

بررسی استفاده از نشانگرهای ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژاد مرغان بومی

سعید زره داران^{۱*} و حکیمه امام قلی بگلی^۲

تاریخ دریافت: ۸۹/۵/۲۳ تاریخ پذیرش: ۹۰/۵/۲۹

^۱ دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۲ فارغ التحصیل گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

*مسئول مکاتبه: E mail: zereh2s@yahoo.com

چکیده

در این مطالعه، هفت برنامه اصلاح نژادی به منظور بررسی استفاده از نشانگرهای ژنتیکی در اصلاح نژاد مرغان بومی، شبیه‌سازی شد. در برنامه اصلاح نژادی اول (برنامه پایه)، تنها از فنوتیپ صفات استفاده شد. در این برنامه، صفات موجود در معادله‌ی ارزش ژنوتیپی کل شامل وزن بدن در سن ۸ هفتگی، وزن و تعداد تخم‌مرغ و صفات موجود در شاخص انتخاب مشابه صفات موجود در ارزش ژنوتیپی کل به اضافه وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و سن بلوغ جنسی بود. در برنامه‌های اصلاح نژادی دوم تا هفتم (انتخاب به کمک نشانگرها)، در کنار فنوتیپ صفات مذکور، از اطلاعات QTL صفت تعداد تخم‌مرغ نیز در شاخص انتخاب استفاده شد. در این برنامه‌ها فرض شد که QTL مورد نظر به ترتیب ۵، ۱۰، ۲۰، ۳۰، ۴۰ و ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ را بیان نماید. برای شبیه‌سازی برنامه‌های اصلاح نژادی از نرم افزار SelAction استفاده شد. بر اساس نتایج این مطالعه، پاسخ اقتصادی در برنامه اصلاح نژادی دوم (تنها ۵ درصد واریانس ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ توسط QTL فرضی بیان می‌شود)، نسبت به برنامه اصلاح نژادی پایه، ۳/۳۷ درصد افزایش یافت. روند افزایش پاسخ اقتصادی در سایر برنامه‌ها نیز مشاهده شد تا جایی که در برنامه هفتم (۵۰ درصد واریانس ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ توسط QTL فرضی بیان می‌شود)، پاسخ اقتصادی نسبت به برنامه پایه ۱۴/۲۸ درصد افزایش یافت. ضریب هم‌خونی در هر نسل نیز از ۰/۶۹ درصد در برنامه پایه به ۰/۵۰ درصد در برنامه هفتم کاهش یافت. نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که اطلاعات QTL، حتی زمانی که تنها ۵ درصد واریانس ژنتیکی صفت را بیان نماید، می‌تواند به طور موثری در برنامه‌های اصلاح نژادی مرغان بومی مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: برنامه اصلاح نژادی، مرغان بومی، انتخاب بوسیله نشانگرها، QTL

Effect of using genetic markers in breeding programs of native fowl

S Zerehdaran^{1*} and H Emamgholibaghi²

Received: August 14, 2010 Accepted: August 20, 2011

¹Associate Professor and Graduated MS.c Student, Department of animal Science, Gorgan University of Agriculture Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

²Graduated M Sc Student, Department of animal science, Gorgan University of Agriculture Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

*Corresponding author: E mail: zereh2s@yahoo.com

Abstract

In order to investigate the effect of genetic markers in genetic improvement of domestic fowl, seven breeding programs were simulated. In first breeding program called base program, phenotypic information of traits was only used. In this program, aggregative genotype equation consisted of body weight at 8 weeks of age, egg weight and egg number and selection index consisted of traits in aggregative genotype together with two other traits including body weight at 12 weeks of age and age at sexual maturity. In other programs called marker assisted programs, QTL information that described 5, 10, 20, 30, 40 and 50% of genetic variation of egg number were also included in selection index. Based on obtained results, in program that QTL described 5% of genetic variance, economic response was improved by 3.37% compared to base program. Economic response in program that QTL described 50% of genetic variance was also improved by 14.28% compared to base program. Rate of Inbreeding was decreased from 0.69% in base program to 0.50% in program that QTL described 50% of genetic variance in each generation. The result of present study showed that QTL information, even with 5% description of genetic variance, can effectively improve economic traits in native fowl.

Key words: Breeding programs, Native fowl, Marker assisted selection, QTL

مقدمه

(۲۰۰۳) ولی این روشها در مورد صفاتی با وراثت‌پذیری پایین، صفات محدود به جنس و همچنین صفاتی که در ابتدای زندگی بروز نمی‌کنند، چندان موفق نبوده‌اند (دکرز و هوسپیتال ۲۰۰۲). انتخاب براساس نشانگرهای ژنتیکی^۲ (MAS) در مورد صفات مذکور، تاثیر مطلوب-تری داشته است (لند و تامسون ۱۹۹۰). MAS زمانی موثر است که بخش قابل توجهی از تنوع ژنتیکی صفات توسط نشانگرهای ژنتیکی بیان گردد. این بدین مفهوم است که نشانگرهای مذکور با ژن‌های کنترل‌کننده صفت مورد نظر به طور موثری پیوسته هستند و می‌توانند در فرآیند انتخاب مورد استفاده قرار گیرند. هدف از انجام انتخاب براساس نشانگرهای ژنتیکی افزایش فراوانی آللهای مطلوب صفات اقتصادی است که با روشهای

با توجه به تقاضای روزافزون جامعه برای پروتئین‌های حیوانی و عدم امکان افزایش تولید از طریق افزایش تعداد دام و طیور در کشور، استفاده از حیوانات با بازده تولید مناسب اهمیت فراوانی دارد. هدف از اجرای برنامه‌های اصلاح‌نژادی در حیوانات اهلی انتخاب افراد با بازده تولید مناسب و تلاقی آنها به منظور ایجاد نسل‌های آینده با عملکرد مطلوب می‌باشد. انتخاب در طیور گوشتی و تخم‌گذار عمدتاً از طریق ارزشهای ارثی تخمین زده شده بر اساس اطلاعات فنوتیپی استوار است. گرچه استفاده از روشهایی نظیر بهترین برآورد ناریب خطی^۱ (BLUP) توانسته‌اند تغییرات چشمگیری در عملکرد طیور ایجاد کنند (هاونستن و همکاران،

² . Marker Assisted Selection

¹ . Best Linear Unbiased Prediction

تجاری در دنیا رایج شده است و مطالعاتی نیز در مرغان بومی کشور در این زمینه انجام شده است. علیجانی و همکاران (۱۳۸۸) با استفاده از روشهای مختلف آماری نشان دادند که برای برخی از صفات مهم اقتصادی (سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ، وزن بدن و تعداد تخم مرغ) در مرغان بومی استان‌های مازندران و آذربایجان غربی ژن عمده وجود دارد. دیمی غیاث آبادی و همکاران (۱۳۸۹a,b) نیز ردیابی ژنهای عمده برای صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی استان فارس را با استفاده از روشهای مختلف آماری بررسی نمودند. هدف تحقیق حاضر بررسی تاثیر استفاده از اطلاعات مربوط به ژنهای موثر در تعداد تخم مرغ بر پیشرفت ژنتیکی، پاسخ اقتصادی و میزان همخونی در مرغان بومی از طریق شبیه سازی برنامه‌های اصلاح-نژادی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در مطالعه حاضر، پیشرفت ژنتیکی و ضریب همخونی بوسیله روش شبیه‌سازی قطعی^۳ و در قالب انتخاب تک مرحله‌ای با نسل‌های مجزا^۴ شبیه‌سازی شد. برای این منظور از نرم‌افزار SelAction (روتن و همکاران ۲۰۰۲) استفاده شد. این نرم‌افزار کاهش واریانس ناشی از انتخاب را که توسط بولمر (۱۹۷۱) بیان شد، مورد توجه قرار داده و شدت انتخاب را برای جوامع با اندازه کوچک با استفاده از روش میوسن (۱۹۹۱) تصحیح می‌نماید. میزان پیشرفت ژنتیکی نیز با استفاده از روش بهترین برآورد ناریب خطی چند صفتی ارائه شده توسط ویلانیوا و همکاران (۱۹۹۳)، برآورد می‌شود. نرم‌افزار SelAction ساختار لانه‌ای^۵ آمیزش که ماده‌ها در داخل نرها قرار داده شده‌اند را در نظر می‌گیرد و آمیزش تصادفی را برای حیوانات انتخاب شده اعمال می‌نماید. برآورد ضریب همخونی نیز بر اساس تئوری طولانی مدت می‌باشد. این تئوری بوسیله ری و تامسون (۱۹۹۰) معرفی و بعدها توسط بایما و ولیامیز (۲۰۰۰)

رایج به‌کندی صورت می‌گیرد. در واقع استفاده از اطلاعات نشانگرهای ژنتیکی منجر به افزایش صحت انتخاب، کاهش فاصله نسل و افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌شود (فالکونر و مککی ۱۹۹۶). مهمترین صفات اقتصادی در مرغان بومی، وزن بدن در سنین ۸ و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، میانگین وزن تخم مرغ در ۳۰، ۲۸ و ۳۲ هفتگی و تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تولید می‌باشند. این صفات بعنوان صفات اقتصادی در تمامی مراکز اصلاح نژاد مرغان بومی کشور رکوردگیری شده و اساس انتخاب در برنامه‌های اصلاح نژادی این مراکز را تشکیل می‌دهند (کیانی‌منش و همکاران ۱۳۸۰). گرچه صفات وزن بدن در سنین ۸ و ۱۲ هفتگی در هر دو جنس قابل اندازه‌گیری هستند، ولی میانگین وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ تولیدی تنها در جنس ماده قابل اندازه‌گیری است. بنابراین تنها راه انتخاب خروس‌ها برای صفات مذکور، استفاده از اطلاعات مربوط به خویشاوندان است. استفاده از اطلاعات خویشاوندان، همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بین خویشاوندان را افزایش داده و منجر به افزایش همخونی می‌شود. از طرفی عدم دسترسی به عملکرد فرد^۱ که یکی از مناسب‌ترین منابع اطلاعاتی ارزیابی است باعث کاهش دقت برآورد ارزش اصلاحی خواهد شد (بایما و ولیامز ۲۰۰۰ و بایما و همکاران ۲۰۰۱). استفاده از اطلاعات QTL‌های^۲ مرتبط با صفات تولیدمثلی، این امکان را فراهم می‌نماید که صفاتی نظیر تعداد تخم مرغ تولیدی و وزن تخم مرغ در جنس نر نیز قابل بررسی باشد. ارزیابی حیوانات نر بر اساس اطلاعات QTL باعث کاهش ضریب همخونی و افزایش دقت برآورد ارزش اصلاحی خواهد شد (بایما و همکاران ۲۰۰۱). با توجه به اینکه صفاتی نظیر تعداد و وزن تخم مرغ تولیدی وراثت‌پذیری پایینی دارند (امام قلی بگلی و همکاران ۱۳۸۸)، به نظر می‌رسد MAS می‌تواند در پیشرفت ژنتیکی این صفات موثر باشد. استفاده از MAS کم و بیش در اصلاح نژاد طیور

3 . Deterministic simulation

4 . Discrete Generations

3. Nested

1 . Own performance

2 . Quantitative Trait Loci

رکورددگیری می شود. از بین پرندگان، بهترین نرها و ماده‌ها در سن ۳۵ هفتگی برای نسل بعد انتخاب می‌شوند به طوری که ۸۰۰ مرغ از بین ۴۰۰۰ مرغ و ۸۰ خروس از بین ۴۰۰۰ خروس موجود به عنوان والدین نسل بعد انتخاب می‌شوند. بنابراین نسبت انتخاب در نرها ۰/۰۲ و در ماده‌ها ۰/۲۰ خواهد بود (شکل ۱). در این مطالعه فرض شد که افراد نسل پایه از جمعیت بزرگ انتخاب شده‌اند که در تعادل هاردی واینبرگ قرار دارند.

شاخص انتخاب و ارزش ژنوتیپی کل

اطلاعات مربوط به (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی مرغان بومی از تحقیق امامقلی بگلی و همکاران (۱۳۸۸) گرفته شد. این پارامترها از اطلاعات مربوط به ۶ نسل از مرغان بومی استان یزد بدست آمده‌است (جدول ۱). ضرایب اقتصادی صفات مورد بررسی نیز از تحقیق کیانی‌منش و همکاران (۱۳۸۰) گرفته شد. در تحقیق مذکور، ضرایب اقتصادی صفات وزن بدن در ۸ هفتگی، تعداد تخم مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید و میانگین وزن تخم مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ به ترتیب ۳/۳۶، ۹۱/۷۲ و ۵۲/۰۷ ریال برآورد شد.

تکمیل شد. در مطالعات متعددی از نرم‌افزار SelAction برای شبیه‌سازی برنامه‌های اصلاح‌نژادی در گاو شیری (هوکویو و همکاران ۲۰۰۷ و اسکروتین و همکاران، ۲۰۰۵) خوک (کنول و پرینس ۲۰۰۴) گوسفند (گیزاو و همکاران ۲۰۰۸) ماهی (روتین و همکاران ۲۰۰۵) و طیور (زره-داران و همکاران ۲۰۰۵ و پاکدل و همکاران ۲۰۰۵) استفاده شده است که بیانگر قابلیت‌های مناسب این نرم افزار در شبیه‌سازی برنامه‌های اصلاح نژاد حیوانات مختلف است.

ساختار جمعیت

در این مطالعه، یک جمعیت با نسل‌های مجزا و فرضیات زیر شبیه‌سازی شد. در این شبیه‌سازی فرض شد که ۸۰ خروس به طور تصادفی با ۸۰۰ مرغ، با نسبت آمیزش ۱ به ۱۰ تلاقی داده شوند. برای هر مرغ ۱۰ جوجه (۵ نر و ۵ ماده) و برای هر خروس ۵۰ جوجه از هر جنس در نظر گرفته شد. بنابراین، تعداد کل جوجه‌های هر جنس ۴۰۰۰ قطعه بود. رکوردگیری نیز بر این فرض استوار بود که اندازه‌گیری وزن بدن خروسها و مرغها در سنین ۸ و ۱۲ هفتگی انجام شود. پس از شروع تخم‌گذاری، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم-مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید و میانگین وزن تخم-مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ نیز در مرغها

جدول ۱- ارزش اقتصادی (ستون اول) و وراثت‌پذیری (قطر جدول)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (زیر قطر) به‌همراه خطای استاندارد برای صفات اقتصادی مرغان بومی یزد

صفت	ارزش اقتصادی (ریال)	وزن ۸ هفتگی	وزن ۱۲ هفتگی	سن بلوغ جنسی	تعداد تخم‌مرغ	وزن تخم‌مرغ
وزن ۸ هفتگی	۳/۳۶	۰/۳۲±۰/۰۱	۰/۹۶±۰/۰۰۷	-۰/۲۱±۰/۰۰۵	۰/۱۸±۰/۰۰۸	۰/۲۶±۰/۰۰۵
وزن ۱۲ هفتگی	-	۰/۷۱±۰/۰۰۴	۰/۳۷±۰/۰۱۸	-۰/۲۸±۰/۰۰۵	۰/۱۹±۰/۰۰۸	۰/۳۳±۰/۰۰۵
سن بلوغ جنسی	-	-۰/۰۸±۰/۰۰۱	-۰/۱۱±۰/۰۰۱	۰/۲۱±۰/۰۰۲	-۰/۹۵±۰/۰۱۷	۰/۲۹±۰/۰۰۷
تعداد تخم‌مرغ ^۱	۹۱/۷۲	۰/۰۹±۰/۰۰۱	۰/۱۰±۰/۰۰۱	-۰/۸۰±۰/۰۰۱	۰/۱۸±۰/۰۰۲	-۰/۲۹±۰/۰۱۱
وزن تخم‌مرغ ^۲	۵۲/۰۷	۰/۰۹±۰/۰۰۱	۰/۱۵±۰/۰۰۱	۰/۱۰±۰/۰۰۱	-۰/۰۸±۰/۰۰۱	۰/۲۴±۰/۰۰۲

۱. تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید ۲. میانگین وزن تخم‌مرغ در سنین ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی

برنامه‌ها

در این مطالعه، هفت برنامه اصلاح نژادی مختلف شبیه-سازی گردید. در برنامه اول که برنامه اصلاح نژادی پایه نامیده می‌شود، تنها از فنوتیپ صفات مورد نظر استفاده شد (شکل ۱). در این برنامه، ارزش ژنوتیپی کل شامل وزن بدن در سن ۸ هفتگی، وزن و تعداد تخم‌مرغ و شاخص انتخاب شامل صفات موجود در ارزش ژنوتیپی کل به اضافه وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و سن بلوغ جنسی بود. در این برنامه، وزن بدن در سنین ۸ و ۱۲ هفتگی در هر دو جنس و سایر صفات تنها در جنس ماده قابل اندازه‌گیری بود. در سایر برنامه‌ها که برنامه‌های اصلاح نژادی به کمک نشانگرها نامیده می‌شوند، در کنار فنوتیپ صفات مورد نظر، از اطلاعات QTL مربوط به صفت تعداد تخم‌مرغ نیز در شاخص انتخاب استفاده شد. در این برنامه‌ها، فرض شد برای صفت تعداد تخم‌مرغ تولیدی، QTL هایی وجود دارند که نشانگرهای پیوسته با آنها به ترتیب ۵، ۱۰، ۲۰، ۳۰، ۴۰ و ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی این صفت را بیان می‌کنند.

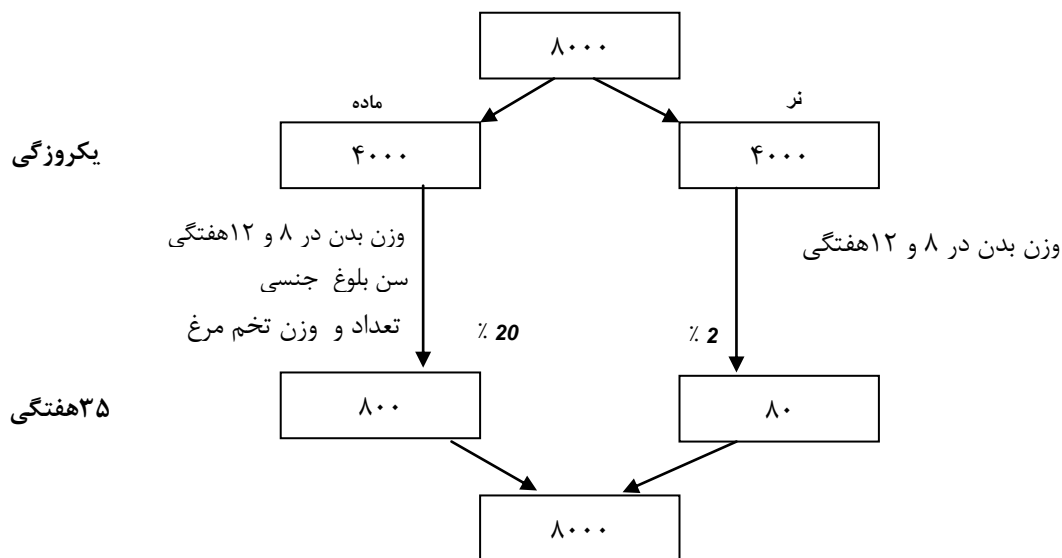
صفاتی که در معادله ارزش ژنوتیپی کل قرار داده شدند شامل وزن بدن در ۸ هفتگی، میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید بود که ضرایب اقتصادی آنها در مرغان بومی کشور در دسترس بود.

$$H = V_{BW8} \times EBV_{BW8} + V_{EW} \times EBV_{EW} + V_{EN} \times EBV_{EN}$$

در این رابطه H ارزش ژنوتیپی کل، V_{BW8} ارزش اقتصادی وزن ۸ هفتگی، EBV_{BW8} ارزش اصلاحی وزن ۸ هفتگی، V_{EW} ارزش اقتصادی وزن تخم‌مرغ، EBV_{EW} ارزش اصلاحی وزن تخم‌مرغ، V_{EN} ارزش اقتصادی تعداد تخم‌مرغ و EBV_{EN} ارزش اصلاحی تعداد تخم‌مرغ می‌باشد.

شاخص انتخاب (I)، ارزش‌های اصلاحی صفات موجود در ارزش ژنوتیپی کل را برآورد می‌نماید. صفات وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و وزن بلوغ جنسی در کنار صفات موجود در ارزش ژنوتیپی کل، در شاخص انتخاب قرار داده شدند.

$$I = EBV_{BW8} + EBV_{BW12} + EBV_{ASM} + EBV_{EW} + EBV_{EN}$$



شکل ۱- برنامه اصلاح نژادی پایه

برنامه اصلاحی که QTL فرضی تا ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ را بیان می‌کند، پاسخ اقتصادی نسبت به برنامه پایه تا میزان ۱۴/۲۸ درصد افزایش یافت. دلیل افزایش پاسخ اقتصادی در برنامه‌های اصلاحی به کمک نشانگرها، افزایش پیشرفت ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته اول تولید (از ۲/۶۱ عدد در برنامه پایه به ۳/۹۲ عدد در برنامه با QTL ۵۰٪) در هر نسل می‌باشد. استفاده از MAS انتخاب پرندگان را در سنین پائین و با صحت بیشتر امکان‌پذیر می‌سازد. بنابراین استفاده از اطلاعات QTL منجر به افزایش دقت در برآورد ارزش‌های اصلاحی شده و لذا می‌توان نامزدهای برتر از نظر ژنتیکی را با اطمینان بالاتری مورد استفاده قرار داد. بالا بودن ارزش اقتصادی صفت تعداد تخم‌مرغ تولیدی در مقایسه با سایر صفات سبب شد که پاسخ اقتصادی در برنامه‌های اصلاحی به کمک نشانگرها در مقایسه با برنامه اصلاحی پایه علیرغم کاهش پیشرفت ژنتیکی در صفات وزن بدن در ۸ هفته‌گی و وزن تخم‌مرغ تولیدی، افزایش یابد. در برنامه اصلاح‌نژادی شبیه‌سازی شده برای گاو شیری توسط اسکروتن و همکاران (۲۰۰۵)، نشان داده شد زمانی که QTL مورد استفاده از ۵ تا ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی را بیان می‌کند پاسخ اقتصادی به ترتیب از ۴/۵ تا ۲۱/۲ درصد افزایش می‌یابد. پاکدل (۲۰۰۵) در شبیه‌سازی برنامه اصلاحی برای کنترل آسیت در جوجه‌های گوشتی نشان داد که اطلاعات QTL به میزان قابل‌توجهی در کنترل بیماری آسیت مؤثر می‌باشد، به طوری که هنگامی که QTL تنها ۵ درصد واریانس ژنتیکی را بیان می‌کند، آسیت کنترل می‌شود. البته لازم به ذکر است که برنامه‌های اصلاح‌نژادی بر پایه MAS معمولاً پیشرفت ژنتیکی مناسبی را در چند نسل اول ایجاد می‌کنند ولی به دلیل کاهش تنوع ناشی از QTL در اثر انتخاب، میزان پیشرفت ژنتیکی این نوع برنامه‌های اصلاحی در بلند مدت کاهش می‌یابد (دکرز و هوسپیتال ۲۰۰۲).

در مطالعه حاضر، اطلاعات QTL در ارزش ژنوتیپی کل به عنوان یک صفت که با تعداد تخم‌مرغ تولیدی همبستگی داشته و وراثت پذیری معادل ۱ دارد، در نظر گرفته شد. همچنین فرض شد که بین QTL صفت تعداد تخم‌مرغ و سایر صفات مورد مطالعه اثر پلیوتروپیک وجود ندارد، در نتیجه همبستگی بین QTL و سایر صفات، صفر در نظر گرفته شد. همبستگی ژنتیکی QTL و اجزای پلی‌ژنیک در نسل پایه (قبل از انتخاب) نیز صفر در نظر گرفته شد. همبستگی بین QTL و تعداد تخم‌مرغ به بزرگی اثر QTL فرضی (q) بستگی داشت. بزرگی اثر QTL نشانگر بخشی از واریانس ژنتیکی تعداد تخم‌مرغ است که به وسیله QTL فرضی توصیف می‌شود. همبستگی ژنتیکی تعداد تخم‌مرغ با QTL و اجزای پلی‌ژنیک به ترتیب برابر با \sqrt{q} و $\sqrt{1-q}$ بود. همچنین همبستگی فنوتیپی تعداد تخم‌مرغ (EN) با QTL و اجزای پلی‌ژنیک به ترتیب از طریق $\sqrt{q \times h_{EN}^2}$ و $\sqrt{(1-q) \times h_{EN}^2}$ محاسبه شد (اسکروتن و همکاران ۲۰۰۵). همبستگی ژنتیکی بین اجزای پلی‌ژنیک و سایر صفات اقتصادی از رابطه $\frac{r_q}{\sqrt{1-q}}$ و همچنین وراثت‌پذیری اجزای پلی‌ژنیک از رابطه $\frac{1-q}{h_{EN}^2 - q}$ تخمین زده شدند. واریانس ژنتیکی افزایشی QTL از طریق $q \times \delta_{AEN}^2$ و واریانس فنوتیپی اجزای پلی‌ژنیک $\delta_{PEN}^2 - \delta_{QTL}^2$ محاسبه گردید (پاکدل و همکاران، ۲۰۰۵).

نتایج و بحث

در این تحقیق پیشرفت ژنتیکی، پاسخ اقتصادی و میزان تغییر در ضریب هم‌خونی (ΔF) در برنامه اصلاح‌نژادی پایه با برنامه‌های اصلاحی به کمک نشانگرها مقایسه شد (جدول ۲). همانطور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود در برنامه اصلاحی که QTL فرضی تنها ۵ درصد واریانس ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ را بیان می‌کند، پاسخ اقتصادی (۵۲۳/۸۵ ریال) نسبت به برنامه پایه (۵۰۶/۷۶ ریال) به میزان ۳/۳۷ درصد افزایش یافت. در

جدول ۲- پاسخ اقتصادی، ضریب همخونی و پیشرفت ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژادی مختلف

برنامه	صفات شاخص ^۱	پاسخ اقتصادی (ریال)	ضریب هم خونی (%)	پیشرفت ژنتیکی	
				وزن ۸ هفتگی (گرم)	تعداد تخم مرغ (عدد)
پایه	BW8, BW12, ASM, EW, EN	۵۰۶/۷۶	۰/۶۹	۶۳/۶۲	۲/۶۱
۲	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (5%)	۵۲۳/۸۵	۰/۶۷	۶۱/۳۰	۲/۹۳
۳	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (10%)	۵۳۷/۲۲	۰/۶۵	۵۹/۲۰	۳/۱۷
۴	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (20%)	۵۴۶/۹۳	۰/۶۱	۵۷/۵۴	۳/۳۴
۵	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (30%)	۵۶۱/۵۸	۰/۵۶	۵۵/۳۴	۳/۶۱
۶	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (40%)	۵۷۱/۰۸	۰/۵۳	۵۳/۷۴	۳/۷۷
۷	BW8, BW12, ASM, EN, EW, QTL (50%)	۵۷۹/۱۱	۰/۵۰	۵۲/۴۴	۳/۹۲

۱. BW8 = وزن بدن در ۸ هفتگی، BW12 = وزن بدن در ۱۲ هفتگی، ASM = سن بلوغ جنسی، EW = میانگین وزن تخم‌مرغ،

EN = تعداد تخم‌مرغ در ۱۲ هفته اول تولید

ضریب همخونی انتخاب پرندگان نر برای صفت تعداد تخم مرغ بر اساس اطلاعات فردی است، در حالیکه در برنامه پایه انتخاب نرها بر اساس رکورد خواهران تنی و ناتنی انجام می‌شود. نتایج این تحقیق نشان داد که اطلاعات QTL، حتی زمانی که تنها ۵ درصد واریانس ژنتیکی را بیان نماید، می‌تواند به طور موثری برای افزایش پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی در مرغان بومی مورد استفاده قرار گیرد. سودمندی استفاده از MAS به هزینه برنامه‌های اصلاح‌نژادی با کمک نشانگرها و سود حاصل از پیشرفت ژنتیکی که در نتیجه استفاده از اطلاعات QTL بدست می‌آید، بستگی دارد.

نرخ کاهش پیشرفت ژنتیکی در MAS به فراوانی اولیه آلل‌ها، بزرگی QTL و شدت انتخاب بستگی دارد (اسکروتن و همکاران ۲۰۰۵). برای جلوگیری از کاهش پیشرفت ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی بر پایه‌ی MAS باید پس از ۲-۳ نسل از QTL های جدید در جمعیت‌های مورد نظر استفاده کرد. افزایش میزان همخونی در همه برنامه‌های شبیه‌سازی شده کمتر از ۱ درصد در هر نسل بود (جدول ۱). به طور کلی، میزان همخونی کمتر از ۱ درصد در هر نسل برای برنامه‌های اصلاح نژاد طیور مطلوب می‌باشد (موریس و پلوت، ۱۹۹۷). در مطالعه حاضر ضریب همخونی از ۰/۶۹ درصد (در برنامه پایه) به ۰/۵۰ درصد (در برنامه QTL ۵۰٪) در هر نسل کاهش یافت. دلیل کاهش

منابع مورد استفاده

امامقلی بگلی ح، زره داران س، حسنی س و عباسی م ع، ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی استان یزد. مجله علوم دامی ایران، شماره ۴، ص ۶۳-۷۰.

دیمی غیاث آبادی پ، علیجانی ص، شجاع غیاث ج و پیرانی ن، ۱۳۸۹a. ردیابی ژنهای عمده در مرغان بومی استان فارس با استفاده از روشهای مختلف آماری. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، ص ۳۱۴۵ تا ۳۱۴۱.

دیمی غیاث آبادی پ، علیجانی ص، شجاع غیاث ج و پیرانی ن، ۱۳۸۹b. ردیابی ژنهای عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی استان فارس با استفاده از روش شاخص ژن عمده. چهارمین کنگره علوم دامی کشور، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، ص ۳۱۴۰-۳۱۳۶.

علیجانی ص، نجاتی جوارمی ا، مهربانی یگانه ح، رحیمی ق و جی یانس ا، ۱۳۸۸. ردیابی ژنهای عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی ایران با استفاده از روشهای آماری. مجله دانش کشاورزی دانشگاه تبریز. شماره ۲، جلد ۱۹. ص ۲۷-۱۵.

کیانی منش ح ر، نجاتی جوارمی، ا و رحیمی ق ا، ۱۳۸۰. برآورد ارزش های اقتصادی صفات تولیدی در مرغان بومی ایران. مجله کشاورزی دانشگاه تهران، شماره ۱، جلد ۳ ص ۱۱-۶.

Bijma P, Van Arendonk JAM and Woolliams JA, 2001. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. *J Anim Sci* 79:840-853

Bijma P and Woolliams JA, 2000. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. *Genet* 156:361-373.

Bulmer MG, 1971. The effect of selection on genetic variability. *Am Nat* 105:253-266.

Dekkers JCM and Hospital F, 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nat Rev Genet* 22:22-32.

Falconer DS and Mackay TFC, 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman, New York, 464 pp.

Gizaw S, Komen H and van Arendonk JAM, 2008. Selection on linear size traits to improve live weight in Menz sheep under nucleus and village breeding programs. *Livest Sci* 118:92-98.

Havenstein GB, Ferket PR and MA Qureshi, 2003. Growth, livability, and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poult Sci* 82:1500-1508.

Hoque MDA, Suzuki K and Oikawa T, 2007. Estimation of genetic gain on growth and carcass traits over direct and index selection for growth and feed efficiency of Japanese black cattle by computer simulation. *Tohoku J Agric Res* 58:31-41.

Knol EF and Prins DT, 2004. Implementation of selection for carcass quality in a pig breeding program in the Netherlands. Pp. 41-46. *Pig Genetics Workshop*. Sydney, Australia.

Lande R and Thompson F, 1990. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genet* 124: 743-756.

Meuwissen THE, 1991. Reduction of selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. *Biometrics* 47:195-203.

Morris AJ and EPollott G, 1997. Comparison of selection based on phenotype, selection index and best linear unbiased prediction data from a closed broiler line. *Br Poult Sci* 38:249-254.

Pakdel A, Bijma P, Ducro BJ and Bovenhuis H, 2005. Selection strategies for body weight and reduced ascites susceptibility in broilers. *Poult Sci* 84:528-535.

Rutten MJM, Bijma P, Woolliams JA and van Arendonk JAM, 2002. SelAction: software to predict selection response and rate of inbreeding in livestock breeding programs. *J Hered* 93:456-458.

- Rutten MJM, Bovenhuis H and Komen H, 2005. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture* 246:125-132.
- Schrooten C, Bovenhuis H, van Arendonk JAM and Bijma P, 2005. Genetic progress in multistage dairy cattle breeding schemes using genetic markers. *J Dairy Sci* 88: 1569-1581.
- Villanueva B, Wray NR and Thompson R, 1993. Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased predictors. *Anim Prod* 57: 1-13.
- Wray NR and Thompson T, 1990. Prediction of rates of inbreeding in selected populations. *Genet Res* 55:41-54.
- Zerehdaran SAL, Vereijken J, Van Arendonk A, Bovenhuis H and Van der Waaij EH, 2005. Broiler breeding strategies using indirect carcass measurements. *Poult Sci* 84:1214-1221.