تعیین برنامه مناسب برای اصلاح‌نژاد گوسفند لری بختیاری با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی

شماره صفحات
۷۹-۶۳

فاطمه امرایی[۱]، مهدی وفای واله[۲*]، غلامرضا داشاب[۳]، حسن بانه[۴]، جواد احمدپناه[۵]

۱، ۲ و ۳) گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران.
۴) استادیار مؤسسه علم و فناوری، دانشگاه اسکولتک روسیه، روسیه.
۵) استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران.

نویسنده مسئول*: **mehdi.valleh@uoz.ac.ir**

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۱/۲۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۲/۰۸

چکیده

در اصلاح‌نژاد دام علاوه بر تعیین اهداف اصلاحی، انتخاب برنامه مناسب اصلاح نژادی نقش بسزایی در افزایش پیشرفت ژنتیکی دارد. مهم‌ترین عامل عدم پیشرفت ژنتیکی در گله‌های ایستگاه‌های اصلاح نژاد گوسفندان بومی ایران که به عنوان هسته‌های مرکزی اصلاح نژاد می‌باشند و از اهداف اصلی استقرار آن‌ها انتقال پیشرفت ژنتیکی حاصله به گله‌های مردمی می‌باشد، مشخص نبودن اهداف و عدم انتخاب برنامه اصلاحی مناسب در این ایستگاه‌ها می‌باشد. لذا تحقیق حاضر در جهت تعیین برنامه مناسب اصلاح‌نژادی گوسفند نژاد لری بختیاری به منظور پیشبرد اهداف اصلاحی این نژاد انجام شده است. جهت برآورد مؤلفه‌های میزان صحت ارزش‌های اصلاحی، تغییرات هم‌خونی، فاصله‌نسلی و میزان پیشرفت ژنتیکی، سه استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع در دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ با استفاده از نرم افزار QMsim شبیه‌سازی شدند. بیشترین و کمترین صحت ارزیابی‌ها به ترتیب در سیستم هسته باز و هسته بسته مشاهده شد. (P<۰/۰۵). بیشترین و کمترین میزان تغییرات همخونی ایجاد شده به ترتیب مربوط به سیستم هسته بسته با اندازه مؤثر ۱۰۰ و سیستم نر مرجع با اندازه مؤثر ۵۰۰ بود (P<۰/۰۵). بالاترین میانگین فاصله نسلی برای سیستم نر مرجع با میانگین۳/۶۰ و کمترین فاصله نسلی برای سیستم هسته بسته با میانگین ۳/۳۹ برآورد شد. نتایج، بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی را در سیستم اصلاح-نژادی هسته باز در اندازه مؤثر ۵۰۰ نشان داد. با توجه به نتایج به دست آمده استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز با اندازه مؤثر ۵۰۰ در گوسفندان لری بختیاری نسبت به سایر استراتژی‌های اصلاح‌نژادی مناسب‌تر است و جهت بهبود در گله‌ها پیشنهاد می‌گردد.

کلمات کلیدی : هسته باز، هسته بسته، نر مرجع و پیشرفت ژنتیکی.

مقدمه

گوسفند لری بختیاری یکی از نژادهای بزرگ جثه و دنبه‌دار کشور است که طبق آخرین برآوردهای صورت گرفته جمعیت آن در مناطق مختلف بیش از ۶۵۰۰۰۰۰ رأس بوده که رقم قابل توجهی می‌باشد (Deputy for Improving Livestock Production Chaharmahal Bakhtiari Province, 2025). هدف اصلی از پرورش این نژاد تولید گوشت بوده و دارای ظرفیت بالقوه برای سود بیشتر از طریق مدیریت بهتر و بهبود ژنتیکی می‌باشد (Vatankhah *et al.*, 2009). بنابراین استفاده از راه‌هایی که بتواند باعث پیشرفت ژنتیکی و به دنبال آن افزایش بازده اقتصادی در این نژاد شود، ضروری به نظر می‌رسد. مهم‌ترین عامل عدم پیشرفت ژنتیکی در گله‌های ایستگاه‌های اصلاح نژاد گوسفندان بومی ایران که به عنوان هسته‌های مرکزی اصلاح نژاد هستند و از اهداف اصلی استقرار آن‌ها انتقال پیشرفت ژنتیکی حاصله به گله‌های مردمی می‌باشد، مشخص نبودن اهداف و عدم انتخاب برنامه و استراتژی اصلاحی مناسب در این ایستگاه‌ها می‌باشد که مشخص نبودن اهداف اصلاحی باعث انتخاب صفات نامطلوب می‌گردد. در چنین شرایطی ضمن صرف هزینه‌های زیاد و زمان طولانی، هدف اصلی برنامه اصلاح نژادی که افزایش سود و بهره‌وری است، محقق نمی‌شود. علاوه بر تعیین اهداف اصلاحی، انتخاب برنامه مناسب اصلاح نژادی نیز اهمیت بسزایی دارد. میزان پیشرفت ژنتیکی در هر نسل تابعی از شدت و دقت انتخاب، واریانس ژنتیکی افزایشی و فاصله نسلی است. چون تعدادی از این عوامل رابطه معکوس با یکدیگر دارند، نمی‌توان هم‌زمان همه این عوامل را به حداکثر رساند؛ بنابراین، انتخاب برنامه اصلاح نژادی مناسب، شامل تعیین مناسب‌ترین روش پرورش و انتقال مواد ژنتیکی (هسته باز، هسته بسته، نر مرجع)، روش جفت‌گیری، کنترل همخونی و کنترل جفت‌گیری‌ها، استفاده از روش‌های گوناگون جایگزینی گله در طی سال، تعیین مناسب‌ترین شدت انتخاب و نسبت نر و ماده، تغییرات گله و تعیین مناسب‌ترین اندازه گله در گله‌های ایستگاه ضروری می‌باشد (Abbasi and Savar sofla, 2015). تحقیقات مختلفی جهت تعیین برنامه مناسب اصلاحی در نژادهای مختلف انجام شده است. در یک تحقیق انجام شده بر روی صفات رشد و ترکیب لاشه بره‌های لری بختیاری پیشرفت ژنتیکی بیشتری در سیستم هسته باز در مقایسه با دو استراتژی دیگر هسته بسته و نر مرجع گزارش شده است (Askari Hemmat *et al*., 2016). در تحقیق دیگری برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر هسته باز به عنوان گزینه‌ای مناسب برای بهبود ژنتیکی نشخوارکنندگان کوچک پیشنهاد شده است (Kousalya Devi *et al.*, 2019). در مطالعه دیگری که بر روی گوسفند بلوچی انجام شد، میزان هم‌خونی در هسته باز کمتر از سیستم نر مرجع و هسته بسته بود، البته پیشرفت ژنتیکی بیشتری در سیستم نرمرجع در مقایسه با هسته باز و بسته گزارش شد (Abbasi *et al.*, 2007). در تحقیقی که Gizaw *et al* (2008) روی برنامه اصلاح‌نژادی هسته بسته به منظور مقایسه کارایی انتخاب مستقیم و غیرمستقیم وزن زنده گوسفند در سنین مختلف انجام دادند، نتایج نشان داد که طرح هسته بسته باعث افزایش رشد ژنتیکی شده و تنها عامل محدود کننده این طرح نرخ هم‌خونی هست. آنها پیشنهاد دادند که با تغییر ساختار گله و باز کردن سیستم هسته می‌توان هم‌خونی در این سیستم را کاهش داد. در تحقیق دیگری Ebrahemian

et al. (2012) ابعاد مختلف طرح‌های اصلاح‌نژادی هسته را مورد بررسی قرار دادند در مطالعه آنها تأثیر انتقال قوچ از هسته به پایه و نیز میش از پایه به هسته در نژاد مغانی بررسی شد. همچنین در مطالعه دیگری که بر روی جمعیت گاومیش ایرانی انجام شد بهبود ژنتیکی و کاهش همخونی بیشتری طی استفاده از سیستم اصلاحی هسته باز حاصل شد (Safari *et al.*, 2021). با توجه به اینکه در ایران اهداف اصلاحی مناسب با هر نژاد در نظر گرفته نشده است و مسیر و جهت اصلاح‌نژاد نامشخص بوده و این امر باعث ناکارآمدی برنامه‌های اصلاح‌نژادی شده است. بنابراین قبل از شروع هرگونه فعالیت عملی اصلاح‌نژاد برای یک نژاد، تعیین برنامه مناسب اصلاح‌نژادی و ترسیم دورنمای حاصل از آن اهمیت زیادی دارد. لذا تحقیق حاضر در جهت تعیین برنامه مناسب اصلاح‌نژادی گوسفند نژاد لری بختیاری به منظور پیشبرد اهداف اصلاحی صفت وزن شش ماهگی این نژاد انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

ساختار جمعیت

برای انجام شبیه‌سازی داده‌ها نیاز به برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی برای صفت وزن شش ماهگی بود. با توجه به اینکه در اکثر مقالات گرداوری شده مربوط به گوسفند لری بختیاری این مؤلفه‌ها برآورد شده بود. بنابراین با مراجعه به مقالات موجود، مؤلفه‌های واریانس صفت وزن شش ماهگی از اطلاعات مقالات گردآوری شده نژاد لری بختیاری استخراج گردید که در جدول شماره (۱) آمده است. پس از استخراج ورودی‌های لازم سه برنامه اصلاح نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع با استفاده از نرم افزار QMsim Sargolzaei and Schenkel (2009) شبیه‌سازی شدند. برای شبیه‌سازی استراتژی اصلاح‌نژادی هسته بسته، ابتدا یک گله هسته (N) در رأس هرم اصلاح‌نژاد و چهار گله مردمی (H1, H2, H3, H4) در طبقه زیرین این هرم در نظر گرفته شد و نرها و ماده‌های انتخابی در گله هسته جهت تلاقی در گله‌های مردمی در نظر گرفته شدند. همچنین برای شبیه‌سازی سیستم اصلاح‌نژادی هسته باز، ابتدا یک گله هسته (N) در رأس هرم اصلاح‌نژاد و چهار گله مردمی (HA, HB, HC, HD) در طبقه زیرین این هرم در نظر گرفته شد و نرها و ماده‌های انتخابی در گله هسته جهت تلاقی در گله‌های مردمی و نرها و ماده‌های انتخابی گله‌های مردمی جهت تلاقی در گله هسته در نظر گرفته شدند. به عبارتی یک جریان ژنی دو طرفه بین گله هسته و گله‌های مردمی برقرار شد و برای شبیه‌سازی سیستم نر مرجع چهار گله مردمی (A0, B0, C0, D0) در نظر گرفته شدند. سپس نرهای انتخابی هر گله جهت تلافی در گله‌هایی غیر از گله‌ای که در آن انتخاب شدند، در نظر گرفته شد و یک جریانی ژنی در بین گله‌ها از طریق نرهای انتخابی هر گله برقرار شد (تصاویر مربوط به خلاصه فرایند شبیه سازی سه سیستم اصلاح‌نژادی هسته بسته، باز و نر مرجع به ترتیب در در تصاویر شماره ۱، ۲ و ۳ قابل مشاهده است). پس از طراحی تلاقی‌های در طی ۲۰ نسل، جمعیت‌هایی با اندازه مؤثر ۱۰۰ و ۵۰۰ (بررسی داده‌های حاصل از ۷۴ نژاد گوسفند نشان داد که اندازه مؤثر جمعیت در گوسفند در مقایسه با گونه‌هایی نظیر گاو، اسب و خوک در سطح بالاتر قراردارد و به طور میانگین ۴۸۹ می‌باشد. (International Sheep Genomics Consortium) لذا با توجه به میانگین اندازه مؤثر جمعیت در نژادهای مختلف گوسفند،

اندازه مؤثر جمعیت ۵۰۰ در نظر گرفته شد و برای بررسی تأثیر اندازه مؤثر جمعیت بر روی سیستم‌های اصلاحی یک حد پایین از اندازه مؤثر جمعیت به اندازه مؤثر ۱۰۰ نیز در نظر گرفته شد) به ترتیب بر پایه دو گروه انتخابی (۲۰ نر و ۸۰ ماده) و (۱۰۰ نر و ۴۰۰ ماده) شبیه‌سازی شدند.

جدول ۱: مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی صفت مورد نظر درگوسفند لری بختیاری (Rashedi Dehsahraei *et al.*, 2016)

Table 1. Genetic variance components of desired trait in Lori Bakhtiari sheep

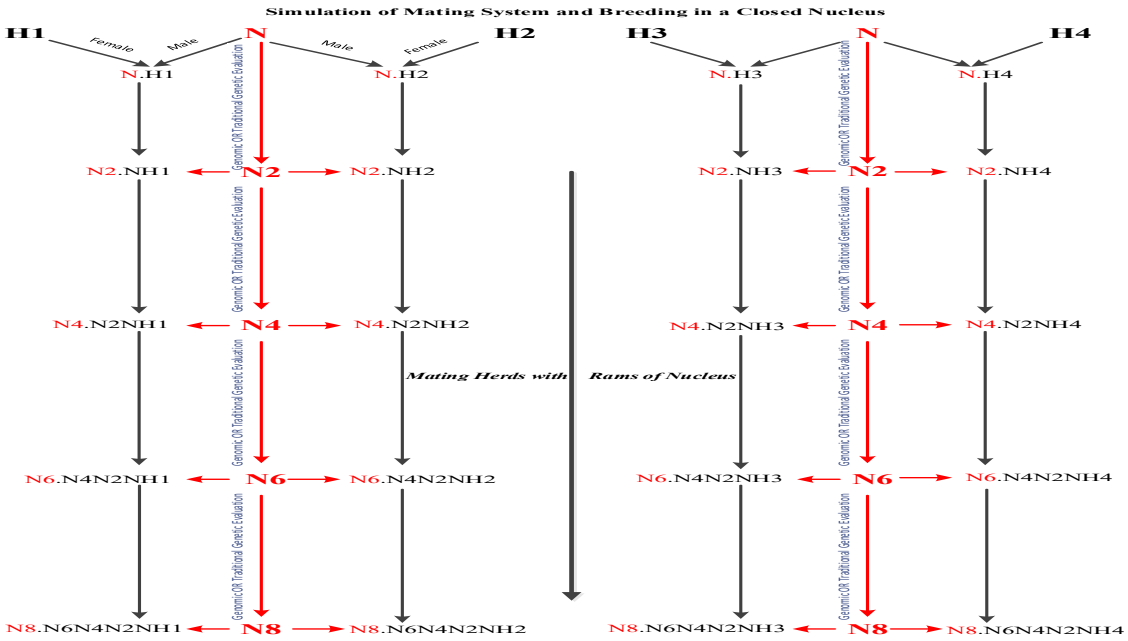
صفت Trait	وراثت پذیری مستقیم h^2_a	واریانس ژنتیکی افزایشی σ^2_α	واریانس فنوتیپی σ^2_p	واریانس باقیمانده (خطا)	واریانس محیطی دائمی
وزن شش ماهگی 6-month weight	0/2±0/03	6.51	32.07	23.7	1.86

مدل و روش آماری

ارزش اصلاحی برای صفت کل وزن شش ماهگی در سه استراتژی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی برآورد شد. مدل آماری برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر بود:

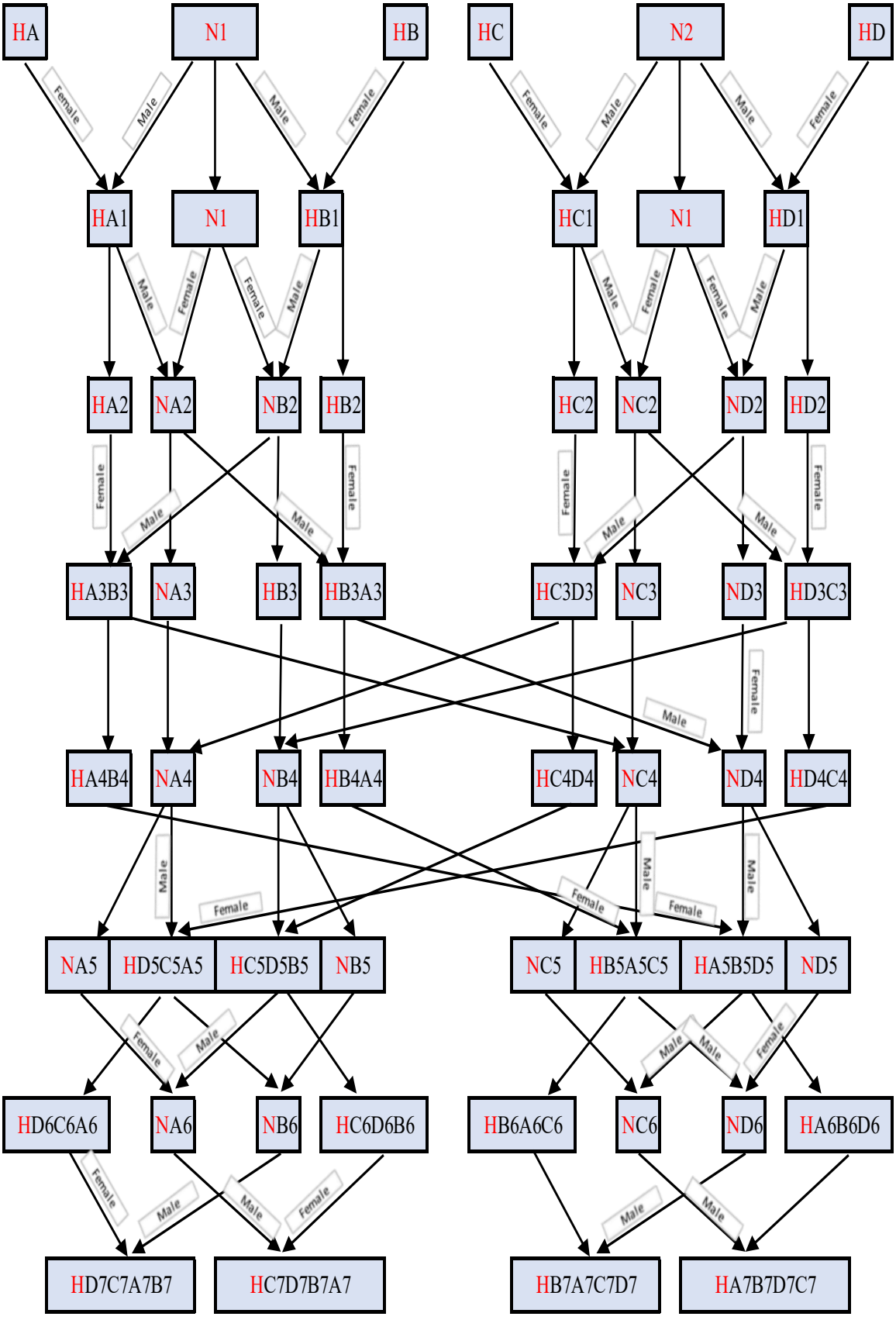
رابطه۱: $$\boldsymbol{y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i}$$

که y_i بردار مشاهدات صفت، b_i بردار اثرات ثابت، a_i بردار اثرات افزایشی حیوان، X_i و Z_i به ترتیب ماتریس‌های طرح برای اثرات ثابت و افزایشی و e_i اثرات باقیمانده است.



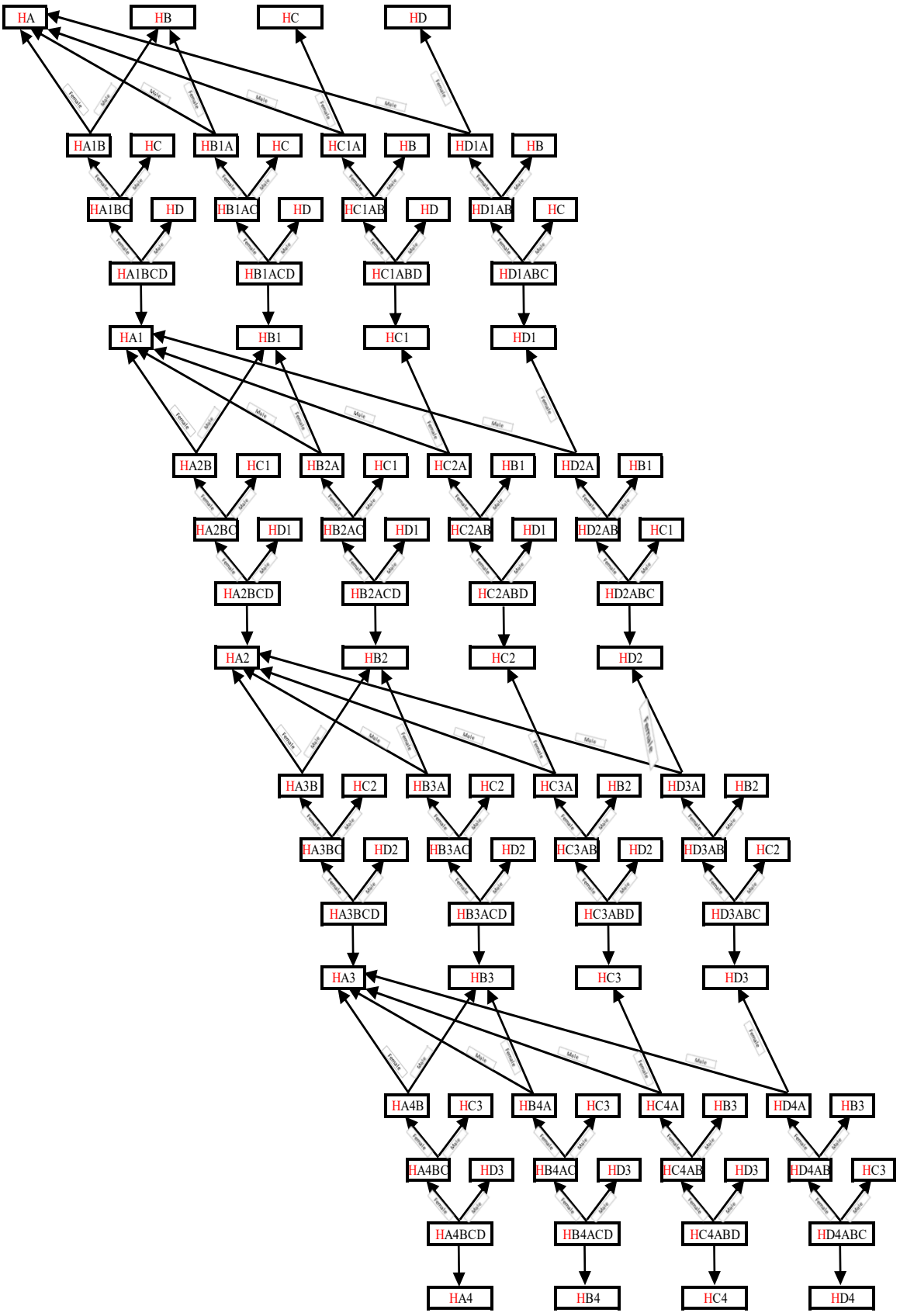
تصویر ۱: خلاصه دیاگرام فرآیند شبیه‌سازی سیستم جفت‌گیری و اصلاح‌نژادی در هسته بسته

Figure 1. Summary diagram of the process of simulating the mating and breeding system in a closed-nucleus



تصویر ۲: خلاصه دیاگرام فرآیند شبیه‌سازی سیستم جفت‌گیری و اصلاح‌نژادی در هسته باز

Figure 1. Summary diagram of the process of simulating the mating and breeding system in the open- nucleus



تصویر ۳: خلاصه دیاگرام فرآیند شبیه‌سازی سیستم جفت‌گیری و اصلاح‌نژادی در نر مرجع

Figure 3. Summary diagram of the process of simulating the mating and breeding system in the Reference Sire

بعد از شبیه‌سازی داده‌ها، میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی، میانگین هم‌خونی، میزان فاصله نسلی و میزان پیشرفت ژنتیکی در سه استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع در دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ برای ۲۰ نسل متوالی به دست آمد. علاوه بر بررسی دوره ارزیابی بلند مدت (نسل ۱-۲۰)، میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی، تغییرات هم‌خونی و پیشرفت ژنتیکی در دو مقطع زمانی دیگر کوتاه‌مدت (نسل ۱تا ۵) و میان مدت (۱ تا ۱۰) نیز برآورد گردید. برای برآورد صحت ارزش اصلاحی، تغییرات همخونی از یک نسل به نسل بعد، فاصله نسلی و میزان پیشرفت ژنتیکی از خروجی نرم‌افزار **QMsim** استفاده شد. همچنین روند تغییرات همخونی و پیشرفت ژنتیکی در دو حالت تجمعی و سالیانه (سال) نیز برآورد شد. در نهایت مقایسات آماری بین سطوح مختلف عوامل (استراتژی‌های اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع با دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰) با رویه GLM و آزمون مقایسه میانگین ها با روش دانکن در سطح ($P<۰/۰۵$) به کمک نرم افزار R انجام شد.

نتایج و بحث

صحت ارزیابی ارزش‌های ژنتیکی در سیستم‌های اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع در دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ و در سه فاصله نسلی کوتاه مدت، میان مدت و بلند مدت مورد ارزیابی قرار گرفت که نتایج آن در جدول شماره (۲) گزارش شده است. نتایج، دامنه صحت ارزش‌های اصلاحی در هر دو اندازه مؤثر را بین ۳۸/۹۶ تا ۶۰/۹۸ نشان دادند. بیشترین و کمترین صحت ارزیابی‌ها به ترتیب مربوط به سیستم هسته باز و هسته بسته بودند. نتایج مقایسه میانگین صحت ارزیابی‌ها در دوره ارزیابی میان مدت (نسل ۱۰-۱) و دراز مدت (نسل ۲۰-۱) اختلافات معنی‌داری را در صحت ارزیابی ارزش‌های ژنتیکی در سیستم‌های اصلاح‌نژادی نشان داد ($P<۰/۰۵$). در بلند مدت (میانگین صحت ارزیابی‌ها)، صحت ارزیابی‌ها در هر دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ در سیستم اصلاحی هسته باز در مقایسه با سایر سیستم‌های اصلاح‌نژادی نر مرجع و هسته بسته بیشتر بود که نتایج صحت ارزیابی‌ها در میان مدت نیز نتایج تقریباً مشابهی با نتایج ارزیابی‌های بلند مدت داشت. البته در دوره ارزیابی کوتاه مدت (نسل ۵-۱) اختلاف معنی‌داری بین سیستم‌های مختلف اصلاح‌نژادی مشاهده نشد. در نتایج به دست آمده همانطور که در جدول شماره ۲ نیز گزارش شده است صحت ارزیابی‌های بالاتری در اندازه مؤثر ۵۰۰ در مقایسه با صحت‌های ارزیابی در اندازه مؤثر ۱۰۰ مشاهده گردید ($P<۰/۰۵$). صحت ارزش‌های اصلاحی تحت تأثیر عوامل مختلفی قرار دارد. یکی از عوامل ماتریس روابط خویشاوندی (A^{-1}) (تعداد، نوع روابط خویشاوندی مورد استفاده در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی) می‌باشد. در برآورد صحت ارزش‌های اصلاحی هر چقدر تعداد بیشتری از رکورد خویشاوندان در دسترس باشد، صحت برآوردها بیشتر خواهد بود. معمولاً در سیستم‌های هسته بسته همخونی و ارتباط خویشاوندی بالاتر می‌باشد، ولی با توجه به اینکه تعداد رکوردهای حیوان به دلیل کوچک بودن اندازه جمعیت در سیستم‌های هسته بسته کمتر می‌باشد، لذا امکان افزایش صحت ارزیابی در این سیستم‌ها ممکن است با چالش مواجه شود. کما این که در یک تحقیق نیز گزارش شده است که در جوامع کوچک به دلیل کم بودن اطلاعات ژنتیکی در دسترس، انتظار می‌رود ارزش‌های اصلاحی ژنومی با صحت پایین‌تر برآورد گردند (Lund *et al.*, 2011).

این امر می‌تواند یکی از دلایلی باشد که در سیستم هسته بسته و اندازه‌های مؤثر جمعیت کمتر میزان صحت ارزش‌های اصلاحی پایین‌تر است که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. با توجه به بزرگتر بودن جمعیت‌ها در سیستم هسته باز نسبت به سیستم هسته بسته و بالطبع داشتن رکوردهای بیشتری از حیوانات افزایش صحت برآورد ارزش اصلاحی در این سیستم دور از انتظار نمی‌باشد. نکته‌ای که باید بدان اشاره کرد و در نتایج این تحقیق، در دوره‌های ارزیابی کوتاه‌مدت، میان مدت و بلند مدت قابل مشاهده است، اینست که صحت ارزش‌های اصلاحی تا حدود بیشتری تحت تأثیر اندازه مؤثر جمعیت قرار گرفته و کمتر تحت تأثیر سیستم‌های اصلاح‌نژادی می‌باشد. دومین مؤلفه‌ای که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت تغییرات هم‌خونی (ΔF) در سه استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع در دو اندازه مؤثر ۱۰۰ و ۵۰۰ بود که نتایج آن به تفکیک هر استراتژی در دو هر اندازه مؤثر ۱۰۰ و ۵۰۰ در جدول شماره ۳ آمده است. بررسی تغییرات همخونی نشان داد که کمترین تغییرات همخونی ایجاد شده مربوط به سناریوی سیستم نر مرجع با اندازه مؤثر ۵۰۰ بود و در دامنه بین ۰/۰۴۵ تا ۰/۲۴۷ درصد قرار داشت و بالاترین میزان تغییرات همخونی در سیستم هسته بسته با اندازه مؤثر ۱۰۰ (دامنه ۰/۵۲۰ تا ۴/۶۶) مشاهده گردید که نشان می‌دهد هر چه اندازه جمعیت کمتر باشد، سرعت افزایش همخونی بیشتر هست و دلیل آن احتمال آمیزش بین خویشاندان در درون گله هست. همچنین در تمام سناریوها مشاهده شد که میزان همخونی در استراتژی‌های اصلاحی با اندازه مؤثر ۱۰۰ بیشتر از استراتژی‌های با اندازه مؤثر ۵۰۰ می‌باشد ($P<۰/۰۵$). علاوه بر بررسی تغییرات همخونی در دوره ارزیابی بلندمدت تغییرات همخونی در دوره‌های ارزیابی کوتاه مدت و میان مدت نیز بررسی شد که نتایج تقریباً مشابهی با دوره ارزیابی بلند مدت مشاهده شد. در تحقیق James (1978) گزارش شده است که در سیستم‌های هسته باز، چون مقداری جریان ژنی از طریق ورود ماده‌های منتخب پرتولید از گله پایه به گله هسته وجود دارد، نرخ هم‌خونی در این سیستم‌های اصلاح‌نژادی نسبت به سیستم هسته بسته کمتر می‌باشد. همچنین در تحقیق دیگری گزارش شده است که در استراتژی هسته باز به دلیل تبادل قوچ و میش بین گله هسته و گله‌های عضو و در استراتژی نر مرجع به علت توزیع قوچ‌های مرجع در میان گله‌های عضو میزان هم‌خونی نسبت به هسته بسته کمتر بوده است(Sorensen *et al*., 1999).

جدول ۲: میانگین و اشتباه معیار صحت ارزش های ارثی با استفاده از سیستم‌های مختلف اصلاح نژادی

Table 2 Average and Standard error of Breeding Value accuracy using Breeding different system

Ne=100 اندازه موثر جمعیت = ۱۰۰			Ne=500 اندازه موثر جمعیت =۵۰۰			سیستم اصلاح‌نژادی Breeding System نسل Generation
هسته باز Open Nucleus	هسته بسته Close Nucleus	نر مرجع Reference Sire	هسته باز Open Nucleus	هسته بسته Close Nucleus	نر مرجع Reference Sire	
55.03±3.82	50.88±2.01	49.81±6.17	55.94±3.46	49.06±2.06	56.53±2.42	1
52.73±4.50	52.48±3.11	49.12±2.66	55.20±3.28	47.14±1.45	53.31±2.62	2
54.37±2.65	51.48±2.42	54.85±2.17	56.67±2.24	53.80±2.98	53.61±2.76	3
52.82±2.20	47.92±3.06	52.21±1.77	53.57±1.45	50.99±2.01	51.62±2.77	4
52.99±2.79	52.65±2.21	54.34±1.68	56.51±2.58	52.66±2.84	55.24±2.71	5
52.28±2.59	48.19±2.86	48.94±3.14	51.19±1.91	50.80±1.85	53.14±1.66	6
52.52±1.76	52.22±2.51	51.08±2.24	54.78±2.82	52.31±0.995	55.29±3.17	7
52.07±3.22	48.20±4.82	46.10±2.17	51.84±2.07	42.46±2.33	52.69±2.25	8
54.20±2.47	51.14±2.30	51.23±2.97	57.52±2.87	51.63±1.38	54.67±2.73	9
52.57±3.88	47.58±4.56	48.32±2.90	51.74±2.46	45.36±2.04	51.13±1.83	10
52.06±2.95	47.02±2.60	55.27±4.97	57.96±2.85	52.61±1.99	54.42±1.92	11
52.39±2.27	39.42±3.08	52.64±4.55	55.38±2.19	42.62±1.11	50.08±1.50	12
60.98±4.61	50.13±2.44	54.07±2.34	55.47±2.55	55.40±1.45	51.65±2.56	13
54.53±2.96	45.17±2.54	52.47±3.41	49.20±1.47	46.40±1.67	50.65±1.54	14
52.36±3.46	51.62±4.10	50.28±1.61	55.42±3.17	52.17±1.28	53.05±1.77	15
49.74±2.55	48.09±3.49	50.20±2.94	49.87±1.75	45.55±2.38	49.20±1.85	16
59.24±3.52	49.06±5.79	55.90±3.36	57.91±3.39	52.16±2.15	53.80±3.19	17
52.61±1.57	33.78±3.97	44.35±2.59	53.96±2.38	44.35±3.06	49.23±1.51	18
54.17±2.42	48.43±3.06	54.83±2.15	56.89±2.58	51.70±1.76	52.25±2.18	19
52.07±2.10	39.22±1.21	45.31±3.96	51.50±1.93	38.96±2.55	48.21±1.22	20
^{a}53.58 ±2.91	**^{c}47.73 ±2.91**	**^{b}51.06 ±2.99**	**^{a} 54.42 ±2.47**	**^{c}48.90 ±1.97**	**^{ab}52.34 ±2.21**	**میانگین Average**
		Generation Interval				**فاصله نسلی**
^{a} 55.57±2.90	**^{bc}51.08 ±3.19**	**^{bc} 52.06 ±2.56**	**^{ab} 53.58.±2.66**	**^{c} 50.73 ±2.27**	**^{ab} 53.46 ±2.60**	**(1-5) کوتاه مدت Short term**
^{a} 53.15 ±2.79	**^{b} 50.27 ±2.99**	**^{b} 50.60 ±2.99**	**^{a} 54.49±2.49**	**^{b} 49.62 ±1.99**	**^{a} 53.42± 2.51**	**(1-10) میان مدت Medium term**

حروف متفاوت **(a، b، c)** در بالا بیانگر اختلاف آماری معنی‌دار در سطح ۵٪ است **(P≤۰/۰۵)**

یکی از دلایل پایین بودن نرخ همخونی در سیستم نر مرجع این است که 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 میزان هم‌خونی در این سیستم کمتر می‌باشد (Bourdon, 2000). در تحقیق Sadeghi *et al.* (2018) کمترین میزان هم‌خونی برای سیستم هسته باز گزارش شد. در یک مطالعه دیگر گزارش شد که در طرح‌های مبتنی بر هسته، با باز کردن بیشتر هسته، سطح هم‌خونی کاهش پیدا کرده و سرعت پیشرفت ژنتیکی به دلیل ورود ژن‌های برتر به داخل جمعیت افزایش می‌یابد(Van der Werf, (2010 که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. سطح همخونی به طور قابل توجهی تحت تأثیر نسبت نرها به ماده‌ها، توانایی تولیدمثل، سیستم جفت‌گیری و اندازه مؤثرجمعیت می‌باشد (Rzewuska *et al.,* 2005). همانطور که در نتایج این تحقیق نیز مشاهده می‌شود تأثیر مؤلفه اندازه مؤثر جمعیت به وضوح در میزان همخونی قابل مشاهده است و بالاترین میزان همخونی در سیستم هسته بسته با اندازه مؤثر ۱۰۰ و کمترین میزان همخونی در سیستم نر مرجع با اندازه مؤثر ۵۰۰ مشاهده شد، البته این کاهش همخونی در کل سیستم‌های با اندازه مؤثر جمعیت ۵۰۰ در مقایسه با سیستم‌های اصلاحی با اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ مشاهده شدند (P<۰/۰۵). که مؤید نقش مهم و اثرگذار اندازه مؤثر جمعیت در همخونی می‌باشد. در جمعیت‌های با اندازه کوچک هم‌خونی باعث کاهش واریانس ژنتیکی شده و تفاوت انتخاب تحت تأثیر قرار گرفته و به طبع آن پیشرفت ژنتیکی کاهش می‌یابد (Yavarifard *et al*., 2016).در گله‌های کوچک‌تر و در سیستم‌های هسته بسته، تغییرات ژنتیکی از طریق تعداد اندکی از نرها اتفاق می‌افتد و معمولا انتخابی در ماده‌ها صورت نمی‌گیرد که به طبع آن افزایش میزان هم‌خونی را به دنبال دارد (Eteqadi *et al*., 2015; Yavarifard *et al*., 2016). هرچقدر اندازه مؤثر جمعیت پایین‌تر باشد افراد سهمی اندک و در برخی موارد هیچ سهمی در خزانه ژنی نسل آینده ندارند (Mucha and Windig, 2009). در یکی دیگر از مطالعات گزارش شده است با توجه به این که در سیستم‌های هسته بسته جریان ژنی یکطرفه می‌باشد و فقط انتقال ژن‌ها از هسته به گله انجام می‌شود، نرخ همخونی افزایش می‌یابد (Roessler *et al.,* 2010). نکته دیگری که می‌توان به آن اشاره کرد و در نتایج نیز مشاهده می‌شود این است که میزان هم‌خونی در دوره ارزیابی کوتاه مدت در تمام سناریوهای مورد بررسی بالاتر و این میزان به ترتیب در دوره‌های ارزیابی میان مدت و بلند مدت کمتر بود که نقش فاصله نسلی در میزان همخونی را نشان می‌دهد. در فواصل نسلی کوتاه مدت معمولاً حیوانات با ارتباط خویشاوندی بالاتر در آمیزش‌ها مشارکت دارند و به مرور در سیستم‌های اصلاحی حیوانات جدیدتری وارد پروسه تلاقی‌گری شده و میزان مشارکت افراد همخون در آمیزش‌ها کمتر می‌شود، لذا میزان همخونی به ترتیب در فواصل زمانی میان مدت و بلند مدت نسبت به فاصله نسلی کوتاه مدت کاهش می‌یابد. در بخش دیگری از نتایج بررسی تغییرات همخونی، میزان روند تغییرات همخونی (سال) مورد بررسی قرار گرفت که نتایج سناریوهای مختلف، شیب افزایشی بیشتری را در اندازه مؤثر ۱۰۰ نسبت به اندازه مؤثر ۵۰۰ نشان داد (میانگین این روند در اندازه موثر ۱۰۰ برابر با ۰/۱۱۵+ و در اندازه مؤثر ۵۰۰ برابر با ۰/۰۱۴+ بودند) که با توجه به مطالب ذکر شده قبلی و تأثیر اندازه مؤثر جمعیت در میزان همخونی این

نوع روند دور از انتظار نیست. همچنین میانگین تغییرات همخونی تجمعی میانگین تغییرات همخونی بسیار بالاتری را در اندازه مؤثر ۱۰۰ (برابر با ۱۰/۶۹+) در مقایسه با اندازه مؤثر ۵۰۰ (برابر با ۱/۷۷+) نشان داد که این میزان تفاوت بارز بین دو اندازه مؤثر، مؤید نقش مهم و اثرگذار اندازه مؤثر جمعیت در روند تغییرات همخونی می‌باشد. (نمودار روند تغییرات همخونی (سال) و میزان تجمعی سیستم هسته بسته در اندازه مؤثر ۱۰۰ (بالاترین مقدار همخونی) در نمودار شماره (۱) گزارش شده است). نتایج به دست آمده از میزان فاصله نسلی در سه استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع، نشان داد که بالاترین میانگین فاصله نسلی در سیستم نر مرجع با میانگین ۳/۶۰ و سپس سیستم هسته باز با میانگین فاصله نسلی ۳/۵۱ برآورد شدند. همچنین کمترین فاصله نسلی برای سیستم هسته بسته با میانگین ۳/۳۹ بود. در یک تحقیق انجام شده بیشترین فاصله نسلی برای سیستم نر مرجع برآورد شد و کمترین فاصله نسلی مربوط به سیستم هسته بسته بود که ۱۸ درصد کمتر از سیستم نر مرجع می‌باشد. همچنین گزارش شده است که در سیستم‌های هسته بسته از نرهای آزمون شده بیشتری در آمیزش‌ها استفاده می‌گردد که باعث می‌شود نرها مدت زمان کمتری در گله مانده و بدین ترتیب فاصله نسلی کاهش می‌یابد (Bourdon, 2000). در مطالعه دیگری بر روی بز نژاد عدنی کمترین و بیشترین میزان فاصله نسلی به ترتیب برای سیستم هسته بسته و نر مرجع گزارش شد Sadeghi *et al.,* (2018) که نتایج بالا با نتایج مطالعه حاضر مطابقت داشت. آنچه که از پیشرفت ژنتیکی در یک سال حاصل می‌شود مهمتر از میزان پیشرفت ژنتیکی در هر نسل است. به عنوان مثال پیشرفت ژنتیکی که از ۴۰۰ گرم افزایش میانگین وزن (انحراف از میانگین) در طول یک فاصله نسلی ۲ ساله حاصل می‌شود، بسیار بیشتر از میزان ۱۰۰۰ گرم انحراف از میانگین در یک فاصله نسلی ۱۰ ساله است (Dechow, 2022). در تحقیق حاضر نیز میزان پیشرفت‌های ژنتیکی با استفاده از فاصله نسلی‌های حاصل و صحت ارزیابی‌ها در سه استراتژی اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع در اندازه مؤثر ۱۰۰ و ۵۰۰ برآورد گردید که نتایج در جدول شماره ۴ ارائه شده است. در نتایج به دست آمده بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم اصلاح‌نژادی هسته باز در هر دو اندازه مؤثر ۱۰۰ و ۵۰۰ در هر سه دوره ارزیابی کوتاه مدت، میان مدت و بلند مدت مشاهده شد و سیستم نر مرجع و هسته بسته پیشرفت ژنتیکی پایین‌تری را نسبت به سیستم هسته باز نشان دادند. میانگین روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی (سال)، در هر دو اندازه مؤثر شیب مثبتی را نشان داد. میانگین این روند در اندازه مؤثر ۱۰۰ برابر با ۰/۰۰۱۴+ و در اندازه مؤثر ۵۰۰ برابر با ۰/۰۰۰۷+ بود که نشان‌دهنده شیب تندتر پیشرفت ژنتیکی در اندازه مؤثر ۱۰۰ می‌باشد. در بین سیستم‌های اصلاح‌نژادی، بالاترین شیب تغییرات پیشرفت ژنتیکی (سال) را سیستم نر مرجع در هر دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ نشان داد. علاوه بر روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی (سال)، روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی تجمعی نیز برآورد شد که میانگین این روند در اندازه مؤثر ۱۰۰ برابر با ۱۰/۲۶+ و در اندازه مؤثر ۵۰۰ برابر با ۱۰/۵۹+ برآورد شد.

جدول ۳: میانگین و اشتباه معیار تغییرات هم‌خونی با استفاده از سیستم‌های مختلف اصلاح نژادی

Table 3. Average and Standard error of the inbreeding changes using Breeding different system

اندازه موثر جمعیت =۵۰۰ Ne=500			اندازه موثر جمعیت = ۱۰۰ Ne=100			
نر مرجع Reference Sire	هسته بسته Close Nucleus	هسته باز Open Nucleus	نر مرجع Reference Sire	هسته بسته Close Nucleus	هسته باز Open Nucleus	سیستم اصلاح- نژادی system Breeding نسل Generation
0.247±0.038	0.740±0.055	0.800±0.054	3.80±0.181	4.66±0.307	3.59±0.279	1
0.070±0.022	0. 290±0.035	0.270±0.034	0.520±0.199	2.26±0.197	1.26±0.164	2
0.045±0.013	0.258±0.028	0.092±0.028	0.530±0.151	2.38±0.229	0.344±0.124	3
0.127±0.041	0.100±0.029	0.094±0.030	0.467±0.160	1.78±0.111	0.621±0.151	4
0.110±0.030	0.106±0.026	0.088±0.027	0.427±0.180	0.817±0.111	0.589±0.159	5
0.110±0.041	0.106±0.034	0.061±0.024	0.352±0.105	0.520±0.100	0.421±0.135	6
0.100±0.035	0.126±0.037	0.079±0.023	0.387±0.192	0.600±0.135	0.457±0.173	7
0.095±0.036	0.146±0.039	0.0875±0.029	0.352±0.119	0.720±0.108	0.530±0.153	8
0.082±0.027	0.156±0.040	0.092±0.030	0.310±0.110	0.900±0.095	0.218±0.148	9
0.142±0.034	0.144±0.038	0.099±0.027	0.312±0.109	0.750±0.192	0.332±0.122	10
0.087±0.027	0.132±0.035	0.081±0.026	0.342±0.137	0.526±0.147	0.402±0.128	11
0.102±0.023	0.112±0.030	0.107±0.029	0.445±0.164	0.640±0.135	0.437±0.163	12
0.082±0.025	0.146±0.034	0.120±0.032	0.462±0.175	0.550±0.136	0.420±0.167	13
0.060±0.022	0.068±0.024	0.074±0.024	0.352±0.132	0.726±0.172	0.274±0.091	14
0.125±0.037	0.088±0.026	0.093±0.030	0.217±0.186	0.600±0.173	0.237±0.083	15
0.140±0.037	0.126±0.031	0.105±0.028	0.342±۰0.186	0.624±0.155	0.276±0.175	16
0.072±0.023	0.146±0.034	0.066±0.021	0.212±0.108	0.550±0.145	0.466±0.159	17
0.092±0.023	0.126±0.034	0.111±0.031	0.940±0.207	0.668±0.146	0.375±0.131	18
0.105±0.039	0.110±0.023	0.115±0.030	0.287±0.182	0.626±0.110	0.360±0.124	19
0.077±0.024	0.132±0.034	0.085±0.028	0.305±0.162	0.698±0.123	0.348±0.178	20
^{c} 0.103±0.030	^{c} 0.166±0.033	^{c} 0.136± 0.029	^{b} 0.568±0.157	^{a} 1.07±0.151	^{b} ±0.150 0.597	میانگین Average
0.066 ±0.0811	- 0.030± -0.0032	-0.042 ± -0.0152	0.142 ±0.0495	0.046 ± -0.0046	±0.0235 0.158	روند تغییرات (سال) Changes Trend (Year)
1.19±0.332	2.25±0.381	1.87±0.334	7.89±1.71	15.55±1.76	8.64±1.72	روند تغییرات (تجمعی) Changes Trend Cumolative) (
			Generation Interval			فاصله نسلی
^{b} 0.119±0.029	^{b} 0.298 ±0.034	^{ab} 0.269±0.035	^{ab} 1.14±0.174	^{a} 2.37 ±0.191	1.28 ±0.175 ^{ab}	۵-۱(کوتاه مدت) Short term (1-5)
^{b} 0.112± 0.032	^{b} 0/217 ±0.036	^{b} 0.176 ±0.030	^{b} 0.745±0.151	^{a} 1.53±0.159	^{ab} 0.836 ± 0.161	۱۰-۱(میان مدت) Medium term (1-10)

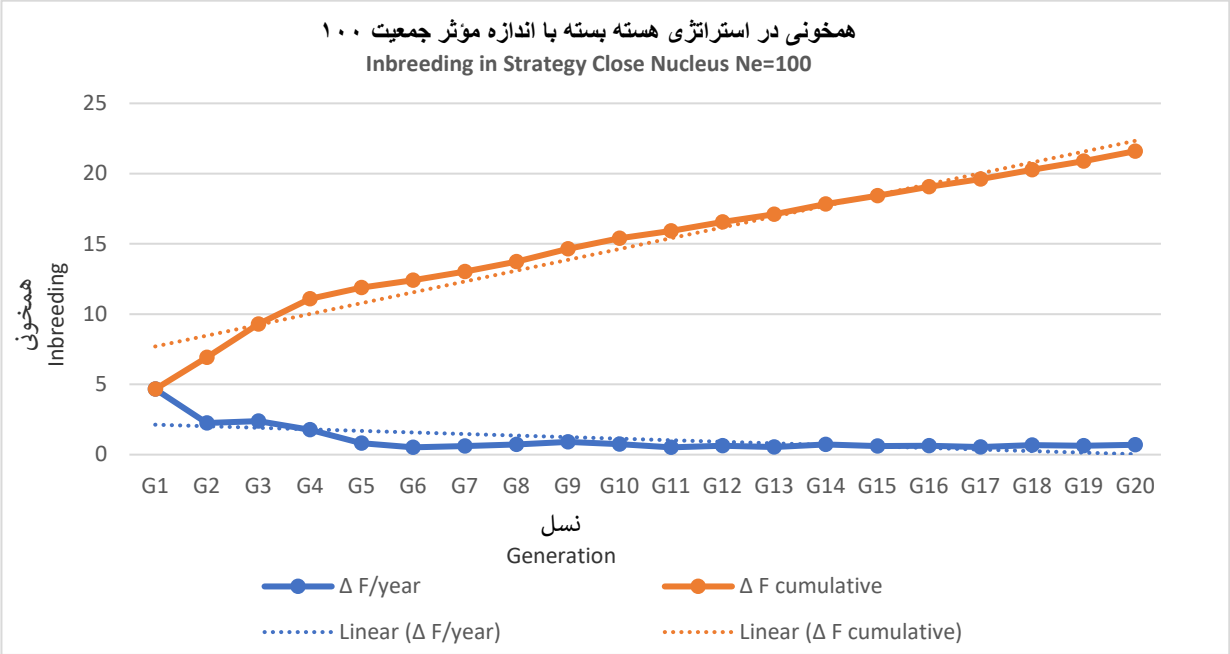
حروف متفاوت (**a**، **b**، **c**) بیانگر اختلاف آماری معنی دار در سطح ۵٪ است (**P ≤۰.۰۵**).

Different letters **(a, b, c)** indicate statistically significant differences at the 5% level **(P ≤ 0.05).**

نمودار شماره ۲ روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی به ازای هر سال و روند تجمعی سیستم هسته باز (بالاترین پیشرفت ژنتیکی) در اندازه مؤثر جمعیت ۵۰۰ را نشان می‌دهد. در یک مطالعه که بر روی گوسفندان کومیزانا در ایتالیا (2002) Pinelli و گوسفندان آواسی در ترکیه (Giirsoy *et al* .,1998) انجام شد بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی برای سیستم هسته باز گزارش شده است. در تحقیق دیگری بر روی گوسفندان مناطق اسکاتلند بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم هسته باز گزارش شده است. در این تحقیق عنوان شده است که تنوع ژنتیکی و شدت انتخاب بالاتر در این سیستم مزید بر علت می‌باشد. علاوه بر این در سیستم هسته باز به علت برخورداری از نوعی آمیزش جورشده، زمانی که شدت انتخاب در ماده‌ها کم باشد ۱۵-۱۰ درصد پیشرفت ژنتیکی بیشتری نسبت به سیستم هسته بسته حاصل می‌گردد (James, 1978). در مطالعه دیگر بر روی بز نژاد عدنی

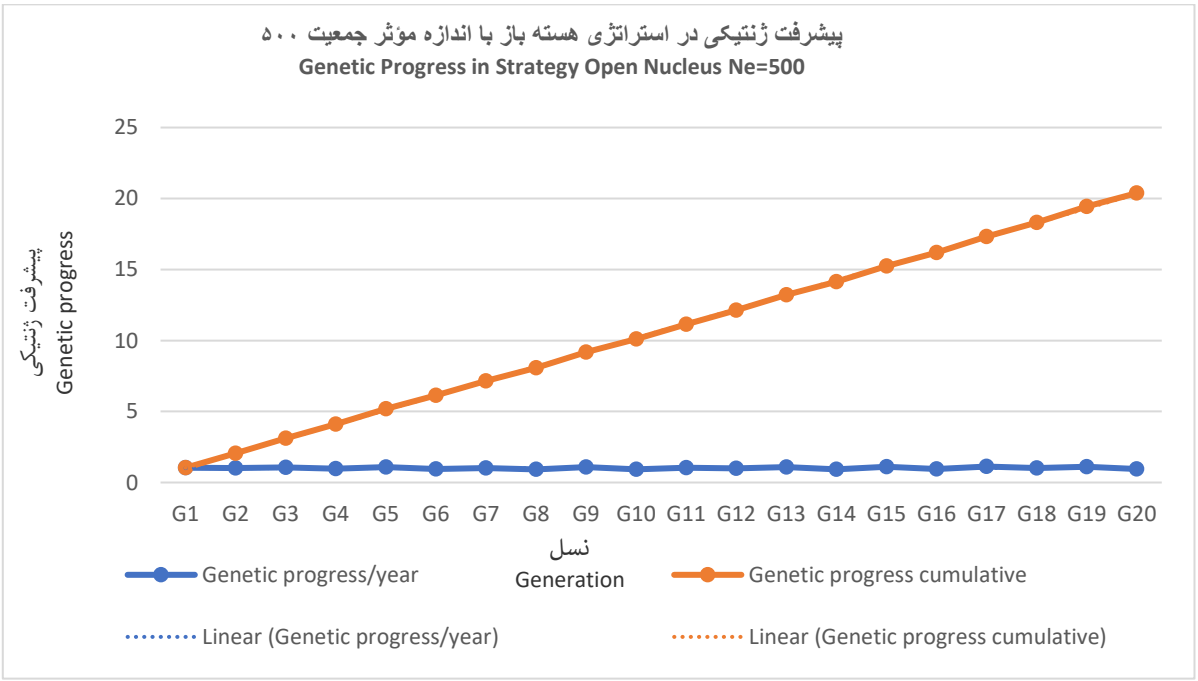
بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم هسته باز گزارش شد (Sadeghi *et al.,* 2018). در تحقیق دیگری گزارش شده که در سیستم‌های هسته باز با افزایش اندازه‌ی جمعیت پیشرفت ژنتیکی به طور معنی‌داری افزایش می‌یابد و این افزایش به دلیل بزرگ بودن نرخ مهاجرت از هسته به پایه در جمعیت‌های بزرگتر می‌باشد (Abdel-Salam *et al.,* 2010). در نتایج تحقیق دیگری نیز میزان پیشرفت ژنتیکی برای گله‌های عادی گوسفند و گاو گوشتی در طرح‌های هسته باز بیشتر از هسته بسته گزارش شده است. آنها همچنین بیان کردند که مزیت هسته باز اصلاح‌نژادی نسبت به هسته بسته بر اساس نظریه ثبات واریانس به میزان خوبی تقریب زده می‌شود (Mueller, 2010). یکی از دلایل مهم افزایش پیشرفت ژنتیکی در گله‌های هسته باز نسبت به گله های هسته بسته شدت انتخاب بالاتر در این گله‌ها می‌باشد. با توجه به اینکه در گله‌های هسته بسته اندازه گله کوچکتر می‌باشد، شدت انتخاب پایین‌تر بوده، اما گله‌های هسته باز در مقایسه با دو سیستم دیگر شدت انتخاب بالاتری را در ماده‌ها امکان پذیر می‌نماید و در نتیجه تعداد فرزندان بیشتری را می‌توان از ماده‌های منتخب به دست آورد. در مطالعه Shrivastava *et al.* (2018) عنوان شده که پیشرفت ژنتیکی در گله‌های هسته باز با توجه به شدت انتخاب بالاتر در ماده‌ها ۴ تا ۶ درصد نسبت به استراتژی هسته بسته افزایش پیدا کرده و با بسته شدن سیستم اصلاح نژادی این میزان به ۱-۲ درصد کاهش پیدا می‌کند. در مطالعه دیگری عنوان شده است که سیستم اصلاح نژادی هسته باز به طور گسترده در پرورش دام استفاده شده است و نشان داده است که یک پیشرفت ژنتیکی مطلوبی در مقایسه با سیستم هسته بسته ایجاد می‌کند (Kang *et al.,* 2024). همچنین در مطالعه‌ای که بر روی گوسفندان کوهستانی منطقه تیگرای اتیوپی انجام شد دو برابر پیشرفت ژنتیکی بیشتری در سیستم هسته باز در مقایسه با هسته بسته گزارش نمودند (Haileselassie *et al.,* 2022). یکی از دلایل افزایش پیشرفت ژنتیکی در سیستم‌های هسته باز تنوع ژنتیکی بالاتر و شدت انتخاب بالاتر در این سیستم اصلاحی می‌باشد. در سیستم اصلاحی هسته بسته به دلیل کوچک بودن اندازه گله تنوع ژنتیکی پایین‌تر است و با توجه به کوچک بودن اندازه گله شدت انتخاب کمتری نیز اتفاق می‌افتد، در مقابل سیستم‌های هسته باز که در آن انتقال ژن‌ها به صورت دو طرفه (هسته به گله و گله به هسته) انجام می‌شود و تعداد بیشتری از حیوانات در آمیزش‌ها مشارکت دارند و به مرور در تلاقی‌های نسل‌های بعدی حیوانات جدیدتری وارد پروسه آمیزش می‌شوند، تنوع ژنتیکی و شدت انتخاب بالاتری ایجاد می‌شود که بالطبع افزایش پیشرفت ژنتیکی را به دنبال دارد. غیر همسو با نتایج تحقیق حاضر در تحقیقی که Abbasi *et al.* (2007) روی گوسفند نژاد بلوچی انجام دادند بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم نر مرجع گزارش گردید. همچنین در تحقیق Simm *et al* (2002) در گوسفندان بریتانیا و نیوزلند نیز بالاترین پیشرفت ژنتیکی برای سیستم نر مرجع برآورد شد. در تحقیق دیگری که روی نژاد بز سیاه بودین در کشور اردن انجام شد، پیشرفت ژنتیکی سیستم هسته بسته بیشتر گزارش شد و این سیستم به عنوان سیستم مناسب اصلاحی در این نژاد معرفی گردید (Al-Atiyat and Aljumaah, 2013). مشاهدات بیانگر نتایج مختلف و متفاوتی از میزان پیشرفت ژنتیکی در نژادهای مختلف می‌باشد که بیانگر نقش عوامل مختلفی مانند ضرایب اقتصادی صفات، مؤلفه‌های (کو) واریانس صفات، اندازه

جمعیت، روش انتخاب، شدت انتخاب، نوع برنامه اصلاح نژادی بر میزان پیشرفت ژنتیکی می‌باشد (Sørensen and Gianola, 2002).



نمودار ۱: روند تغییرات همخونی هسته بسته (اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰) در طول ۲۰ نسل تلاقی و انتخاب

Diagram1. Trend of Inbreeding changes in closed-Nucleus (effective population size 100) over 20 generations selection and crossing



نمودار ۲: روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی هسته باز (اندازه مؤثر جمعیت ۵۰۰) در طول ۲۰ نسل تلاقی و انتخاب

Diagram 2. Trend of in Genetic Progress Open-Nucleus (effective population size 500) over 20 generations selection and crossing

جدول ۴:میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم‌های مختلف اصلاح نژادی

Table 4. rate of genetic progress in different breeding systems

اندازه موثر جمعیت =۵۰۰ Ne=500			اندازه موثر جمعیت = ۱۰۰ Ne=100			
نر مرجع Reference Sire	هسته بسته Close Nucleus	هسته باز Open Nucleus	نر مرجع Reference Sire	هسته بسته Close Nucleus	هسته باز Open Nucleus	سیستم اصلاح‌نژادی Breeding system نسل Generation
0.930	0.922	1.04	0.864	0.921	1.04	1
0.949	0.862	1.00	0.810	0.946	0.951	2
0.956	1.02	1.06	0.889	0.906	1.12	3
0.922	0.966	0.980	0.915	0.852	0.994	4
0.990	0.995	1.08	0.958	0.908	0.990	5
0.938	0.954	0.945	0.822	0.876	0.960	6
0.988	0.949	1.02	0.847	0.978	0.990	7
0.945	0.785	0.922	0.785	0.928	0.990	8
0.982	0.944	1.09	0.877	0.964	1.06	9
0.903	0.853	0.925	0.855	0.882	1.00	10
0.963	1.00	1.04	0.996	0.875	0.999	11
0.884	0.792	0.993	0.966	0.707	0.937	12
0.903	1.06	1.07	1.02	0.889	1.18	13
0.877	0.886	0.928	0.981	0.863	1.05	14
0.920	0.995	1.09	0.914	0.972	0.992	15
0.872	0.864	0.942	0.922	0.941	0.964	16
0.966	0.997	1.12	0.984	0.970	1.08	17
0.868	0.866	1.01	0.768	0.665	0.960	18
0.932	1.01	1.10	0.928	0.972	0.947	19
0.855	0.734	0.952	0.759	0.766	0.981	20
[b] 0.927	**[b] 0.924**	**[a] 1.01**	**[b] 0.893**	**[b] 0.889**	**[a] 1.00**	**میانگین Average**
-0.0024	**0.0017**	**0.0029**	**-0.0007**	**0.0032**	**0.0019**	**روند تغییرات (سال) Changes Trend (Year)**
10.33	**10.26**	**11.19**	**9.77**	**9.91**	**11.11**	**روند تغییرات (تجمعی) Changes Trend (Cumolative)**
			Generation Interval			**Changes Trend فاصله نسلی**
[bc] 0.949	**[bc] 0.953**	**[a] 1.03**	**[c] 0.887**	**[c] 0.907**	**[ab]1.01**	**۵-۱(کوتاه مدت) Shorte term (1-5)**
[b] 0.950	**[b] 0.927**	**[a] 1.01**	**[c] 0.862**	**[b] 0.916**	**[a]1.00**	**۱۰-۱(میان مدت) Medium term (1-10)**

نتیجه گیری

با توجه به نتایج این تحقیق و با در نظر گرفتن مؤلفه‌های صحت ارزش اصلاحی، همخونی، فاصله نسلی و میزان پیشرفت ژنتیکی در سیستم‌های اصلاح‌نژادی هسته باز، هسته بسته و نر مرجع و همچنین نتایج بررسی تأثیر دو اندازه مؤثر جمعیت ۱۰۰ و ۵۰۰ روی این سه سیستم اصلاح‌نژادی به نظر می‌رسد استفاده از سیستم اصلاح‌نژادی هسته باز با اندازه مؤثر جمعیت ۵۰۰ بتواند به عنوان سیستم اصلاحی مناسب برای گوسفند نژاد لری بختیاری در نظر گرفته شود. همچنین با توجه به این که

ضریب اقتصادی صفت وزن شش ماهگی در گوسفند نژاد لری بختیاری بالا می‌باشد و تأثیر مستقیمی بر سودآوری تولید کننده دارد این صفت می‌تواند به عنوان یک هدف اصلاحی مهم در گوسفند لری بختیاری در نظر گرفته شود.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله از آقای دکتر مرتضی مهدوی عضو مؤسسه تحقیقات واکسن و سرم سازی رازی اراک به خاطر کمک‌های ارزنده شان کمال تشکر و قدرانی را داریم.

منابع

Abbasi, M. A., Nejati Javaremi, A., Vaeze Torshizi, R. and Asfori A. (2007). Studying of breeding strategies for baluchi sheep. Pajouhesh and Sazandegi. 76: 138-143. (In Persian).

Abbasi, M. A. and Savar sofla, S. (2015). Estimation of Appropriate selection index for Afshari sheep under rural rearing conditions. *Livestock Production Magazine*. 1(17):1-8. (In Persian).

Abdel-Salam S.A., Sayed, A. I., Elsayed, M. and Abou-Bakr, S. (2010). Genetic gain in open nucleus breeding scheme to improve milk production in Egyptian buffalo. *Livestock Scienc.* 131(2-3):162-167.

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.

Askari Hemmat, H., Shadparvar, A. A., Miraei Ashtiani, S. R and Vaez Torshizi, R. (2016). Simulation of Optimal Open Nucleus Breeding Schemes to Improve Growth Traits and Carcass Composition of Lori-Bakhtiari Lambs. *Research on Animal Production*. *7*(13), 152-143. (In Persian).

Bourdon, R. M. (2000). Understanding animal breeding. Prentice Hall Upper Saddle River,NJ.

Dechow, C. (2022). Generation intervals in the age of genomics. *https://hoards.com/print-article-31937-permanent.html https:*

Ebrahemian, N., Shadparvar, A. A., Ghavi- Hoseinzade, N. and Askari- Hemamat, H. (2012). Effect of ram transfer rate from nucleus to base population on genetic gain in nucleus breeding system. *Proceedings of the Fifth Iranian Animal Science Congress*, Shahrivar, Isfahan. 517-521. (In Persian).

Eteqadi, B., Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Shadpavar, A.A. (2015). "Inbreeding effect on reproductive traits in Iranian Guilan sheep", *Tropical Animal Health Production.* 47: 533-539.

Giirsoy, O., Kirk, K. and Pollott, G.E. (1998). Progeny testing for milk yield in Turkish Awassi sheep. In *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, University of New England. 2:11-16*

Gizaw, S., Lemma, S., Komen, H. and Van Arendonk, J.A.M. (2008). "Selection on linear size traits to improve live weight in Menz sheep under nucleus and village breeding programs", *Livestock Science,* 118, 92-98.

Haileselassie, K. W., Kebede, S. A., Letta, M. U. and GebreMichael, S. G. (2022). Optimization of alternative breeding schemes for the genetic improvement of common Tigray highland sheep in northern Ethiopia. *Genetics Selection Evolution.* 54:63.

James, W. (1978). Effective size in open nucleus breeding schemes. Acta Agriculture Scandinavica. 28, 387-392.

Kang , Z., Kong , J., Sui , J., Dai, P., Luo, L., Meng, X., Liu, J., Chen, B., Cao, J., Tan, J., Fu , Q., Li, Q. and. Luan, S. (2024). Optimal open nucleus breeding system for long-term genetic gain in the Pacific white shrimp using genomic selection. *Science Direct. Aquaculture,* 586 :740760.

Kousalya Devi, M., Narayan, R., Durga, S. and Venkataramanan, R. (2019). Community-based breeding programs*:* a sustainable way to improve small ruminant production in developing countries. *Indian Farming.* 69(12): 9–12**.**

Lund, M. S., de Roos, A. P. W., de Vries, A. G., Druet, Ducrocq, V., Fritz, S., Guillaume, F., Guldbrandtsen, B., Liu, Z., Reents, R., Schrooten, C., Seefried, F..and Su, G. (2011). A common

reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genetic Selection Evolution.* 43(1): 43.

Mucha, S. and Windig. J.J. (2009). Effects of incomplete pedigree on genetic management of Dutch Landrace goat. *Journal of Animal Breeding and Genetics,* 126(3): 250-256.

Mueller, J.P. (2010). Open nucleus breeding- maximizing community involvement. In: FAO. Breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines, Rome,* 3: 80 p.

Pinelli, F. (2002). "Design and Implementation of a genetic improvement program for comisana dairy sheep in Sicily", Retrieved from, http://www.uwex.edu/ ces/animal science/ sheep/ symposium_00.pdf.

Rashedi Dehsahraei, A., Fayazi, J., Beige Nasiri, M. T. and Vatankhah, M. (2016). Genetic and Phenotypic Analyses of Body Weight Traits for Lori-Bakhtiari Lambs at Different Ages. *Research on Animal Production*. *7*(14), 164-157. (In Persian).

Roessler, R., Ilatsia, E.D. and Valle Zarate, A. (2010). Optimized Breeding Strategies for the Local Sahiwal Cattle in Kenya: Use Values and Important Breeding Traits. *Fifth All African Conference on Animal Agriculture, Addis Ababa,* 25-28.

Rzewuska, K., Klewiec, J. and Martyniuk, E. (2005). Effect of inbred on reproduction and body weight of sheep in a closed Booroola flock. *Animal Science Papers and Reports,* 4: 237–247.

Sadeghi, A., Rokouei, M., Vafa Valleh, M., Abbasi, M. A. and Faraji- Arough, H. (2018). Determination of appropriate breeding program for Adani Goat using stochastic simulation *Research Journal of Livestock Science*, 32(123), 81-94. (In Persian).

Safari, A., Shadparvar, A. A., Ghavi Hossein-Zadeh, N., Jafaroghli, M. and Ahmadpanah, J. (2021). Comparison of Breeding Scenarios in Open Nucleus Breeding System for Genetic Improvement of Iranian Native Buffaloes (Bubalus bubalis). Iranian Journal of Applied Animal Science. 11(4):725-732.

Sargolzaei, M. and Schenkel, F.S. (2009). QMSim: A large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25(5): 680–681.

Shrivastava, K., Sinha, R., Pathak, P. and Nayak, V.k. (2018). Open Nucleus Breeding System to Improve Livestock Population: *A Review. International Journal of Pure Applied Biosciences.* 6 (5): 892-899

Simm, G. and Wray. N.R. (1991). Sheep sire referencing schemes – new opportunities for pedigree breeders and lamb producers. *Technical note T264 by The Scotish Agricultural College,* 37-44 pp

Sørensen, D. and Gianola, D. (2002). Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics. *New York, Springer*.

Sorensen, M.K., Berg, P., Jensen, J. and Christensen, L.G. (1999). "Stochastic simulation of breeding schemes for total merit in dairy cattle", *Interbull Bulletin,* p. 183.

Van der Werf, J. (2010). Livestock straight-breeding structures for the sustainable intensification of extensive grazing systems. *DLO-Institute of Animal Science and Health.* Lelystad, the Netherlands.

Vatankhah, M., Moradi Shahrbababk, M., Nejati javarami, A., Miraei Ashtiani, R. and Vaez Torshizi, R. (2009). Determination of breeding objective and economic values for Lori-Bakhtiari breed of sheep in the village system. *Animal Science Research*, 82, 17-25. (In Persian).

Yavarifard, R., Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Shadparvar, A. A. (2016). "Inbreeding effects on reproductive traits of Mehraban sheep", *Agriculturae Conspectus Scientificus,* 81(1), 43-48.