دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

استراتژی‌های انتخاب برای افزایش نرخ رشد در بلدرچین‌های ژاپنی

جواد احمدپناه[1] و نوید قوی حسین‌زاده[2]

۱- دانشجوی دکتری، دانشگاه گیلان، (نویسنده مسوول: ajavad65@gmail.com)
۲- دانشیار، دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: ۹۲/۱۱/۲۲ تاریخ پذیرش: ۹۳/۲/۱۴

چکیده

در این تحقیق، به منظور بررسی برنامه اصلاح نژادی مناسب برای بلدرچین‌های ژاپنی، برنامه‌های مختلف شبیه‌سازی شد. تابع هدف اصلاح نژادی شامل صفات وزن بدن و وزن تخم بود. جهت بررسی استفاده از نشانگرهای ژنتیکی مرتبط صفت وزن لاشه از پنج برنامه اصلاح نژادی مختلف استفاده شد. پیش‌بینی میزان پیشرفت ژنتیکی و نرخ هم‌خونی به وسیله شبیه‌سازی قطعی برنامه انتخاب تک مرحله‌ای با نسل‌های مجزا انجام شد. در برنامه اول تنها از فنوتیپ صفات وزن بدن و وزن تخم استفاده شد. در برنامه دوم، صفت وزن لاشه و در برنامه سوم نیز صفات غیرمستقیم لاشه از جمله وزن سینه و وزن پشت در شاخص انتخاب گنجانده شد. پاسخ ژنتیکی در هر دو حالت برای وزن بدن کاهش یافت. در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر، اطلاعات QTL که ۵، ۱۰، ۲۰ و ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی صفت وزن لاشه را توصیف می‌کنند در تابع شاخص انتخاب در نظر گرفته شدند. در برنامه اول سهم QTL فرضی، در واریانس ژنتیکی وزن لاشه پنج درصد بود، پیشرفت ژنتیکی برای صفت وزن لاشه به میزان ۳/۱ درصد نسبت به حالت پایه افزایش نشان داد که این روند افزایشی برای حالات دیگر سهم واریانس QTL فرضی نیز مشهود بود، به گونه‌ای که در حالت چهارم که ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی صفت وزن لاشه به وسیله QTL فرضی بیان شده بود این افزایش به ۴۲ درصد رسید. پاسخ ژنتیکی برای صفت وزن لاشه به مقدار قابل قبولی با توجه به مقادیر متفاوت واریانس ناشی از QTL افزایش یافت. بنابراین، استفاده از اطلاعات QTL منجر به افزایش دقت برآورد ارزش‌های اصلاحی شده و می‌توان کاندیداهای برتر از نظر ژنتیکی را با درجه اعتماد بالاتری گزینش نمود.

واژه‌های کلیدی: شبیه‌سازی، انتخاب، رشد ژنتیکی، برنامه‌های اصلاح نژادی، بلدرچین ژاپنی

مقدمه

تولید گسترده بلدرچین‌های ژاپنی در سال ۱۹۲۰ در ژاپن شروع شده است که در ابتدا لاین‌های تخمی به وسیله برنامه انتخاب بوجود آمدند. به گونه‌ای که در سال ۲۰۰۲ مقدار تولید بلدرچین به بیش از ۱۷۰×۱۰^{۶} قطعه در کشورهای برزیل، چین، فرانسه، هند، ژاپن، اسپانیا و آمریکا رسید (۱۵،۱۳). بنابراین یک روند رو به رشدی در جهت افزایش تولید گوشت بلدرچین در دنیا بوجود آمده که این امر سبب ایجاد برنامه‌های اصلاح نژادی برای این پرندگان در نقاط مختلف شده است. صفات مربوط به سینه، لاشه و اجزای آن (ران، سینه، چربی و دیگر امعاء و احشاء بدن)، از جمله صفاتی هستند که رکوردگیری آنها روی حیوان زنده مشکل است و بنابراین نمی‌توان مستقیماً برای آنها انتخاب انجام داد (۱). برای این منظور در انتخاب پرنده‌های نر و ماده از اطلاعات خویشاوندان استفاده می‌شود (۲۵)، که سبب کاهش چشمگیر پیشرفت ژنتیکی و افزایش هم‌خونی می‌شود. استفاده از انتخاب به کمک نشانگر (MAS)[1] برای صفات مذکور اثرات مطلوبی بر پارامترهای ذکر شده دارد (۱۱). بنابراین استفاده از MAS سبب افزایش صحت انتخاب، کاهش فاصله نسل و افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌شود (۶). اطلاعات حاصل از QTL می‌تواند برای افزایش پیشرفت ژنتیکی و همچنین افزایش قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی به وسیله کاهش فاصله نسل و افزایش شدت انتخاب به کار رود (۱۹). توسعه نقشه‌های ژنتیکی بلدرچین با AFLP[2] (۱۶) و نشانگرهای ریزماهواره (۹) به عنوان راهی برای شناسایی QTLها برای صفات مختلف استفاده شده‌اند. البته قبل از تلاش برای شناسایی ژن‌های عمده و ورود آنها به برنامه‌های اصلاح نژادی، آزمون شناسایی وجود QTL مشاهده شده در یک اسکن اولیه ژنوم به وسیله استفاده از جمعیت‌های مستقل ضروری می‌باشد (۲۰). اسماعیلی‌زاده و همکاران (۵) در یک بررسی روی یک جمعیت بلدرچین ژاپنی که به منظور شناسایی QTLهای مرتبط با صفات وزن بدن در سنین مختلف و همچنین صفات مربوط به ضریب تبدیل غذایی انجام داده بودند، توانستند QTLهای مرتبط به این صفات را در فاصله صفر تا ۲۳ سانتی مورگان روی کروموزوم

1- Marker Assisted Selection
2- Amplified fragment length polymorphism

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

شماره ۱ پیدا کنند. بنابراین، هدف این پژوهش، بررسی اثر استفاده از استراتژی‌های انتخاب مختلف برای وزن بدن و صفات لاشه در بلدرچین‌های ژاپنی با استفاده از شبیه‌سازی قطعی[1] است. علاوه بر اثرات استراتژی‌های مختلف بر پیشرفت ژنتیکی و نرخ هم‌خونی، اثرات استفاده از اطلاعات نشانگرهای مرتبط با صفات لاشه نیز در برنامه انتخاب بررسی خواهد شد.

مواد و روش‌ها

ساختار جمعیت

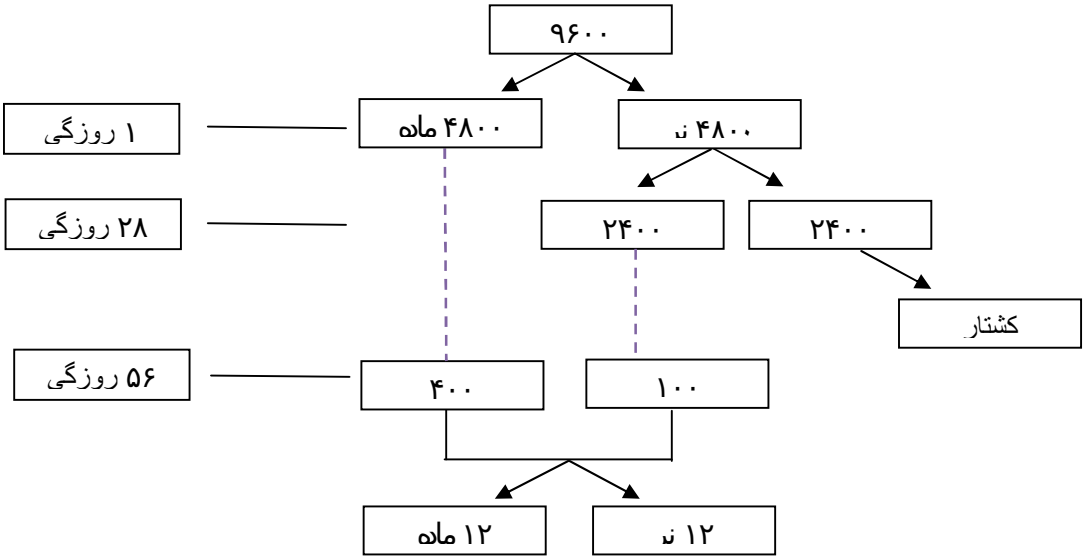
یک جمعیت با نسل‌های مجزا شبیه‌سازی شد که در آن ۱۰۰ نر با ۴۰۰ ماده با نسبت ۱ نر به ۴ ماده به طور تصادفی آمیزش می‌یابند. هر ماده ۲۴ نتاج که شامل ۱۲ نر و ۱۲ ماده و هر نر نیز ۴۸ نتاج از هر جنس تولید کردند. کل تعداد نتاج هر جنس شامل ۴۸۰۰ (۴۰۰×۱۲) نتاج بود. در میان نتاج، بهترین نرها و ماده‌ها به عنوان والدین نسل بعد انتخاب شدند. در ابتدا ۱۰۰ نر از میان ۲۴۰۰ نتاج و ۴۰۰ ماده از میان ۴۸۰۰ نتاج قابل دسترس انتخاب شدند. برای تشکیل جمعیت پایه فرض شده است که جمعیت بزرگ و در تعادل هاردی- واینبرگ بوده و همچنین در تعادل فاز گامتی است (شکل ۱). کوردگیری صفات نیز به این صورت فرض شده است که وزن بدن (BW4)، وزن لاشه (CW4)، وزن سینه (BrW4) و وزن پشت (BaW4) مربوط به سن ۴ هفتگی در نرها و وزن تخم (EW8) نیز مربوط به سن ۸ هفتگی در ماده‌ها می‌باشد.

هدف اصلاحی و شاخص انتخاب

هدف اصلاحی ترکیبی از صفات وزن بدن در ۴ هفتگی و وزن تخم بود. ارزش‌های اقتصادی صفات مذکور به صورت واحدهای تبدیل شده (Monetary units) در نظر گرفته شد. تابع هدف اصلاحی به این صورت است:

$$H = V_{BW4} \times EBV_{BW4} + V_{EW8} \times EBV_{EW8}$$

در این معادله V_{BW4} و V_{EW8} به ترتیب ارزش‌های اقتصادی تبدیل شده برای صفات وزن بدن در ۴ هفتگی و وزن تخم در ۸ هفتگی می‌باشند. همچنین EBV_{BW4} و EBV_{EW8} نیز به ترتیب ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای صفات وزن بدن در ۴ هفتگی و وزن تخم در ۸ هفتگی در نظر گرفته شدند.هنگام مقایسه اثرات QTL مرتبط به صفت وزن لاشه، وزن لاشه نیز در هدف اصلاحی علاوه بر صفات ذکر شده در نظر گرفته شده است. اطلاعات مربوط به (کو) واریانس صفات از تحقیق انجام شده به وسیله خالداری و همکاران (۱۰) اقتباس شده است (جدول ۱).



شکل ۱- الگوی برنامه اصلاح نژادی که ۵۰ درصد از نرها بعد از آزمون لاشه حذف می‌شوند.

1- Deterministic simulation

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

جدول ۱- وراثت‌پذیری (قطر)، همبستگی‌های ژنتیکی (روی قطر) و فنوتیپی (زیر قطر) صفات وزن بدن، وزن لاشه، وزن سینه و وزن پشت در سن ۴ هفتگی و وزن تخم در ۸ هفتگی

صفت[1]	بدن	لاشه	سینه	پشت	تخم
بدن	۰/۲۶[2]	۰/۹۵	۰/۹۰	۰/۹۰	۰/۴۵
لاشه	۰/۸۶	۰/۲۲	۰/۸۸	۰/۸۹	۰/۲۰
سینه	۰/۷۳	۰/۴۳	۰/۲۳	۰/۷۰	۰/۰۱
پشت	۰/۵۷	۰/۷۱	۰/۲۹	۰/۱۵	۰/۰۷
تخم	۰/۲۱	۰/۲۶	۰/۱۵	۰/۰۵	۰/۳۲

۱- صفات مربوط به وزن می‌باشند.
۲- دامنه اشتباه استاندارد برآوردها صفر تا ۰/۱۶ می‌باشد.

به منظور بررسی صفات مستقیم لاشه و همچنین صفات غیرمستقیم، سه طرح اصلاح‌نژادی مختلف شبیه‌سازی شد که در طرح پایه انتخاب بر اساس وزن بدن و وزن تخم انجام گرفت و همه کاندیداهای انتخاب در دسترس بودند. در طرح دوم علاوه بر صفات هدف اصلاحی، صفت وزن لاشه نیز در شاخص انتخاب منظور شد که سبب حذف ۵۰ درصد از نرهای کاندیدای انتخاب شد. همچنین در طرح سوم همه صفات رکوردگیری شده شامل وزن بدن، وزن لاشه، وزن سینه، وزن پشت، وزن پا و وزن تخم در معادله شاخص انتخاب در نظر گرفته شد. در این طرح نیز ۵۰ درصد از کاندیداهای انتخاب نر در دسترس نبودند بنابراین هدف از مقایسه طرح‌های اول و دوم حذف نیمی از پرندگان نر به منظور رکوردگیری صفات مربوط به لاشه و اثر آن در میزان پاسخ ژنتیکی برای صفات تابع هدف می‌باشد (جدول ۲).

جدول ۲- سناریوهای مختلف انتخاب برای صفات مذکور

برنامه	کاندیداهای انتخاب		صفات موجود در شاخص[1]
	نر	ماده	
۱ (پایه)	۴۸۰۰	۴۸۰۰	BW4, EW8
۲	۲۴۰۰	۴۸۰۰	BW4, EW8, CW4
۳	۲۴۰۰	۴۸۰۰	BW4, EW8, CW4, BaW4, BrW4

۱- وزن بدن (BW4)، وزن لاشه (CW4)، وزن سینه (BrW4) و وزن پشت (BaW4) در سن ۴ هفتگی و وزن تخم (EW8) در سن ۵۶ روزگی

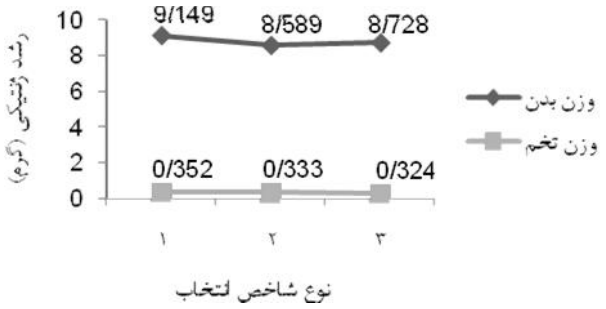
به منظور بررسی اثرات استفاده از نشانگرهای ژنتیکی بر پیشرفت ژنتیکی و نرخ هم‌خونی نیز ۴ طرح اصلاحی در نظر گرفته شد که در آنها واریانس ناشی از نشانگرهای مرتبط با QTL صفت وزن لاشه به ترتیب ۵، ۱۰، ۲۰ و ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی را بیان کرده بود. اطلاعات QTL در ارزش ژنوتیپی کل به عنوان یک صفت که با وزن لاشه همبستگی داشته و وراثت‌پذیری معادل ۱ دارد مدنظر قرار گرفت. فرض دیگر عدم وجود اثرات پلیوتروپی بین QTL وزن لاشه و دیگر صفات موجود در شاخص انتخاب بود، در نتیجه همبستگی صفر فرض شد. همچنین همبستگی بین QTL و اجزای پلی‌ژنیک در نسل پایه نیز صفر فرض شد. همبستگی بین QTL و وزن لاشه به مقدار اثر QTL (q) بستگی داشته و مقدار اثر آن نمایانگر بخشی از واریانس ژنتیکی صفت لاشه بوده که به وسیله QTL فرضی بیان می‌شود. جهت محاسبه همبستگی ژنتیکی وزن لاشه با QTL و اجزای پلی‌ژنیک از روابط $\sqrt{q}$ و $\sqrt{1-q}$ استفاده شد. همبستگی فنوتیپی وزن لاشه با QTL و اجزای پلی‌ژنیک از روابط $\sqrt{q \times h^2_{CW4}}$ و $\sqrt{(1-q) \times h^2_{CW4}}$ بدست آمدند که در این روابط h^2_{CW4} وراثت‌پذیری وزن لاشه می‌باشد (۲۰). واریانس فنوتیپی QTL برابر با واریانس ژنتیکی بوده (وراثت‌پذیری برابر ۱) که به صورت $q \times \sigma^2_{a_{CW4}}$ می‌باشد که $\sigma^2_{a_{CW4}}$ واریانس ژنتیکی وزن لاشه است. همچنین واریانس فنوتیپی بخش پلی‌ژنی نیز به صورت $\sigma^2_{P_{CW4}} - \sigma^2_{QTL}$ برآورد شد در این رابطه نیز $\sigma^2_{P_{CW4}}$ واریانس ژنتیکی وزن لاشه می‌باشد (۱۶). پیش‌بینی میزان پیشرفت ژنتیکی و نرخ هم‌خونی به وسیله شبیه‌سازی قطعی برنامه انتخاب تک مرحله‌ای با نسل‌های مجزا و با استفاده از نرم‌افزار SelAction (۱۸) انجام شد. این برنامه نرخ پیشرفت ژنتیکی را با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی چند صفتی محاسبه می‌کند. همچنین مقدار کاهش در واریانس ناشی از انتخاب را نیز در نظر می‌گیرد (۲) و شدت انتخاب را برای اندازه جمعیت محدود و همبستگی بین ارزش‌های شاخص اعضای خانواده را تصحیح می‌کند (۱۲). در این برنامه فرض بر آن است که ساختار آمیزشی به صورت سلسله مراتبی و تصادفی است و پیش‌بینی نرخ هم‌خونی بر اساس

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

تئوری سهم ژنتیکی بلند مدت[1] است (۲۳). جهت محاسبه مقادیر واریانس QTL نیز از نرم‌افزار Excel Solver استفاده شده است.

نتایج و بحث

مقادیر پیشرفت ژنتیکی برای صفات وزن بدن و وزن تخم به ازای شاخص‌های انتخاب مختلف در شکل ۲ نشان داده شد. همانطور که مشاهده می‌شود در حالت اول که صفات موجود در شاخص انتخاب با صفات تابع هدف یکسان بود مقادیر پیشرفت ژنتیکی برای صفات وزن بدن در ۴ هفتگی و وزن تخم در ۸ هفتگی به ترتیب ۹/۱۴۹ و ۰/۳۵۲ گرم به‌دست آمدند (شکل ۲). در این برنامه مقدار هم‌خونی به ازای هر نسل نیز ۰/۳۶۴ بود. در برنامه دوم که علاوه بر صفات مذکور در تابع هدف انتخاب، صفت وزن لاشه نیز در نظر گرفته شده بود مقدار هم‌خونی به ۰/۳۳۷ به ازای هر نسل تقلیل یافت که این میزان ۷/۴ درصد کاهش نسبت به حالت اول بود.



شکل ۲- رشد ژنتیکی صفات وزن بدن و وزن تخم با استفاده از شاخص‌های انتخاب متفاوت

در این برنامه ۵۰ درصد از کاندیداهای انتخاب جهت رکوردگیری وزن لاشه حذف شده بودند که این کاهش را می‌توان به حذف افراد و همچنین کاهش همبستگی بین شاخص اعضای خانواده نسبت داد چون انتخاب افراد تنی و ناتنی در برنامه‌های انتخاب سبب افزایش هم‌خونی می‌شود.

به منظور بررسی افزایش صفات در تابع شاخص انتخاب بر پاسخ ژنتیکی و صحت انتخاب، صفات غیرمستقیم لاشه از جمله وزن سینه و وزن پشت نیز به شاخص انتخاب افزوده شدند. صحت انتخاب از ۰/۴۸۵ در دو حالت اول به ۰/۴۹۶ در حالت سوم تغییر یافت. افزایش منابع اطلاعات سبب افزایش صحت انتخاب شده است. البته بیشتر بودن صحت انتخاب در این حالت را می‌توان به افزایش واریانس شاخص انتخاب در اثر منظور نمودن صفات غیرمستقیم لاشه در شاخص انتخاب نسبت داد چرا که این عامل رابطه مستقیم با صحت انتخاب دارد و در اثر افزایش آن صحت افزایش می‌یابد.

با توجه به همبستگی ژنتیکی متوسط تا زیاد وزن بدن با صفات غیرمستقیم لاشه، مقدار پیشرفت ژنتیکی برای وزن بدن نسبت به حالت‌های قبل افزایش نشان داده است. این افزایش نسبت به حالت‌های اول و دوم تنها به میزان ۰/۴ درصد بوده است. صفاتی که در شاخص انتخاب آورده می‌شوند باید قابل رکوردگیری باشند و همچنین با صفات تابع ژنوتیپ کل همبستگی ژنتیکی بالایی داشته باشند (۴) در این بررسی با توجه به اینکه تابع هدف انتخاب شامل صفات وزن بدن و وزن تخم بودند همبستگی ژنتیکی بین صفات غیرمستقیم لاشه و وزن تخم کم برآورد شده‌اند. در عمل مقادیر (کو)واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی از مقادیر اطلاعات مختلف به دست آمده و همچنین با خطا برآورد شده‌اند که این خطاها بر کارایی شاخص تأثیر می‌گذارند (۱۸). بنابراین افزایش صفات در شاخص انتخاب سبب ناسازگاری ماتریس‌های (کو) واریانس خواهند شد. با توجه به این موضوع، برخی از محققین پیشنهاد کرده‌اند که صفات ناکارآمد را بر اساس حداقل کردن میانگین مربع خطای پیش‌بینی حذف کنند (۴). بنابراین هنگام وارد کردن صفات در شاخص انتخاب این مسئله در نظر گرفته می‌شود.

به منظور بررسی اثر نشانگرهای ژنتیکی بر پاسخ ژنتیکی و میزان هم‌خونی در برنامه اصلاح نژاد برای صفت وزن لاشه چهار برنامه اصلاح نژادی مختلف در نظر گرفته شد که نتایج آن در جدول ۳ نشان داده شد. در برنامه اصلاحی اول که QTL فرضی ۵ درصد از واریانس

1- Long-term genetic contribution theory

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

ژنتیکی صفت وزن لاشه را بیان کرده بود رشد ژنتیکی به میزان ۳/۱ درصد نسبت به حالت پایه افزایش نشان داد که این روند افزایش برای حالات دیگر مقادیر مختلف QTL فرضی نیز مشهود بود، به گونه‌ای که در حالت چهارم که ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی صفت وزن لاشه به وسیله QTL فرضی بیان شده بود این افزایش به ۴۲ درصد رسید.

جدول ۳- پیشرفت ژنتیکی، درصد هم‌خونی و صحت انتخاب در برنامه‌های اصلاح نژادی مختلف

برنامه	واریانس QTL[1]	میزان هم‌خونی	رشد ژنتیکی (گرم)			صحت انتخاب
			وزن بدن	وزن تخم	وزن لاشه	
پایه	۰	۰/۳۵	۹/۱۴	۰/۳۰	۵/۶۷	۰/۴۸
۱	۵	۰/۳۵	۹/۰۵	۰/۳۰	۵/۸۹	۰/۴۸
۲	۱۰	۰/۳۵	۹/۰۱	۰/۳۱	۵/۹۹	۰/۴۹
۳	۲۰	۰/۳۵	۸/۸۶	۰/۳۱	۶/۳۷	۰/۵۱
۴	۵۰	۰/۳۴	۸/۲۶	۰/۳۱	۸/۰۷	۰/۵۳

۱- درصدی از واریانس ژنتیکی که بوسیله QTL بیان شده است.

بنابراین استفاده از انتخاب به کمک نشانگر، انتخاب پرندگان را برای صفاتی که اندازه‌گیری آنها مشکل و پر هزینه بوده و همچنین سبب از دست رفتن کاندیداهای انتخاب می‌شوند مفید خواهد بود (۴). اگرچه استفاده از اطلاعات QTL سبب کاهش پاسخ ژنتیکی برای صفت وزن بدن شده است ولی این کاهش برای وزن بدن به مقدار ناچیزی بوده است، به طوری که در سه حالت اول این کاهش مشهود نبود اما هنگامی که مقدار QTL فرضی ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی صفت وزن لاشه را بیان کرده بود این کاهش نسبت به حالت پایه ۸ درصد بود. پاسخ ژنتیکی برای صفت وزن لاشه به مقدار قابل قبولی با توجه به مقادیر متفاوت واریانس ناشی از QTL افزایش یافت. بنابراین استفاده از اطلاعات QTL منجر به افزایش دقت برآورد ارزش‌های اصلاحی شده و می‌توان کاندیداهای برتر از نظر ژنتیکی را با درجه اعتماد بالاتری گزینش نمود. زره‌داران و امامقلی بگلی (۲۵) نشان دادند هنگامی که اطلاعات QTL تنها ۵ درصد از واریانس ژنتیکی صفت تولید تخم در مرغان بومی را بیان می‌کند به طور مؤثری سبب افزایش پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی می‌شود. همچنین سایر محققین برای گاو شیری ذکر کردند که هنگامی که QTL مورد استفاده از ۵ تا ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی صفات اقتصادی را بیان می‌کنند پاسخ اقتصادی از ۵ تا ۲۲ درصد افزایش نشان می‌دهد (۱۹). پاکدل و همکاران (۱۵) نیز توانستند حساسیت به آسیت را هنگامی که QTLهای مرتبط تنها ۵ درصد از واریانس ژنتیکی را بیان کردند کنترل کنند. برنامه‌های اصلاح نژادی که برای کوتاه مدت طراحی شده‌اند می‌توانند حداکثر استفاده را از این مسئله ببرند چرا که MAS در مرحله اول سبب افزایش صحت انتخاب می‌شود اما در طولانی مدت به دلیل کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از انتخاب اثر بخشی این برنامه‌ها کاهش می‌یابد (۴). گروهی از بررسی‌های انجام شده روی انتخاب تک مرحله‌ای متمرکز شده‌اند که در این بررسی‌ها برآوردها برای افزایش پیشرفت ژنتیکی از ۶- درصد (۲۲) تا ۱۰۵+ درصد (۲۲) بوده‌اند. کارایی طرح‌های اصلاح نژادی بر پایه MAS به چندین عامل از قبیل بخشی از واریانس ژنتیکی که به وسیله QTL بیان می‌شود، فراوانی آلل‌های QTL، طراحی برنامه اصلاحی و همچنین افق زمانی که ارزیابی صورت می‌گیرد وابسته است. در طرح اول که QTL فرضی ۵ درصد از واریانس ژنتیکی صفت وزن لاشه را بیان کرده بود نرخ هم‌خونی نسبت به حالت پایه تغییری نشان نداد که البته این امر را می‌توان به نرخ هم‌خونی در حالت پایه نسبت داد. با توجه به اینکه در حالت پایه نیمی از پرندگان نر از دسترس انتخاب خارج می‌شوند و از این طریق سبب کاهش روابط خویشاوندی و همچنین کاهش همبستگی شاخص اعضای خانواده شده و از این طریق سبب کاهش هم‌خونی می‌شود. بنابراین از جمله دلایل کاهش نیافتن هم‌خونی در برنامه‌های حاوی اطلاعات QTL می‌توان به انتخاب نرها بر اساس اطلاعات QTL و همچنین در دسترس بودن کاندیداهای انتخاب و افزایش تعداد خویشاوندان در دسترس انتخاب اشاره کرد. این در حالی است که نرها در برنامه پایه بر اساس اطلاعات تنی و ناتنی انتخاب می‌شوند. اما به طور کلی مقادیر هم‌خونی در حالت پایه و همچنین سایر حالات که مقادیر مختلف واریانس ناشی از QTL در نظر گرفته شده بود کمتر از ۱ درصد بود که این مقدار برای لاین‌های طیور مقداری بهینه می‌باشد (۱۲). موریس و پولات (۱۴) پیشنهاد کردند که سطح هم‌خونی برای لاین‌های گوشتی مرغ باید زیر ۱ درصد نگه داشته شود تا مقدار رشد ژنتیکی حداکثر باشد. به طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد که افزودن صفات با هزینه اندازه‌گیری بالا در تابع شاخص انتخاب نه تنها سبب افزایش معنی‌دار پاسخ ژنتیکی نمی‌شود بلکه در مواردی نیز سبب به وجود آمدن

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

مشکلاتی از قبیل ناسازگاری ماتریس‌های (کو)واریانس خواهد شد. همچنین نشان داده شد که استفاده از اطلاعات QTL در برنامه‌های انتخاب به طور معنی‌داری سبب افزایش پیشرفت ژنتیکی صفاتی از قبیل لاشه که اندازه‌گیری آن مشکل و پرهزینه می‌باشد می‌شود. البته سودمندی استفاده از اطلاعات نشانگر به تجزیه و تحلیل اقتصادی و نسبت درآمد به هزینه برنامه‌های اصلاح نژادی نیز بستگی خواهد داشت.

منابع

1. Ahmadpanah, J. 2010. Estimation of genetic parameters for growth and reproduction traits in a commercial broiler dam line. M.Sc. Thesis, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran, 100 pp. (In Persian)
2. Bulmer, M.G. 1971. The effect of selection on genetic variability. The American Nationalist, 105: 253-266.
3. Dekkers, J.C.M. and F. Hospital. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. Nature Reviews Genetics, 22: 22-32.
4. Dekkers, J.C.M. 1992. Asymptotic response to selection on best linear unbiased predictors of breeding values. Animal Production Science, 54: 351-360.
5. Esmailizadeh, A.K., A. Baghizadeh and M. Ahmadizadeh. 1012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. Animal Production Science, 52: 64-68.
6. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edn., Longman, New York, USA, 464 pp.
7. Francesch, A., J. Estany, L. Alfonso and M. Iglesias. 1997. Genetic parameters for egg number, egg weight and egg shell in three Catalan poultry breeds. Poultry Science, 76: 1627-1631.
8. Hoque, M.D.A., K. Suzuki and T. Oikawa. 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 Journal of Agriculture Research, 58: 31-41.
9. Kayang, B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J. Monvoisin, S. Ito and F. Minvielle. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. Animal Genetics, 35: 195-200.
10. Khaldari, M., A. Pakdel, H. Mehrabani Yeganeh, A. Nejati Javaremi and P. Berg. 2010. Response to selection and genetic parameters of body and carcass weights in Japanese quail selected for 4-week body weight. Poultry Science, 89:1834-1841.
11. Lande, R. and F. Thampson. 1990. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. Genetics, 124: 743-756.
12. Meuwissen, T.H.E. 1991. Reduction of selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. Biometrics, 47: 195-203.
13. Minvielle, F. 2004. The future of Japanese quail for research and production. World's Poultry Science Journal, 60: 500-507.
14. Morris, A.J. and G.E. Pollott. 1997. Comparison of selection based on phenotype, selection index and best linear unbiased prediction using data from a closed broiler line. British Poultry Science, 38: 249-254.
15. Pakdel, A., P. Bijma, B.J. Ducro and H. Bovenhuis. 2005. Selection strategies for body weight and reduced ascites susceptibility in broilers. Poultry Science, 84: 528-535.
16. Roussot, O., K. Fève, F. Plisson-Petit, F. Pitel, J.M. Faure, C. Beaumont and A. Vignal. 2003. AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. Genetics, Selection, Evolution, 35: 559-572.
17. Rutten, M.J.M., P. Bijma, J.A. Woolliams and A.M. Van Arendonk. 2002. SelAction: software to predict selection response and rate of inbreeding in livestock breeding programs. Journal of Heredity, 93: 456-458.
18. Sales, J. and W.G. Hill. 1976. Effect of sampling errors on efficiency of selection indices. 2. Use of information on associated traits for improvement of a single important trait. Animal Production Science, 23: 1-14.
19. Schrooten, C., H. Bovenhuis, A.M. van Arendonk and P. Bijma. 2005. Genetic progress in multistage dairy cattle breeding schemes using genetic markers. Journal of Dairy Science, 88: 1569-1581.
20. Spelman, R.J. and H. Bovenhuis. 1998. Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programmes. Animal Genetics, 29: 77-84.
21. Spelman, R.J. and D.J. Garrick. 1997. Utilisation of marker assisted selection in a commercial dairy cow population. Livestock Production Science, 47: 139-147.
22. Spelman, R.J., D.J. Garrick and A.M. van Arendonk. 1999. Utilisation of genetic variation by marker-assisted selection in commercial dairy cattle populations. Livestock Production Science, 59: 51-60.
23. Wray, N.R. and T. Thompson. 1990. Prediction of rates of inbreeding in selected populations. Genetic Research, 55: 41-54.
24. Zerehdaran, S. and H. Emamgholi-bagli. 2011. Effect of using genetic markers in breeding programs of native fowl. Journal of Research on Animal Sciences, 22: 1-9. (In Persian)
25. Zerehdaran, S., J. Vereijken, A.M. Van Arendonk, H. Bovenhuis and E.H. Van der Waaij. 2005. Broiler breeding strategies using indirect carcass measurements. Poultry Science, 84: 1214-1221.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]

Selection Strategies for Increased Growth Rate in Japanese Quails

Javad Ahmadpanah[1] and Navid Ghavi Hossainzade[2]

1- Ph.D. Student, University of Guilan, (Corresponding author: ajavad65@gmail.com)
2- Associate Professor, University of Guilan
Received: February 11, 2014 Accepted: May 4, 2014

Abstract

In this study, selection strategies were simulated to find optimal selection strategy in Japanese quails. Breeding goal was consisted of body weight and egg weight traits. Effects of using genetic markers related to carcass weight were investigated by five different selection strategies. In this case, breeding goal included body weight, egg weight and carcass weight. Deterministic simulation, based on single stage selection and discrete generation, was used for predicting genetic gain and rate of inbreeding. In the first (base) program, phenotypic information was available on body and egg weights. In the second program, information on body and egg weights along with carcass weight were included in selection index and in the third program, with taking into account the indirect carcass measurements in selection index, including breast weight and back weight, genetic gain was increased for body weight compared with two previous mentioned programs. Genetic gain for body weight was decreased by including indirect carcass measurements in selection index. In marker assisted selection programs, QTL information that described 5, 10, 20 and 50% of genetic variation in carcass weight was also included in selection index. In the next step, within the first breeding program which assumed QTL described 5% of genetic variance for carcass weight, genetic progress of carcass weight was increased 3.1% in relation to base program. This increasing trend was observed for other cases with different values of genetic variance described by assumed QTL. In the fourth program which assumed QTL described 50% of genetic variance for carcass weight, this increase reached to 42%. Genetic response for carcass weight was increased appropriately with considering different values of genetic variance due to QTL. Therefore, the use of QTL information resulted in increase in the accuracy of breeding values and it could be possible to select genetically superior candidates with greater reliability values.

Keywords: Simulation, Selection, Genetic Gain, Selection Strategies, Japanese Quail

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-06-28]