/896^b \pm 0/015$	$0/33^b \pm 0/002$	$21/77^b \pm 0/21$	۲۵	
$2/867^c \pm 0/015$	$0/45^c \pm 0/002$	$21/97^c \pm 0/16$	۳۵	

وزن فروش، تعداد زایش در سال و تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش است (جدول ۶)، همچنین اندازه گیری این صفات نیز ساده است. در بز کرکی رایینی شاخص انتخاب کامل که شامل صفات وزن زمان فروش، تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش، شیر تولیدی، وزن بز بالغ و کرک تولیدی بود به عنوان شاخص انتخاب مناسب پیشنهاد شده است (کارگر و همکاران، ۱۳۹۵). در گوسفند افشاری نیز شاخص انتخاب کل که شامل سه صفت وزن بیده پشم سالانه، وزن بدن میش و کل وزن از شیرگیری به ازاء هر میش در معرض آمیزش بود به عنوان شاخص انتخاب مناسب در شرایط روستایی پیشنهاد شده است (عباسی و ساورسلفی، ۱۳۹۴).

در جدول ۶ نتایج اثر شاخص های انتخاب در میزان پیشرفت ژنتیکی کل، میزان هم خونی و فاصله نسل در سه برنامه اصلاح نژادی نشان داده شده است. نتایج نشان می دهد که میزان هم خونی و فاصله نسل تحت تأثیر شاخص انتخاب قرار نمی گیرد و تنها پیشرفت ژنتیکی صفات تا حدودی متأثر می شود. در این سیستم ها شاخص های انتخاب ۱ و ۲ تفاوت معنی داری در میزان پیشرفت ژنتیکی با شاخص های ۳ و ۴ نشان دادند. شاخص های انتخاب ۳ و ۴ بیشترین پیشرفت ژنتیکی را داشتند و چون این دو شاخص تفاوت معنی داری نداشته و شاخص ۴ ساده تر است بنابراین در هر سه سیستم اصلاح نژاد شاخص انتخاب ۴ به عنوان مناسب ترین شاخص انتخاب می گردد. شاخص ۴ شامل صفات

جدول ۶- اثر شاخص انتخاب در میزان پیشرفت ژنتیکی کل، میزان هم خونی و فاصله نسل ± خطای معیار در سه برنامه اصلاح نژادی

شاخص انتخاب	پیشرفت ژنتیکی	میزان هم خونی (درصد)	فاصله نسل (سال)
هسته باز			
۱	۲۳/۴۲ ^a ± ۰/۲۰	۰/۶۶ ± ۰/۰۵۳	۲/۸۵۲ ± ۰/۰۰۳
۲	۲۳/۲۹ ^a ± ۰/۲۲	۰/۶۶ ± ۰/۰۶۰	۲/۸۴۸ ± ۰/۰۰۳
۳	۲۳/۸۰ ^b ± ۰/۱۹	۰/۶۵ ± ۰/۰۵۶	۲/۸۵۴ ± ۰/۰۰۳
۴	۲۳/۸۸ ^b ± ۰/۲۰	۰/۶۷ ± ۰/۰۶۹	۲/۸۵۲ ± ۰/۰۰۳
هسته بسته			
۱	۱۸/۸۳ ^a ± ۰/۲۰	۰/۳۹ ± ۰/۰۳۶	۲/۷۱۹ ± ۰/۰۰۶
۲	۱۸/۷۷ ^a ± ۰/۲۱	۰/۳۸ ± ۰/۰۳۷	۲/۷۲۰ ± ۰/۰۰۹
۳	۱۹/۴۰ ^b ± ۰/۱۶	۰/۳۹ ± ۰/۰۳۵	۲/۷۲۲ ± ۰/۰۰۶
۴	۱۹/۵۳ ^b ± ۰/۱۸	۰/۳۷ ± ۰/۰۳۱	۲/۷۱۸ ± ۰/۰۰۹
نر مرجع			
۱	۲۱/۲۴ ^a ± ۰/۲۶	۰/۳۳ ± ۰/۰۳۲	۲/۹۰۴ ± ۰/۰۲۳
۲	۲۱/۵۰ ^{ab} ± ۰/۲۸	۰/۳۳ ± ۰/۰۳۰	۲/۹۰۴ ± ۰/۰۲۰
۳	۲۱/۸۱ ^b ± ۰/۲۸	۰/۳۳ ± ۰/۰۲۷	۲/۹۰۴ ± ۰/۰۲۰
۴	۲۱/۸۷ ^b ± ۰/۲۶	۰/۳۳ ± ۰/۰۳۵	۲/۹۰۱ ± ۰/۰۲۰

نتیجه گیری کلی

هم خونی بین دو سیستم دیگر بود. سیستم نر مرجع نیز دارای کمترین میزان هم خونی و بیشترین فاصله نسل بود. فاصله نسل به شدت تحت تأثیر اندازه گله بوده و با افزایش اندازه گله نیز زیاد

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات در سیستم هسته باز بدست آمد. هسته بسته کمترین فاصله نسل را داشته و از نظر میزان

منابع

- صادقی، س.ا.ط.، رکوعی، م.، وفایی واله، م.، عباسی، م.ع. و فرجی آروق، ه. (۱۳۹۷). تعیین اهداف اصلاحی و ضرایب اقتصادی بز عدنی در سیستم پرورش مرتعی. مجله پژوهش در نشخوارکنندگان. پذیرش شده.
- عباسی، م.ع. ساورسقلی، س. (۱۳۹۴). تعیین شاخص انتخاب مناسب برای گوسفند نژاد افشاری در شرایط پرورش روستایی. تولیدات دامی، جلد ۱۱(۱)، صص ۸-۱.
- عباسی، م.ع.، نجاتی جوارمی، ا.، واعظ ترشیزی، ر. و عصفوری، ر. (۱۳۸۶). تعیین برنامه مناسب برای اصلاح نژاد گوسفند بلوچی. پژوهش و سازندگی، شماره ۸۶، صص ۱۴۳-۱۳۸.
- فرجی آروق، ه.، اسلمی نژاد، ع.ل.، طهمورث پور، م.، رکوعی، م. و شریعتی، م.م. (۱۳۹۵). مطالعه اثر تغییر اندازه گله، نوع اسپرم، هم‌پوشانی نسل‌ها و اهداف اصلاحی بر پیشرفت ژنتیکی گاوهای شیری هلستاین با استفاده از شبیه سازی تصادفی. پژوهش‌های تولیدات دامی سال هفتم، شماره ۱۳، صص ۱۰۷-۱۰۰.
- کارگر برزی، ن. (۱۳۹۵). تعیین اهداف اصلاحی و استراتژی انتخاب برای بز کرکی رایینی در سامانه مرتعی. رساله دکتری، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه شهید باهنر کرمان
- وطن‌خواه، م. (۱۳۸۴). تعیین مدل مناسب اصلاح نژاد گوسفندان لری بختیاری در سیستم روستایی. رساله دکتری، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.
- وطن‌خواه، م.، مرادی شهر بابک، م.، نجاتی جوارمی، ا.، میرائی آشتیانی س. ر. و واعظ ترشیزی، ر. (۱۳۸۳). مروری بر اصلاح نژاد گوسفند در ایران، مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، صفحات ۵۹۶-۵۹۰.

شد. تعداد بز ماده به ازاء هر نر که تعیین کننده شدت انتخاب نرها بوده به شدت میزان هم‌خونی و فاصله نسل را تحت تأثیر قرار داده ولی پیشرفت ژنتیکی کل و پیشرفت ژنتیکی صفات کمتر تحت تأثیر قرار گرفتند. شاخص انتخاب ۴ (وزن فروش، تعداد زایش در سال و تعداد بزغاله متولد شده در هر زایش) که ساده‌ترین شاخص بود بیشترین پیشرفت ژنتیکی را نشان داد و بنابراین به عنوان شاخص انتخاب مناسب پیشنهاد می‌گردد. در سیستم هسته باز، هسته بسته و نر مرجع به ترتیب اندازه گله ۲۰۰، ۳۰۰ و ۵۰ رأسی می‌تواند اندازه مناسبی باشد و تعداد ماده به نر برای سیستم‌ها، به ترتیب تعداد ۱۵، ۲۵ و ۳۵ ماده به نر بهترین نتیجه را داشت. با در نظر گرفتن شاخص انتخاب در سیستم‌های مورد مطالعه شاخص ۴ که ساده‌ترین شاخص بوده دارای بیشترین پیشرفت ژنتیکی بوده می‌تواند شاخص مورد نظر مد نظر قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

از نویسندگان نرم‌افزار ADAM، و آقای دکتر اندرسن کریستین سورنسن به پاس همکاری و راهنمایی آنها برای انجام تحقیق قدردانی می‌شود.

پاورقی

- 1- Truncation Selection
- 2- Net Merit Index

- Falconer, D. and Mackay, T. (1996). Introduction to Quantitative Genetics. 4^{ed}. Longman Scientific and Technical, 464 pp.
- Gandini, G., Del Corvo, M., Biscarini, F. and Stella, A. (2014). Genetic improvement of small ruminant local breeds with nucleus and inbreeding control: a simulation study. *Small Ruminant Research*. 120 (2): 196-203.
- Madsen, p. and Jensen, j. (2007). A user's guide to DMU. a package for analyzing multivariate mixed models. Version 6, release 4.5. <http://dmu.agrsci.dk>.
- Mavrogenis, A. (2006). Genetic improvement of Choisis sheep and Damascus goat. In: Review for 2003-2004. Agricultural Research Institute, Lefkousia, Cyprus.
- Kosgey, I., Van der Werf, J., Kinghorn, B., Van Arendonk, J. and Baker, R. (2002). Alternative breeding schemes for meat sheep in the tropics. In Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production, pp. 19-23.
- Mueller, J., Ansari-Renani, H., Momen, S.S., Ehsani, M., Alipour, O. and Rischkowsky, B. (2015). Implementation of a cashmere goat breeding program amongst nomads in Southern Iran. *Small Ruminant Research*. 129: 69-76.
- Oltencu, P.A. (2001). Genetic Improvement program for dairy sheep. http://www.ansci.wisc.edu/extensionnew%20copy/sheep/Publications_and_Proceedings/Pdf/Dairy/Reproduction%20and%20Genetics/Genetic%20Improvement%20program%20for%20dairy%20sheep.pdf.
- Pedersen, L.D., Sørensen, A.C., Henryon, M., Ansari-Mahyari, S. and Berg, P. (2009). ADAM: a computer program to simulate selective-breeding schemes for animals. *Livestock Science*. 121: 343-344.
- SAS. (2007). SAS Online Doc 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Al-Atiyat, R. and Aljumaah, R.S. (2013). Simulated breeding scenarios for improving Hejaz goat performance in subtropics. *Journal of Food Agriculture and Environment*. 11: 440-444.
- Al-Atiyat, R., Rewe, T., Herold, P. and Zárate, A.V. (2010). A simulation study to compare different breeding scenarios for Black Bedouin goat in Jordan. *Egyptian journal of Sheep and Goat Science*. 5(1): 83-92.
- Amayi, A., Okeno, T., Gicheha, M. and Kahi, A. (2016). Breeding systems for genetic improvement of dairy goats in smallholder production systems in Kenya. *Small Ruminant Research*. 144: 176-183.
- Bidari, M., Dashtizadeh, M., Yazdanshenas, M.S., Ghotbi, A., and Avazi Yadkuri, H. (2010). Effect of Estrus Synchronization with Sponge and CIDR on Pregnancy Rate, Sex and Birth Type of Kids in Iranian Adani (Persian Gulf) Goats In Proceedings of the 1st Asia Dairy Goat Conference (Kuala Lumpur, Malaysia), pp. 111-112.
- Bett, R., Kosgey, I., Bebe, B. and Kahi, A. (2007). Breeding goals for the Kenya Dual Purpose goat. II. Estimation of economic values for production and functional traits. *Tropical animal health and production*. 39: 467-475.
- Bourdon, R.M. (2000). Understanding animal breeding. Prentice Hall Upper Saddle River, NJ.
- Donalson, D. and Robertson, D. (1992). Merino sire referencing in western Australia: a survey of past participations in the western Australian pilot and modified sire reference schemes. In Proceedings Australian Association Animal Breeding Genetics. <http://www.aaabg.org/livestocklibrary/1992/ab92114.pdf>.

Sørensen, M.K., Nielsen, L.P., Jørgensen, J. and Berg, P. (2002). Stochastic simulations of dairy cattle breeding schemes with cooperating populations. In 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, pp. 19-23.

■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■