

تعیین برنامه مناسب برای اصلاح نژاد گوسفند بلوچی

• مختارعلی عباسی

دانش آموخته دانشگاه تربیت مدرس

• اردشیر نجاتی جوارمی

استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

• رسول واعظ ترشیزی

استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس

• رحیم عصفوری

عضو هیات علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان زنجان

تاریخ دریافت: مهر ماه ۱۳۸۴ تاریخ پذیرش: آذرماه ۱۳۸۵

Email: pmaz_abbasi@yahoo.com

چکیده

هدف تحقیق حاضر مقایسه میزان پیشرفت ژنتیکی، ارزش ژنوتیپی کل و میزان همخونی حاصل از سه برنامه اصلاح نژاد گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع با روش شبیه سازی کامپیوتری و معرفی برنامه مناسب برای گوسفند بلوچی می باشد. شبیه سازی این برنامه‌ها با استفاده از زبان برنامه نویسی ویزوال بیسیک ۶ نوشته شد. در این برنامه‌ها شاخص انتخاب و هدف اصلاح نژاد شامل چهار صفت تعداد بره در هر زایش، وزن شیرگیری، میانگین رشد روزانه و وزن پشم نشسته با ضرایب اقتصادی نسبی به ترتیب ۲۴۰، ۸، ۰/۴۲۴ و ۱ بود. این برنامه برای مدت ۱۰ سال با ۲۰ تکرار اجرا و پارامترهای مورد نظر محاسبه شد. در برنامه گله مولد بسته میزان پیشرفت ژنتیکی جمعی پس از ده سال برای صفات تعداد بره در هر زایش، وزن شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه از شیرگیری تا شش ماهگی و وزن پشم نشسته به ترتیب ۰/۱۹۰، ۱/۳۴۲، ۴۴/۹۶ و ۰/۱۲۵ محاسبه شد. این برآوردها در برنامه گله مولد باز به ترتیب ۰/۱۹۳، ۱/۳۵۵، ۴۶/۵۰ و ۰/۱۲۸ و در برنامه نر مرجع به ترتیب ۰/۱۹۷، ۱/۴۹۲، ۵۲/۴۸ و ۰/۱۳۸ بود. پیشرفت ژنتیکی حاصل از اجرای برنامه اصلاح نژاد نر مرجع برای کلیه صفات مورد مطالعه بیشتر از گله مولد باز و بسته می باشد. میانگین افزایش سالانه ضریب همخونی در برنامه‌های گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع به ترتیب ۰/۲۴۷، ۰/۰۹۵ و ۰/۱۷۵ درصد محاسبه شد که ضریب همخونی حاصل از اجرای برنامه گله مولد باز کمتر از دو برنامه دیگر بود. با توجه به زیاد بودن ارزش ژنوتیپی کل و میزان پیشرفت ژنتیکی صفات در برنامه نر مرجع، به نظر می رسد اجرای این برنامه مناسب تر از دو برنامه دیگر باشد.

کلمات کلیدی: برنامه اصلاح نژاد، گوسفند بلوچی، شبیه سازی

Pajouhesh & Sazandegi No:76 pp: 138-143

Study of breeding strategies for baluchi sheep

By: Abbasi, M. A., Assistant Professor, Animal Science research institute, Karaj, Iran and Previous PhD Student of Tarbiat Modares University.

Nejati Javaremi, A., Assistant Professor, Department of Animal Science Tehran University, Iran.

Vaea Torshizi, R., Assistant Professor, Department of Animal Science, Tarbiat Modarres University, Iran.

Osfooni, R., Assistant Professor, Biotechnology Institute, Karaj, Iran.

The objective of this study was to compare genetic gain, aggregate genotype and change of inbreeding in closed nucleus, open nucleus and sire referencing strategies with computer simulation. four traits of litter size (LS), weaning weight (WW), average daily gain from weaning to 6 months of age (ADG) and greasy fleece weight (GFW) were included in selection index and breeding goal. Relative economic values of these traits were 240, 8, 0.424 and 1, respectively. The genetic gain, aggregate genotype and inbreeding for three strategies were calculated for 10 years selection. Average and standard errors of 20 repeats were reported. Results of simulation showed that cumulative genetic gain in closed nucleus after 10 years selection was 0.190, 1.342 kg, 44.96 g and 0.125 kg for LS, WW, ADG and GFW, respectively. These estimates were 0.193, 1.355 kg, 46.50 g and 0.128 kg in open nucleus and 0.197, 1.492 kg, 52.48 g and 0.138 kg in sire referencing strategies, respectively. For all traits, genetic gain resulted from sire referencing strategy were higher than closed and open nucleus strategies. Average yearly increase of inbreeding coefficient were 0.247, 0.095 and 0.175 percentage for closed nucleus, open nucleus and sire referencing strategies, respectively. Inbreeding coefficient in open nucleus was lower than closed nucleus and sire referencing strategies. In general, based on genetic gain and aggregate genotype value, sire referencing strategy is more suitable than open and closed nucleus strategies for Baluchi sheep breeding.

Key words: Breeding Program, Baluchi Sheep, Simulation

مقدمه

ماهگی و یک سالگی گوسفند بلوچی در مدت سی سال نشان داده که هر چند در مقاطع میانی دوره سی ساله روند ژنتیکی منفی بوده، ولی میانگین افزایش ارزش اصلاحی این صفات در مدت سی سال به ترتیب ۳/۶، ۱۸/۸، ۲۲/۸ و ۳۲/۲ گرم در سال بود (۳). این بررسی‌ها نشان داد که برای صفات تولید و تولیدمثل گوسفند نژاد بلوچی در ایستگاه عباس آباد پیشرفت ژنتیکی در مدت سی سال گذشته قابل توجه نیست. یک روش برای تعیین برنامه اصلاح نژاد مناسب این است که در یک گله به طور عملی برنامه مناسب اجرا و گله دیگری به عنوان شاهد بدون اجرای برنامه اصلاح نژاد و با شرایط مدیریتی مشابه پرورش داده شده و میزان پیشرفت ژنتیکی در هر دو گله بعد از چند نسل مطالعه و بررسی شود. اجرای این برنامه هزینه و وقت زیاد نیاز دارد. از طرف دیگر اگر هدف مقایسه برنامه‌های مختلف اصلاح نژاد باشد تعداد زیادی گله لازم است و هزینه‌های اجرای برنامه‌ها نیز بسیار زیاد است. برای رفع این محدودیت شبیه سازی کامپیوتری یک روش مناسب است که برای مقایسه برنامه‌های مختلف اصلاح نژاد استفاده می‌شود. در یک بررسی برنامه‌های گله مولد بسته انفرادی^۱، برنامه اصلاح نژاد تعاونی^۲ (توزیع و چرخش مولدهای نر در بین گله‌ها) و برنامه گله مولد بسته دو مرحله‌ای^۴ با شبیه سازی کامپیوتری مقایسه شد (۵). نتایج این مطالعه نشان داد که میزان پیشرفت ژنتیکی در برنامه گله مولد نسبت به برنامه توزیع مولدهای نر ۱۰ تا ۲۰ درصد بیشتر است. در یک تحقیق برنامه گله مولد باز و بسته با روش شبیه سازی کامپیوتری مقایسه و نتیجه گیری

بازده اقتصادی در تعیین اهمیت فعالیت‌های تولیدی بسیار اهمیت دارد. بررسی‌ها نشان می‌دهد که در ایران بازده تولید در بخش پرورش گوسفند کم است (۱). در کشورهای مختلف دنیا برای اصلاح نژاد گوسفند برنامه‌های متعددی ارائه شده است. در کشورهای استرالیا، ترکیه، امریکا و برخی کشورهای اروپایی برنامه گله مولد باز^۱ برای نژادهای مختلف گوسفند اجرا می‌شود (۱، ۲، ۸، ۹، ۱۰). بررسی نتایج این برنامه‌ها نشان می‌دهد که پیشرفت ژنتیکی قابل قبول برای صفات تعریف شده در هدف اصلاح نژاد حاصل شده است. در این برنامه‌ها اهداف اصلاح نژاد و شاخص انتخاب مناسب برای حصول به آن اهداف تعریف شده است. در ایران از سه دهه گذشته در چند استان، ایستگاه‌هایی برای پرورش و اصلاح نژاد گوسفند احداث شده است. از اهداف اصلی این ایستگاه‌ها شناسایی ظرفیت تولیدی، حفظ نژاد، بهبود عملکرد صفات تولیدی و انتقال پیشرفت حاصل به گله‌های مردمی می‌باشد (۴). بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی بعضی از صفات تولید و تولید مثل گله‌های موجود در این ایستگاه‌ها نشان می‌دهد که تغییرات بسیار کم و برای بعضی صفات منفی می‌باشد. تغییر میانگین سالانه ارزش اصلاحی صفات وزن تولد، شیرگیری و دوازده ماهگی گوسفند بلوچی در مدت ۲۳ سال (۱۳۷۴-۱۳۵۲) بسیار کم بوده و میانگین تعداد بره‌های متولد شده از هر میش در سال ۵۲ و ۷۴ به ترتیب ۱/۰۲ و ۱/۳۴ راس می‌باشد (۲). بررسی روند ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش

آباد (جدول ۱) در شبیه‌سازی کامپیوتری چند صفتی استفاده شد.

شبیه‌سازی جمعیت پایه و نتاج

در شبیه‌سازی ارزش فنوتیپی برای حیوانات نسل مینا فرض شد که حیوانات مزبور به طور تصادفی از یک جمعیت غیر خویشاوند و غیر همخون انتخاب شده‌اند. برای شبیه‌سازی چند صفتی، ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی افزایشی (V_g) و محیطی (V_e) با ابعاد تعداد صفت تشکیل و با استفاده از تجزیه چالسکی^۸ ماتریس‌های مثلثی تحتانی L_g و L_e با شرایط $L_g L_g' = V_g$ و $L_e L_e' = V_e$ محاسبه شد. سپس بردار اعداد تصادفی (w) از توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس یک ایجاد و با ضرب ماتریس‌های مثلثی تحتانی ژنتیکی و محیطی در بردار w بردار ارزش‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی برای هر حیوان محاسبه شد. برای محاسبه ارزش فنوتیپی هر حیوان، اثر گله برای صفات مورد مطالعه شبیه‌سازی و به ارزش‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی حیوان مربوطه اضافه شد. برای شبیه‌سازی اثر گله، حداکثر تفاوت بین گله‌ها از نظر صفات تعداد بزه در هر زایش، وزن شیرگیری، میانگین رشد روزانه و وزن پشم نشسته به ترتیب ۰/۵، ۳ کیلوگرم، ۳۰ گرم و ۰/۶ کیلوگرم در نظر گرفته شد. ارزش ژنتیکی افزایشی (BV) نتاج از معادله ۳- محاسبه شد.

$$\text{معادله ۳- } BV = 0.5 (BV_s + BV_d) + \{0.5 (1 - 0.5 (F_s + F_d))\}^{0.5} (L'_g w)$$

در این رابطه F ضریب همخونی و اندیس‌های s و d به ترتیب مربوط به پدر و مادر نتاج مورد نظر می‌باشند.

برنامه‌های اصلاح نژاد شبیه‌سازی شده

بر اساس هدف تحقیق، سه برنامه اصلاح نژاد گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع شبیه‌سازی شد. در برنامه گله مولد بسته، یک گله مولد و تعدادی گله عضو طرح شبیه‌سازی شد. اندازه گله مولد بر اساس تعداد گله عضو، درصد تلفات، تعداد میش به ازای هر قوچ و میزان میش و قوچ قابل انتقال از گله مولد به گله‌های عضو توسط خود برنامه محاسبه گردید. در هر سال قوچ‌ها و میش‌های برتر گله مولد بر اساس شاخص انتخاب تعریف شده گزینش و برای تولید مثل در گله مولد استفاده شد. قوچ‌ها و میش‌های برتر مازاد گله مولد، در صورت دارا بودن شاخص انتخاب بیشتر از حیوانات انتخاب شده گله‌های عضو به آن گله‌ها منتقل شدند. ساختار برنامه گله

شد که پیشرفت ژنتیکی در روش گله مولد باز بیشتر ولی تفاوت آن‌ها معنی‌دار نبود (۱۱). نتایج تحقیق دیگر نشان داد در حالتی که ۵۰ درصد جمعیت گله‌ها با نرهای مرجع آمیزش داده شوند میزان پیشرفت ژنتیکی افزایش می‌یابد. همچنین استفاده از آزمون نتاج به جای آزمون عملکرد در روش نر مرجع سبب افزایش پیشرفت ژنتیکی (۰/۵ تا ۰/۱۰) و کاهش همخونی (۰/۱ تا ۰/۳۲ درصد) می‌شود (۷). پس قبل از شروع اصلاح نژاد برای گوسفند بلوچی، مقایسه برنامه‌های اصلاح نژاد و پیش بینی نتایج حاصل از آن‌ها اهمیت دارد. برنامه‌های اصلاح نژاد رایج گوسفند در دنیا نر مرجع^۵، گله مولد بسته^۶ و گله مولد باز می‌باشند. لذا در تحقیق حاضر پیشرفت ژنتیکی، ارزش فنوتیپی کل^۷ و میزان همخونی حاصل از سه روش مذکور با روش شبیه‌سازی کامپیوتری مقایسه و مناسب‌ترین برنامه برای اصلاح نژاد گوسفند بلوچی تعیین می‌شود.

مواد و روش‌ها

هدف اصلاح نژاد و شاخص انتخاب

در این تحقیق صفات تعداد بزه در هر زایش (LS)، وزن شیرگیری (WW)، میانگین افزایش وزن روزانه از شیرگیری تا شش ماهگی (ADG) و وزن پشم نشسته (GFW) و با ضرایب اقتصادی نسبی ۸، ۲۴۰، ۰/۴۲۴ و ۱ (۱) در معادله هدف اصلاح نژاد منظور و از معادلات ۱ و ۲ به ترتیب به عنوان معیار و هدف انتخاب استفاده شد.

$$\text{معادله ۱- } I = b_1 P_{LS} + b_2 P_{WW} + b_3 P_{ADG} + b_4 P_{GFW}$$

$$\text{معادله ۲- } H = v_1 a_{LS} + v_2 a_{WW} + v_3 a_{ADG} + v_4 a_{GFW}$$

در این روابط P_i و a_i ، v_i و b_i به ترتیب ارزش‌های فنوتیپی (به صورت انحراف از میانگین)، ضرایب اقتصادی، ارزش‌های ژنتیکی افزایشی و ضرایب شاخص انتخاب صفات مورد مطالعه می‌باشند. ضرایب شاخص انتخاب از رابطه $b = P^{-1} G v$ محاسبه شدند. در این رابطه v بردار ضرایب اقتصادی G ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی و P ماتریس (کو) واریانس فنوتیپی صفات می‌باشند. صفات منظور شده در شاخص انتخاب و هدف اصلاح نژاد یکسان بود. چون تعداد بزه در هر زایش یک صفت محدود به جنس می‌باشد، برای محاسبه شاخص انتخاب قوچ‌ها از تعداد بزه در هر زایش مادران آن‌ها استفاده شد. از برآوردهای مربوط به گله‌های شماره ۱ و ۲ ایستگاه عباس

جدول ۱- میانگین و مؤلفه‌های (کو) واریانس ژنتیکی و محیطی * صفات مورد استفاده در شبیه‌سازی

مؤلفه‌های (کو) واریانس محیطی				مؤلفه‌های (کو) واریانس ژنتیکی				صفات	میانگین
LS	WW	ADG	GFW	LS	WW	ADG	GFW		
۰/۱۵۱				۰/۰۱۵				۱/۲۳	LS
۰/۰۰۰	۱۰/۶۰۰			۰/۰۰۰	۰/۹۰۰			۲۲/۴	WW
-۲/۵۷۰	-۱۷/۹۰	۳۰۵۴		۰/۰۲۸	۶/۴۰۰	۵۴۰		۱۲۳/۶	ADG
-۰/۰۱۰	۰/۰۳۰	-۳/۲۶۰	۰/۰۹۶۳	۰/۰۰۰	۰/۰۵۰	-۰/۰۱۰	۰/۰۱۶	۲/۲	GFW

* واریانسها در قطر و کوواریانسها زیر قطر

و گله مولد بسته برای کلیه صفات مورد مطالعه معنی‌دار بود ($p < 0.01$). بجز صفت تعداد بزه در هر زایش برای سایر صفات تفاوت بین پیشرفت ژنتیکی برنامه‌های نر مرجع و گله مولد باز نیز معنی‌دار بود ($p < 0.01$). در برنامه‌های گله مولد باز و بسته بجز صفت میانگین افزایش وزن روزانه، تفاوت بین پیشرفت ژنتیکی سایر صفات معنی‌دار نبود (جدول ۲). چون عوامل متعددی نظیر تعداد صفت، مولفه‌های (کو)واریانس صفات، ضرایب اقتصادی صفات، شدت انتخاب نر و ماده، روش انتخاب، نوع برنامه اصلاح نژاد، اندازه جمعیت و تعداد میش به ازای هر قوچ بر میزان پیشرفت ژنتیکی و ضریب همخونی حاصل از اجرای برنامه‌های اصلاح نژاد اثر دارند (۵، ۷، ۱۱، ۱۲)، لذا مقایسه نتایج تحقیق حاضر با نتایج تحقیقات سایر محققین باید با توجه به عوامل مذکور انجام شود و در برخی موارد امکان مقایسه نتایج حاصل از تحقیقات مختلف در زمینه شبیه سازی برنامه‌های اصلاح نژاد به علت متفاوت بودن عوامل فوق وجود ندارد. در یک بررسی با مقایسه برنامه اصلاح نژاد گله مولد باز و بسته نشان داده شد که میزان پیشرفت ژنتیکی در برنامه گله مولد باز نسبت به گله مولد بسته ۳/۷ تا ۶/۹ درصد بیشتر است. در یک تحقیق دیگر نشان داده شد اگرچه پیشرفت ژنتیکی حاصل از برنامه گله مولد باز نسبت به گله مولد بسته بیشتر است، اما تفاوت آن‌ها معنی‌دار نمی‌باشد (۶). بررسی روند پیشرفت ژنتیکی صفت وزن بدن در سنین مختلف در ایستگاه عباس آباد نشان می‌دهد که پیشرفت ژنتیکی برای این صفات بسیار کم و در برخی سال‌ها منفی بوده است (۲، ۳). اما نتایج پژوهش حاضر نشان داد که انتخاب براساس شاخص انتخاب منجر به پیشرفت ژنتیکی قابل قبول برای صفت وزن شیرگیری (حدود ۱۵۰ گرم در سال) می‌شود.

ارزش ژنوتیپی کل

ارزش ژنوتیپی کل حاصل از برنامه‌های گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع در مدت ده سال انتخاب براساس شاخص انتخاب چند صفتی به ترتیب ۷۶/۳۲، ۷۸/۳۲ و ۸۱/۶۴ برآورد شد (جدول ۲) که تفاوت بین برنامه‌ها معنی‌دار بود ($p < 0.01$). این نتایج نشان داد که ارزش ژنوتیپی کل حاصل از برنامه اصلاح نژاد نر مرجع نسبت به گله مولد باز ۴/۲ و نسبت به گله مولد بسته ۶/۹ و در گله مولد باز نسبت به گله مولد بسته ۲/۶ درصد بیشتر بود. روند تغییرات ارزش ژنوتیپی کل نیز مشابه پیشرفت ژنتیکی هر یک از صفات بود.

ضریب همخونی

در برنامه گله مولد بسته میانگین ضریب همخونی از ۰/۳۷ (سال سوم) تا ۲/۴۷ درصد (سال دهم) افزایش یافت. این تغییر در برنامه گله مولد باز از ۰/۲۰ (سال سوم) تا ۰/۹۵ درصد (سال دهم) و در برنامه نر مرجع از ۰/۳۹ (سال سوم) تا ۱/۷۵ درصد (سال دهم) برآورد شد (جدول ۲). میانگین ضریب همخونی سالانه در برنامه‌های گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع به ترتیب ۰/۲۴۷، ۰/۰۹۵ و ۰/۱۷۵ درصد محاسبه شد. ضریب همخونی حاصل از اجرای برنامه گله مولد باز کمتر از دو برنامه دیگر می‌باشد ($p < 0.01$). در یک تحقیق برنامه‌های گله مولد باز و بسته با روش شبیه سازی کامپیوتری مقایسه و نتیجه‌گیری شد که ضریب همخونی در برنامه گله مولد بسته بیشتر از گله مولد باز می‌باشد (۱۱). در برنامه گله

مولد باز نیز شبیه گله مولد بسته بود ولی در گله مولد باز قوچ‌ها و میش‌های برتر گله‌های عضو نیز اجازه انتقال به گله مولد را داشتند. در برنامه نر مرجع بدون تشکیل گله مولد، تعدادی گله با اندازه یکسان تشکیل شد. در این گله‌ها قوچ‌های برتر بر اساس معیار انتخاب به عنوان نر مرجع انتخاب و در برنامه جفتگیری گله‌های مختلف استفاده شدند. با تعریف حداکثر سن حذف برای قوچ‌ها و میش‌ها و میزان تلفات سالانه، در هر سه برنامه تداخل^۱ نسل وجود داشت. در این تحقیق حداکثر سن نگهداری مولدهای نر و ماده به ترتیب ۳ و ۶ سال بود. درصد انتخاب مولدهای ماده در گله مولد و گله‌های عضو ۷۵، تعداد گله عضو ۱۰ و تعداد تکرار برنامه ۲۰ در نظر گرفته شد. میزان پیشرفت ژنتیکی برای هر صفت، ارزش ژنوتیپی کل و میانگین ضریب همخونی هر سال محاسبه شد. همچنین برای تکرارهای مختلف، میانگین و اشتباه استاندارد پیشرفت ژنتیکی، ارزش ژنوتیپی کل و ضریب همخونی محاسبه و تفاوت بین برنامه‌ها با استفاده از میانگین و انحراف معیار ۲۰ تکرار با آزمون t مقایسه شد.

برنامه شبیه‌سازی

برنامه شبیه‌سازی با استفاده از زبان برنامه نویسی ویژوال بیسیک ۶ نوشته شد. این برنامه تعداد صفت مورد بررسی، تعداد مولد ماده در گله‌های عضو و گله مولد، تعداد گله عضو، تعداد میش به ازای هر قوچ، درصد نر و ماده قابل انتقال از گله مولد به گله‌های عضو، درصد انتخاب نر و ماده در گله مولد و گله‌های عضو، حداکثر سن نگهداری قوچ و میش، درصد قوچ مرجع در برنامه نر مرجع و تعداد تکرار اجرای برنامه‌ها را از فرم برنامه و مولفه‌های (کو)واریانس، میانگین و ارزش اقتصادی صفات را از برنامه فرعی دریافت و برای شبیه سازی جمعیت پایه و نسل‌های بعد استفاده می‌نماید. با اجرای برنامه میزان پیشرفت ژنتیکی سالانه هر صفت، ارزش ژنوتیپی کل و میانگین ضریب همخونی هر سال و برای تکرارهای مختلف برنامه، میانگین و خطای استاندارد پیشرفت ژنتیکی، ارزش ژنوتیپی کل و ضریب همخونی بعنوان خروجی محاسبه و در فایل CN.OUT چاپ می‌شود. برحسب نیاز با تغییر کدهای برنامه می‌توان نتایج مختلفی را به عنوان خروجی از برنامه دریافت نمود.

نتایج و بحث

پیشرفت ژنتیکی صفات

در برنامه گله مولد بسته میزان پیشرفت ژنتیکی جمعی پس از ده سال برای صفات LS، WW، ADG و GFW به ترتیب ۰/۱۹۰، ۱/۳۴۲ کیلوگرم، ۴۴/۹۶ گرم و ۰/۱۲۵ گرم محاسبه شد (جدول ۲). این برآوردها در برنامه گله مولد باز به ترتیب ۰/۱۹۳، ۱/۳۵۵، ۴۶/۵۰ و ۰/۱۲۸ و در برنامه نر مرجع به ترتیب ۰/۱۹۷، ۱/۴۹۲، ۵۲/۴۸ و ۰/۱۳۸ بود. پیشرفت ژنتیکی حاصل از اجرای برنامه اصلاح نژاد نر مرجع برای کلیه صفات مورد مطالعه بیشتر از گله مولد باز و بسته بود. پیشرفت ژنتیکی سالانه صفات LS، WW، ADG و GFW حاصل از اجرای برنامه نر مرجع نسبت به گله مولد بسته به ترتیب ۳/۷، ۱۱/۲، ۱۶/۵ و ۱۰/۴ درصد و نسبت به گله مولد باز به ترتیب ۲/۱، ۱۰/۱، ۱۲/۸ و ۷/۹ درصد بیشتر بود. این افزایش در برنامه گله مولد باز نسبت به گله مولد بسته به ترتیب ۱/۶، ۱/۱، ۳/۴ و ۲/۵ درصد برآورد شد. تفاوت بین پیشرفت ژنتیکی حاصل از برنامه‌های نر مرجع

جدول ۲ - پیشرفت ژنتیکی (R_p) صفات:، ارزش ژنوتیپی کل (H)، ضریب همخوانی (F) و اشتباه استاندارد (SE) آنها در برنامه‌های اصلاح نژاد مختلف در مدت ده سال انتخاب

گله مولد بسته												
سال	R_{LS}	SE	R_{ww}	SE	R_{ADG}	SE	R_{GFW}	SE	H (ریال)	SE	(%)F	SE
۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
۲	۰/۰۶۵	۰/۰۰۱	۰/۱۶۵	۰/۰۰۷	۲/۵۴۱	۰/۱۷۴	۰/۰۲۲	۱۵/۵۶	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
۳	۰/۰۸۱	۰/۰۰۱	۰/۳۴۳	۰/۰۰۷	۸/۲۶۸	۰/۱۹۹	۰/۰۳۷	۲۶/۲۷	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۳۷	۰/۰۰۱
۴	۰/۰۹۸	۰/۰۰۱	۰/۴۶۷	۰/۰۱۰	۱۳/۰۲۱	۰/۱۸۳	۰/۰۴۹	۳۳/۸۹	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۷۰	۰/۰۰۱
۵	۰/۱۱۸	۰/۰۰۲	۰/۵۹۵	۰/۰۰۹	۱۷/۴۲۵	۰/۲۲۵	۰/۰۶۰	۴۱/۳۳	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۹۵	۰/۰۰۱
۶	۰/۱۳۱	۰/۰۰۲	۰/۷۲۳	۰/۰۰۹	۲۲/۳۸۷	۰/۳۱۹	۰/۰۷۱	۴۸/۱۴	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۲۰	۰/۰۰۱
۷	۰/۱۴۷	۰/۰۰۳	۰/۸۷۶	۰/۰۱۰	۲۸/۲۲۹	۰/۳۳۰	۰/۰۸۵	۵۵/۵۸	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۵۳	۰/۰۰۱
۸	۰/۱۶۳	۰/۰۰۲	۱/۰۳۵	۰/۰۱۱	۳۳/۷۳۸	۰/۱۷۸	۰/۰۹۹	۶۲/۷۳	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۸۵	۰/۰۰۱
۹	۰/۱۷۷	۰/۰۰۲	۱/۱۹۳	۰/۰۱۱	۳۹/۲۴۹	۰/۲۲۹	۰/۱۱۲	۶۹/۸۹	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۲/۱۷	۰/۰۰۱
۱۰	۰/۱۹۰ ^b	۰/۰۰۱	۱/۳۴۲ ^b	۰/۰۱۰	۴۴/۹۵۷ ^c	۰/۱۹۷	۰/۱۲۵ ^b	۷۶/۳۲ ^c	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۲/۴۷ ^c	۰/۰۰۱
گله مولد باز												
سال	R_{LS}	SE	R_{ww}	SE	R_{ADG}	SE	R_{GFW}	SE	H (ریال)	SE	(%)F	SE
۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
۲	۰/۰۵۵	۰/۰۰۱	۰/۱۵۸	۰/۰۰۸	۲/۸۰۹	۰/۱۸۶	۰/۰۲۰	۱۶/۷۵	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
۳	۰/۰۸۳	۰/۰۰۲	۰/۳۳۶	۰/۰۰۹	۹/۰۹۸	۰/۱۸۸	۰/۰۳۷	۲۷/۱۴	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۱۲	۰/۰۰۱
۴	۰/۱۰۲	۰/۰۰۱	۰/۴۷۱	۰/۰۰۹	۱۳/۸۹۰	۰/۲۰۵	۰/۰۵۰	۳۴/۲۶	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۴۰	۰/۰۰۱
۵	۰/۱۲۲	۰/۰۰۳	۰/۶۰۱	۰/۰۰۹	۱۸/۸۸۱	۰/۱۸۶	۰/۰۶۱	۴۱/۰۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۴۸	۰/۰۰۱
۶	۰/۱۳۷	۰/۰۰۲	۰/۷۴۷	۰/۰۰۸	۲۳/۹۰۷	۰/۲۲۵	۰/۰۷۴	۴۸/۳۷	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۵۴	۰/۰۰۱
۷	۰/۱۵۳	۰/۰۰۲	۰/۸۹۹	۰/۰۱۱	۲۹/۸۲۰	۰/۲۴۶	۰/۰۸۶	۵۵/۸۷	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۶۷	۰/۰۰۱
۸	۰/۱۶۸	۰/۰۰۲	۱/۰۶۲	۰/۰۱۰	۳۵/۰۰۸	۰/۲۳۶	۰/۰۹۹	۶۳/۳۹	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۷۶	۰/۰۰۱
۹	۰/۱۸۳	۰/۰۰۳	۱/۲۱۱	۰/۰۰۱	۴۰/۷۵۳	۰/۲۲۵	۰/۱۱۵	۷۱/۳۸	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۸۳	۰/۰۰۱
۱۰	۰/۱۹۳ ^{ab}	۰/۰۰۲	۱/۳۵۵ ^b	۰/۰۰۸	۴۶/۵۰۴ ^b	۰/۲۴۲	۰/۱۲۸ ^b	۷۸/۳۲ ^b	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۹۵ ^b	۰/۰۰۱
نر مرجع												
سال	R_{LS}	SE	R_{ww}	SE	R_{ADG}	SE	R_{GFW}	SE	H (ریال)	SE	(%)F	SE
۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
۲	۰/۰۶۰	۰/۰۰۲	۰/۱۷۹	۰/۰۰۹۲	۳/۳۷۳	۰/۲۳۸	۰/۰۲۳	۱۷/۴۰	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۴۱	۰/۰۰۱
۳	۰/۰۸۶	۰/۰۰۲	۰/۳۷۴	۰/۰۱۰	۱۰/۲۲۷	۰/۲۷۰	۰/۰۴۱	۲۸/۰۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۳۹	۰/۰۰۱
۴	۰/۱۰۶	۰/۰۰۲	۰/۵۱۴	۰/۰۱۱	۱۵/۱۵۷	۰/۲۳۲	۰/۰۵۵	۳۶/۰۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۶۴	۰/۰۰۱
۵	۰/۱۲۵	۰/۰۰۳	۰/۶۶۳	۰/۰۱۴	۲۱/۵۳۸	۰/۲۶۶	۰/۰۷۰	۴۴/۲۵	۰/۰۰۲	۰/۰۰۲	۰/۸۸	۰/۰۰۲
۶	۰/۱۳۵	۰/۰۰۳	۰/۸۱۹	۰/۰۱۳	۲۷/۵۸۹	۰/۲۷۰	۰/۰۸۲	۵۰/۴۸	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۰۴	۰/۰۰۱
۷	۰/۱۵۰	۰/۰۰۳	۰/۹۸۳	۰/۰۱۳	۳۳/۵۱۵	۰/۳۰۸	۰/۰۹۶	۵۷/۹۵	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۲۳	۰/۰۰۱
۸	۰/۱۷۰	۰/۰۰۳	۱/۱۳۸	۰/۰۱۹	۳۹/۴۱۵	۰/۳۰۱	۰/۱۰۹	۶۶/۴۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۳۹	۰/۰۰۱
۹	۰/۱۸۶	۰/۰۰۳	۱/۳۱۰	۰/۰۱۱	۴۵/۸۶۱	۰/۲۶۸	۰/۱۲۵	۷۴/۳۹	۰/۰۰۲	۰/۰۰۲	۱/۶۰	۰/۰۰۱
۱۰	۰/۱۹۷ ^a	۰/۰۰۲	۱/۴۹۲ ^a	۰/۰۱۰	۵۲/۴۷۷ ^a	۰/۳۰۰	۰/۱۳۸ ^a	۸۱/۶۴ ^a	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱/۷۵ ^a	۰/۰۰۱

* تعداد بره در هر زایش (LS)، وزن شیرگیری (WW) کیلوگرم، میانگین افزایش وزن روزانه بعد از شیرگیری (ADG) گرم و وزن پشم نشسته (GFW) کیلوگرم در هر ستون تفاوت اعداد سال دهم دارای حروف مشابه معنی دار نیست ($p > 0.05$)

چند صفتی در گوسفند بلوچی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان، ۱۱۵ ص.

۴ - وطن خواه، م، مرادی شهربابک، 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، ۱۰ الی ۱۲ شهریور ۱۳۸۳. دانشگاه تهران.

5- Kosgey, J. H. J. , Van der Werf, B. P. , Van Arendonk, J. A. M. and Baker, R. L., 2002; Alternative breeding schemes for meat sheep in The tropics. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23,2002, Montpellier,France..

6- Meuwissen, T. H. E. and Woolliams, J. A., 1994; Maximizing genetic response in breeding schemes of dairy cattle with constraints on variance of response. Journal of Dairy Science. 77: 1905-1916.

7- Nimbkar, C. and Wrary, N., 1991; An investigation of the use of sire referencing in genetic improvement of beef cattle. Animal Production. 52: 567, Abstract.

8- Oltenacu, P. A., 2001; Genetic improvement program for dairy sheep. www.uwex/reproduction%20and%20genetics/genetic%20improvement%20program%20for%20dairy%20sheep.pdf.

9- Perezgrova, S. R., Castro, H., Zaragoza, L. and Rodriguez, G., 2000; Analysis of indigenous technical knowledge and inclusion of local people expertise into awarking selection index for Chiapas wool sheep. www.bsas.org.uk/meetings/occpdfs/mexico03/049.pdf

10- Pinelli, F., 2002; Design and Implementation of a genetic improvement program for comisana sairy sheep in Sicily. http://www.uwex.edu/ces/animalscience/sheep/symposium_00.pdf.

11- Sorensen, M. K., 1999; Stochastic simulation of breeding schemes for dairy cattle. Ph.D thesis. The royal veterinary and agricultural university, Denmark and Danish institute of Agricultural Science. 226pp.

12- Sorensen, M. K. , Nielsen , L.P. , Jorgensen, J. N. and Berg, P., 2002; Stochastic simulation of dairy sattle breeding schemes with cooperating populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23,2002, Montpellier,France.

مولد باز به علت تبادل قوچ و میش بین گله مولد و گله‌های عضو و در برنامه نر مرجع به علت توزیع قوچ‌های مرجع در میان گله‌های عضو میزان ضریب همخونی نسبت به برنامه گله مولد بسته کمتر است. میزان ضریب همخونی در طی ده سال در هر سه برنامه روند افزایشی داشت (جدول ۲).

نتیجه‌گیری

مقایسه میزان پیشرفت ژنتیکی هر یک از صفات و ارزش ژنوتیپی کل در برنامه‌های گله مولد بسته، گله مولد باز و نر مرجع نشان داد که نتایج اجرای برنامه نر مرجع از نظر پیشرفت ژنتیکی بهتر است. ولی میانگین ضریب همخونی در برنامه نر مرجع زیادتر از گله مولد باز است که می‌توان با روش‌های مختلف نظیر عدم آمیزش خویشاوندان و انتخاب تعداد مناسب میش به ازای هر قوچ افزایش ضریب همخونی را کنترل نمود. بنابراین، اجرای برنامه نر مرجع برای اصلاح نژاد گوسفند بلوچی مناسب تر از دو برنامه دیگر می‌باشد.

پاورقی‌ها

۱ - گله مولد باز (Open Nucleus): حیوان جدید بر حسب نیاز از خارج گله به آن منتقل می‌شود.

2-Single Breeding Nucleus

3-Co-Operative (Ram Circle) Breeding Program

4-Two-tier Breeding Scheme

5-Sire Referencing

۶ - گله مولد بسته (Closed Nucleus): حیوان جدید از خارج گله به آن منتقل نمی‌شود.

7-Aggregate Genotype

8-Cholesky Decomposition

9- Overlapping

منابع مورد استفاده

۱ - احمدی، ع. ۱۳۸۱؛ برآورد ضرایب اقتصادی برخی صفات مهم تولیدی در گوسفند بلوچی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی دانشگاه مازندران. ساری، ایران، ۷۷ص.

۲ - اسکندری نسب، م. پ. ۱۳۷۷؛ بررسی روند ژنتیکی در گوسفند بلوچی. پایان نامه دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران، ۱۸۰ ص.

۳ - سلمانی ایزدی، م. ۱۳۷۹؛ برآورد پارامترهای ژنتیکی و بررسی روند ژنتیکی

