



دانشگاه گیلان

تحقیقات تولیدات دامی

سال دهم/شماره اول/بهار ۱۴۰۰ (۱۱-۱)



مقاله پژوهشی

بررسی انتخاب چندصفتی در ژنوتیپ‌های جدید کرم ابریشم ایران - والدین چینی شکل

سید ضیاءالدین میرحسینی^{۱*}، معین الدین مواج پور^۲، شهلا نعمت اللهیان^۳، سید حسین حسینی مقدم^۴، فرجاد رفیعی^۵، نوید قوی حسین زاده^۶، یوسف خیرخواه^۷

- ۱- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان
- ۲- استاد، گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان
- ۳- کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات ابریشم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
- ۴- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان
- ۵- دانشیار، گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان
- ۶- استادیار، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان
- ۷- کارشناس، مرکز تحقیقات ابریشم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

(تاریخ دریافت: ۹۸/۱۰/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۹۸/۱۲/۲۹)

چکیده

یکی از وظایف مراکز اصلاح نژاد، معرفی لاین‌های جدید برای تولید هیبریدهای مطلوب کرم ابریشم است. در این راستا، پنج لاین با پيله چینی شکل Y، ۱۲۴، ۱۵۴، ۱۰۴ و ۳۲ انتخاب و بر مبنای آمیزش‌های دی‌آلل، ۲۰ ترکیب ژنتیکی حاصل طی سه نسل به صورت توده‌ای پرورش داده شدند. پس از تشکیل نسل پایه با ۱۴ ترکیب ژنتیکی، انتخاب چندصفتی به روش سطوح حذف مستقل طی پنج نسل انجام شد. به منظور مقایسه عملکرد لاین‌های والدینی و ترکیبات حاصل از آنها، داده‌های چهار صفت وزن پيله، درصد قشر پيله، درصد پيله‌های خوب و تعداد پيله در لیتر (اندازه پيله) در هر سال جمع‌آوری و سپس میانگین پنج سال تجزیه آماری شدند. میانگین وزن پيله و درصد قشر پيله تمام ترکیبات ژنتیکی نسبت به لاین‌های والدینی بیشتر بود ($P < 0.05$). متوسط پاسخ به انتخاب برای درصد قشر پيله نسبت به والد مادری در سه ترکیب ژنتیکی بیش از ۱ درصد بود. بهترین ترکیبات از نظر درصد پيله‌های خوب، تفاوت معنی‌داری با بهترین لاین‌ها (۱۰۴ و Y) نداشتند. در حالی‌که اندازه پيله در ترکیب IRA14 بسیار بزرگ بود (۹۴ پيله در یک لیتر)، سایر ترکیبات ژنتیکی پيله بزرگ، تفاوت معنی‌داری با لاین‌های پيله بزرگ (۱۵۴ و ۱۲۴) نشان ندادند. بهبود ژنتیکی وزن پيله برای ۱۲ مورد از ۱۴ ترکیب ژنتیکی مثبت بود، لیکن میزان افزایش فقط در یک ترکیب بیش از یک دهم گرم بود. انتخاب نهایی بهترین لاین‌ها پس از اجرای برنامه آمیخته‌گری آنها با لاین‌های ژاپنی شکل مشخص خواهد شد.

واژه‌های کلیدی: انتخاب چندصفتی، پيله چینی شکل، ترکیب ژنتیکی، کرم ابریشم

* نویسنده مسئول: mirhosin@guilan.ac.ir

مقدمه

پس از سال ۱۹۰۵ که توپاما در ژاپن اثر مثبت هتروزیس را برای هیبریدهای کرم ابریشم بیان کرد، کشورهای مهم تولیدکننده تخم نوغان اقدام به اصلاح پایه‌های پدری و مادری نموده، هیبریدهای حاصل از آن‌ها به وسیله پرورش-دهندگان کرم ابریشم پرورش داده می‌شود. بانک ژن کشورهای پیشرو نظیر ژاپن، چین، کره، هند، برزیل و بلغارستان، دارای لاین‌های ژنتیکی متنوعی است که با استفاده از این ذخایر، برای اهداف مختلف اصلاح نژادی نظیر کرم ابریشم پرتولید، کرم ابریشم مقاوم، کرم ابریشم مناسب برای پرورش پاییزه، کرم ابریشم سازگار با غذای مصنوعی، کرم ابریشم با الیف ابریشمی بسیار ظریف و غیره اقدام به تولید سویه‌ها و لاین‌های جدید می‌کنند. در مجموع بیش از ۴۰۰۰ وارسته کرم ابریشم در جهان وجود دارد که چین با ۱۲۰۰، ژاپن با ۸۵۰، روسیه با ۵۰۰ و کره جنوبی با ۳۰۶ سویه بیشترین ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم را در اختیار دارند (حسینی مقدم، ۱۳۹۲). مرکز تحقیقات ابریشم ایران که متولی حفظ و پرورش ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم کشور است دارای ۱۰۵ سویه ژنتیکی شامل سویه‌های چینی و ژاپنی شکل، لاین‌های اصلاح شده، نژادهای بومی و تعدادی لاین سازگار با غذای مصنوعی است (میرحسینی و صیداوی، ۱۳۹۰).

بیشتر طرح‌های اصلاح نژادی کرم ابریشم مبتنی بر لاین‌های چینی شکل و ژاپنی شکل به عنوان پایه‌های پدری و مادری هستند (حسینی مقدم، ۱۳۹۲). تفاوت اصلی پایه‌های والدینی هیبریدهای کرم ابریشم یعنی وارسته‌های چینی شکل و ژاپنی شکل در شکل پيله و علائمی روی بدن لارو است. کرم ابریشم چینی شکل، فاقد علائم لاروی روی بدن بوده و دارای پيله‌های بیضوی است؛ لیکن ژاپنی شکل‌ها سه علامت متفاوت روی بدن لارو داشته و پيله‌هایی با یک فرورفتگی در بخش وسط (دمبلی شکل) دارند. در یک برنامه اصلاح نژاد، تعیین صفات هدف انتخاب بخشی از طراحی اولیه است. در این راستا، وراثت‌پذیری صفات حایز اهمیت است. وزن پيله، وزن قشر پيله و درصد قشر پيله به عنوان صفات تولیدی دارای وراثت‌پذیری متفاوتی هستند. هر سه این صفات، وراثت‌پذیری متوسط به بالا دارند (Shadparvar

۲۰۰۵، *et al.*؛ حسینی مقدم و همکاران، ۱۳۷۹). لذا با استفاده از انتخاب انفرادی امکان بهبود صفات تولیدی وجود دارد. لازمه تولید تخم نوغان‌های هیبرید تجاری با عملکرد مناسب، در اختیار داشتن لاین‌های والدینی مناسب است. این لاین‌ها پس از چندین نسل از شرایط اولیه خارج شده و لازم است جایگزین شوند. در کشورهایی که از منابع ژنتیکی گسترده‌ای برخوردار هستند، با استفاده از طرح‌های مختلف اصلاح نژادی از سویه‌های بانک ژن، ترکیبات جدیدی ایجاد کرده و سپس طی چند نسل انتخاب، لاین‌های جدیدی به بانک ژن معرفی می‌نمایند که پس از موفقیت در آزمون‌های مختلف آزمایشگاهی و مزرعه‌ای، جایگزین لاین‌های تجاری قبلی می‌شوند. در ایران تاکنون چندین طرح اصلاح نژادی انجام شده است. در پژوهشی با همکاری سازمان خوار و بار جهانی ملل متحد (فائو)، پس از آمیزش‌های دی‌آلل با چهار لاین چینی ۳۲، ۱۰۲، ۱۰۴ و ۲۰۲ و ایجاد ترکیبات جدید، در نه نسل انتخاب متوالی، شش لاین چینی حائز ویژگی-های ممتاز به بانک ژن معرفی شدند. این لاین‌ها به دلیل ضعف‌هایی که داشتند در خط تولید تجاری قرار نگرفتند (غلامی و همکاران، ۱۳۷۶). در پژوهشی دیگر، پس از ایجاد تفرق در یک هیبرید چینی، طی هشت نسل، سه لاین خالص چینی شکل کرم ابریشم (Koming1، Koming2 و Y) جداسازی شدند که از توان تولید و سازگاری خوبی برخوردار بودند (غلامی و همکاران، ۱۳۷۸). در حال حاضر وارسته تجاری Koming1 (۱۵۴) در تولید تجاری هیبرید ۱۵۴×۱۵۳ و بالعکس آن مورد استفاده قرار می‌گیرد. به طور کلی، در حال حاضر تعداد سه لاین با منشا چینی (۱۵۴، ۱۰۴ و ۳۲) و تعداد چهار لاین با منشا ژاپنی (۱۰۳، ۳۱، ۱۵۳ و ۱۵۱) در خط تولید تجاری قرار دارند که سال‌ها به عنوان لاین‌های والدینی استفاده شده و لازم است جایگزین شوند.

چون از معرفی هیبریدهای آخرین پروژه اصلاح نژادی کرم ابریشم ایران (غلامی و مرآت، ۱۳۸۰) بیش از ده سال گذشته بود و نوغانداران در برخی نقاط کشور از عملکرد هیبریدهای موجود اظهار نارضایتی می‌کردند، لذا در ابتدای دهه ۹۰ هجری شمسی تصمیم گرفته شد پروژه جدیدی با

انتخاب چندصفتی شامل صفات تولیدمثلی، صفات ظاهری مربوط به یکنواختی در پرورش، صفات ماندگاری شامل درصد تلفات لاروی و شفیرگی و صفات عملکردی شامل تولید پيله به ازای ۱۰۰۰۰ لارو، وزن پيله، وزن قشر پيله، درصد قشر پيله، تعداد پيله در لیتر و درصد پيله‌های خوب بود. در هر مرحله از پرورش، کرم‌های ابریشمی فاقد ویژگی‌ها و استانداردهای لازم حذف شدند و رکوردگیری برای صفات پيله، در انتهای هر یک از دوره‌های پرورش به تفکیک جنس انجام شد.

تصمیم‌گیری برای انتخاب نهایی توده‌های تخم برای پرورش در نسل بعد بر اساس نتایج مشاهده میکروسکوپی وجود میکروسپوریدیا در پروانه‌های مولد، کیفیت و رنگ تخم حاصل انجام شد. بر اساس دارا بودن بالاترین درصد تفریح، از هر ترکیب ژنتیکی، ۲۱ محصول پروانه (خانواده) و از هر لاین، ۱۰ محصول پروانه (خانواده) انتخاب و پرورش داده شدند. در این برنامه اصلاح نژادی با توجه به ضرورت حذف خانواده‌های ضعیف، از انتخاب خانوادگی و انتخاب انفرادی به طور همزمان استفاده شد. پس از برداشت پيله، صفات خانوادگی شامل وزن کل پيله تولیدی، وزن کل پيله‌های خوب، درصد پيله‌های خوب، درصد ماندگاری شفیره، تعداد پيله در لیتر و میانگین وزن یک پيله بودند. از هر ترکیب شش خانواده برتر انتخاب و از صفات انفرادی وزن پيله، وزن قشر پيله و درصد قشر پيله (۳۰ پيله نر و ۳۰ پيله ماده از هر خانواده) رکوردگیری شدند. در انتها، پروانه‌هایی که بالاترین رکورد را از نظر وزن پيله و درصد قشر پيله در بین تمام خانواده‌ها داشتند انتخاب و سپس جفت‌گیری بین خانوادگی انجام شد.

تجدید نسل لاین‌های اصلی به عنوان لاین‌های شاهد، در تمام سال‌ها و با آمیزش تصادفی انجام شد. تمامی پرورش‌ها در یک محیط استاندارد پرورشی با رعایت موازین بهداشتی و استفاده از ارقام اصلاح شده توت موجود در مرکز تحقیقات ابریشم کشور انجام شد. در پایان پژوهش، چهارده واریته جدید چینی حاصل از این طرح نام‌گذاری شدند (جدول ۱). طی سال‌های ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۸، به منظور مقایسه عملکرد ترکیبات جدید حاصل، تغییرات در دو صفت وزن پيله و

استفاده از والدین برتر موجود در بانک ژن ایران طراحی شود. در این پروژه، دو برنامه اصلاح نژادی جداگانه برای والدین چینی شکل و ژاپنی شکل اجراء شد. در مطالعه حاضر برنامه اصلاح نژادی والدین چینی شکل که از سال ۱۳۹۱ شروع و در سال ۱۳۹۸ پایان یافت ارائه و نتایج حاصل از آن گزارش می‌شود.

مواد و روش‌ها

به منظور ایجاد ترکیبات پایه اصلاح نژادی، پنج لاین چینی شکل انتخاب شدند. لاین‌های ۳۲، ۱۰۴ و ۱۵۴ لاین‌های چینی شکلی بودند که در خط تولید تجاری قرار داشتند. علاوه بر این، بر اساس اطلاعات لاین‌های موجود در بانک ژن کشور، دو لاین ۱۲۴ و ۷ نیز به عنوان والدین برتر انتخاب شدند تا همراه با سه لاین مذکور، لاین‌های پایه برنامه اصلاح نژادی فعلی را تشکیل دهند. پنج لاین ۷، ۱۵۴، ۱۲۴، ۱۰۴ و ۳۲ از والدین چینی شکل کرم ابریشم در بانک ژن مرکز تحقیقات ابریشم کشور در بهار ۱۳۹۱ به طور مجزا پرورش یافته و پروانه‌های حاصل در قالب آمیزش-های دی‌آلل کامل جفت‌گیری و ۲۰ ترکیب حاصل در پاییز سال ۱۳۹۱ و بهار سال ۱۳۹۲ به صورت توده‌های^۱ پرورش داده شدند. به منظور افزایش تنوع ژنتیکی و کاهش حجم پرورش، برخی ترکیبات تلاقی‌های دو طرفه^۲ با یکدیگر مخلوط تا بیشترین تنوع ژنتیکی در نسل پایه (که در بهار ۱۳۹۳ پرورش داده شد) ایجاد شود. بدین ترتیب تعداد ترکیبات به ۱۴ کاهش پیدا کرد. طی شش نسل انتخاب (۱۳۹۳ تا ۱۳۹۸) به روش سطوح حذف مستقل^۳، خانواده‌های ضعیف از نظر صفات تولیدمثلی، لاروی و پيله حذف، و شش خانواده برتر از هر یک از ترکیبات ژنتیکی انتخاب شدند. چون لازم است انتخاب در کرم ابریشم برای برخی ویژگی‌های لاروی طی سنین مختلف لاروی انجام شود و برخی ویژگی‌ها نیز بصری است، لذا برای انتخاب چند صفتی^۴ مناسب‌ترین آن‌ها، روش سطوح حذف مستقل است (Hosseini Moghaddam et al., 2005).

1. Mass Rearing
2. Reciprocal
3. Independent culling levels
4. Multiple trait selection

تمام این جداول، میانگین عملکرد هر صفت طی پنج سال نیز در ستون آخر محاسبه و آزمون مقایسه چندگانه انجام شده است. همان‌طور که در نتایج مشاهده می‌شود بالاترین و کمترین مقادیر صفات در بین ترکیبات ژنتیکی مختلف یکسان نیست. عملکرد هر کدام از صفات بررسی شده متضمن وجوه خاصی از ویژگی‌های اقتصادی کرم ابریشم است و ممکن است همبستگی مثبت و قوی بین این صفات وجود نداشته باشد. دو صفت وزن قشر پيله و درصد قشر پيله بر مبنای برآورد ضرایب اقتصادی، مهمترین صفات اقتصادی در بین صفات تولیدی کرم ابریشم هستند (Shadparvar et al., 2005). بین این سه صفت نیز همبستگی ژنتیکی مثبت و منفی وجود دارد. همبستگی ژنتیکی وزن پيله و وزن قشر پيله بعلاوه وزن قشر پيله و درصد قشر پيله متوسط به بالا است، لیکن درصد قشر پيله و وزن پيله، دو صفتی بودند که انتخاب انفرادی بر مبنای آن انجام شد و در برخی لاین‌ها، مثبت و در برخی دیگر منفی هستند (حسینی مقدم و همکاران، ۱۳۷۹؛ Mirhosseini et al., 2010; Seidavi et al., 2010) در این میان، مقادیر تعداد پيله در لیتر که بیانگر اندازه پيله است بر عکس سایر صفات بوده و مقادیر کمتر آن مطلوب است. بنابراین صفات مختلف در برنامه اصلاح نژادی با هدف دستیابی به مزیت-های ژنتیکی متفاوت صفات اقتصادی در برنامه اصلاح نژادی گنجانده شده‌اند.

درصد قشر پيله (جدول ۳) که یکی از دو صفت در انتخاب انفرادی بود در ترکیب‌های IRA14 و IRA26 بیشتر و برای ترکیب‌های IRA6 و IRA4 از همه کمتر بودند که از نظر آماری نیز اختلاف معنی‌داری با یکدیگر داشتند ($P < 0.05$). ترکیب‌های IRA12 و IRA18 و IRA22 نیز دارای درصد قشر بالایی بودند. برای صفت وزن پيله (جدول ۴)، ژنوتیپ IRA20 بیشترین میانگین را دارا بود و تفاوت آن نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها معنی‌دار بود. IRA26 که بیشترین درصد قشر پيله را داشت از نظر وزن پيله، کمترین مقدار را در بین ترکیب‌های ژنتیکی نشان داد و این موضوع با توجه به رابطه معکوس وزن پيله با درصد قشر پيله قابل توجیه است.

درصد قشر پيله به عنوان صفات اهداف اصلاح نژادی^۱ و دو صفت درصد پيله‌های خوب و تعداد در لیتر از صفات مهم اقتصادی کرم ابریشم بررسی شدند. تجزیه دو عاملی (شامل ۱۴ ژنوتیپ و پنج سال) در قالب طرح کاملاً تصادفی با شش تکرار انجام و نتایج با استفاده از نرم افزار آماری SAS تجزیه شدند. جهت ارزیابی ژنوتیپ‌های برتر و بررسی تفاوت بین آنها و لاین‌های خالص والدینی و همچنین تفاوت بین نسل-های مختلف، میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ‌ها برای هر صفت به طور جداگانه و در هر سال پس از تصحیح با روش توکی-کرامر مقایسه شدند. آثار ثابت برای همه صفات مورد بررسی، ژنوتیپ و سال پرورش بودند که معنی‌دار بودن اثر عوامل ثابت و اثر متقابل بین آنها بررسی شد. مدل آماری طرح به صورت زیر بود:

$$Y_{ijk} = \mu + V_i + S_j + (V \times S)_{ij} + e_{ijk}$$

که در این مدل، Y_{ijk} مقدار هر مشاهده، μ میانگین هر متغیر، V_i اثر ژنوتیپ، S_j اثر سال و e_{ijk} اثر تصادفی باقیمانده است.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات اقتصادی تعداد در لیتر، درصد پيله خوب، وزن پيله (گرم) و درصد قشر پيله طی نسل‌های انتخابی در جدول ۲ ارائه شده است. ضمن وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، نتایج نشان داد اثر سال و اثر متقابل سال و ژنوتیپ نیز بسیار معنی‌دار بودند. اثر متقابل ژنتیک و محیط یک عنصر اصلی و مهم برای اصلاح‌گر در زمان اجرای پروژه به شمار می‌رود (Kumar et al., 2013). تأثیر معنی‌دار عوامل محیطی به ویژه برگ توت و کیفیت آن در سال‌های مختلف بر عملکرد صفات مذکور، این موضوع را به خوبی نشان می‌دهد. به همین دلیل در این تحقیق، هر ساله تمام لاین‌های والدینی به عنوان شاهد و بدون هیچ‌گونه انتخاب و فقط بر اساس جفت‌گیری تصادفی والدین، پرورش داده شدند تا بتوان تفاوت گروه انتخابی از شاهد را محاسبه نمود.

مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات مورد بررسی طی سال‌های اجرای تحقیق در جداول ۳ تا ۶ ارائه شده است. در

جدول ۱- نام‌گذاری ترکیبات ژنتیکی جدید حاصل از پنج لاین کرم ابریشم چینی شکل

Table 1. Naming of new genetic combinations produced by five Chinese-shape silkworm lines

Chinese-shape lines	1	2	3	4	5		
	32	104	124	154	Y		
New name for genetic combinations	1	2	3	4	5	6	7
	32*124	32*154	32*Y	104*32	104*124	104*154	32*104
	IRA8	IRA14	IRA12	IRA16	IRA18	IRA2	IRA6
	8	9	10	11	12	13	14
	Y*154	Y*124	Y*104	154*104	124*154	124*104	104*Y
	IRA28	IRA26	IRA24	IRA4	IRA22	IRA10	IRA20

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مهم (میانگین مربعات) برای ژنوتیپ‌های چینی شکل کرم ابریشم در تمام سال‌های مورد بررسی
Table 2. Analysis of variance of important traits (Mean Squares) for the Chinese shape silkworm genotypes for all studied years

S.O.V	Traits			
	Cocoon number/liter	Best cocoon percentage (%)	Cocoon weight (g)	Cocoon shell percentage (%)
Model	12.441***	1180.739***	364.072***	210573.0***
Genotype	13.249***	3.200***	1.153**	5796.754***
Year	4.105***	22.583***	17.493***	68005.92***
Genotype×Year	76.008***	2.148***	2.409***	5766.497***
R ²	0.994	0.995	0.985	0.999

** ($P < 0.01$); *** ($P < 0.001$)

های ریزی بودند که البته بین این سه ژنوتیپ تفاوت معنی‌داری وجود نداشت. به طور کلی اندازه پيله و یکنواختی آن یکی از صفات مهم در برنامه اصلاح نژاد کرم ابریشم است و معمولاً در شاخص‌های انتخاب چندصفتی و همچنین شاخص‌های ارزیابی لاین‌ها و هیبریدهای کرم ابریشم استفاده می‌شود (Gangopadhyay et al., 2006).

مقایسه کلی داده‌ها نشان داد که هیچ‌کدام از ترکیبات ژنتیکی ایجاد شده برای تمامی صفات دارای برتری قاطع نبوده، لیکن بعضی از آنها نظیر IRA14 از نظر صفات مورد بررسی دارای مزیت نسبی بودند. IRA14 هم برای درصد قشر پيله و هم از نظر درصد پيله‌های خوب جزء بهترین‌ها بوده و اندازه پيله آن نیز بزرگ‌تر از بقیه بود. بر اساس مقایسه میانگین‌ها (ستون آخر جداول ۳ و ۴)، وزن پيله و درصد قشر پيله تمام ترکیبات ژنتیکی نسبت به لاین‌های والدینی بیشتر بود ($P < 0.05$).

درصد پيله‌های خوب (جدول ۵) در ترکیب‌های IRA8، IRA14 و IRA28 دارای کمترین و در ترکیب‌های IRA6 و IRA18 دارای بیشترین مقدار بود. به نظر می‌رسد لاین ۱۰۴ در بهبود عملکرد این صفت تاثیر مثبت داشت. درصد پيله‌های خوب در بهترین ترکیبات ژنتیکی حاصل از لاین‌های ۱۰۴ و Y تفاوت معنی‌داری نداشتند. به عبارت دیگر، ترکیبات ژنتیکی ممکن است برای برخی از صفات کمتر از لاین‌های والدینی باشند و این به معنی عدم شایستگی آنها نیست، زیرا برتری یک والد پس از آمیخته‌گری با والد ژاپنی شکل مشخص خواهد شد. جدول ۶ میانگین صفت تعداد پيله در لیتر را در لاین‌ها و ترکیب‌های مختلف نشان می‌دهد. در حالی که اندازه پيله IRA14 از همه ترکیبات ژنتیکی و لاین‌ها بیشتر بود، سایر ترکیباتی که پيله بزرگتری داشتند تفاوت معنی‌داری با لاین‌های با پيله بزرگ (۱۵۴ و ۱۲۴) نشان ندادند. IRA14 که بر اساس میانگین پنج سال (G1 تا G5) بیشترین اندازه را داشت در تمامی سال‌ها نیز (به جز یک سال) این برتری را نسبت به بقیه دارا بود. IRA6 (ریزترین پيله و ژنوتیپ‌های IRA10 و IRA6 نیز دارای پيله-

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات درصد قشر پیله در بین لاین‌های کرم ابریشم و ترکیب‌های حاصل از آنها از نسل صفر تا نسل

پنجم

Table 3. Least-squares means for cocoon shell percentage among silkworm lines and their crossings from G0 to G5

Genotype	Least-squares means of cocoon shell percentage						Least-squares means±SE**
	G0	G1*	G2	G3	G4	G5	
32	19.81±0.087	-	18.42±0.069 ^{fg}	18.42±0.075 ^h	19.85±0.069 ^d	20.16±0.074 ^{cdefg}	19.21±0.031 ^{ef}
104	20.24±0.087	-	18.55±0.069 ^{fg}	18.72±0.087 ^g	18.90±0.069 ^f	18.96±0.074 ^h	18.77±0.031 ^h
124	21.38±0.087	-	19.47±0.069 ^c	19.47±0.087 ^f	20.00±0.069 ^{cd}	20.00±0.074 ^{fg}	19.68±0.031 ^{de}
154	18.87±0.087	-	19.01±0.069 ^d	20.10±0.087 ^{bc}	19.32±0.069 ^e	20.70±0.074 ^{ab}	19.78±0.031 ^{cde}
Y	20.80±0.087	-	19.45±0.069 ^c	19.96±0.087 ^{cd}	19.04±0.069 ^{ef}	20.57±0.074 ^{cde}	19.75±0.031 ^{cde}
IRA2	19.71±0.087	18.10±0.087 ^e	18.40±0.069 ^{fg}	20.10±0.087 ^{cb}	19.66±0.069 ^{de}	20.00±0.074 ^{fg}	19.54±0.031 ^{cd}
IRA4	20.21±0.087	18.87±0.087 ^d	18.10±0.069 ^g	18.89±0.087 ^g	19.85±0.069 ^d	18.76±0.074 ^h	18.90±0.031 ^{gh}
IRA6	19.81±0.087	18.71±0.067 ^d	17.85±0.069 ^h	18.94±0.087 ^g	19.60±0.069 ^{de}	20.01±0.074 ^{efg}	19.10±0.031 ^{fg}
IRA8	20.97±0.087	19.10±0.087 ^c	18.89±0.069 ^{ef}	20.32±0.087 ^{ab}	20.37±0.069 ^{bc}	19.94±0.074 ^{fg}	19.88±0.031 ^{cd}
IRA10	20.32±0.087	20.32±0.087 ^a	19.25±0.069 ^{cd}	18.92±0.087 ^g	19.94±0.069 ^d	19.17±0.074 ^g	19.32±0.031 ^{ef}
IRA12	20.45±0.087	19.21±0.087 ^c	19.02±0.069 ^d	20.25±0.087 ^{ab}	20.39±0.069 ^{bc}	20.44±0.074 ^{cdef}	20.03±0.031 ^{abc}
IRA14	20.30±0.087	19.68±0.087 ^{bc}	19.57±0.069 ^c	20.24±0.087 ^{ab}	20.88±0.069 ^a	21.80±0.074 ^{ab}	20.62±0.031 ^a
IRA16	20.00±0.087	18.9±0.087 ^d	19.82±0.069 ^b	20.23±0.087 ^{ab}	19.61±0.069 ^{de}	20.10±0.074 ^{defg}	19.94±0.031 ^{bc}
IRA18	20.11±0.087	19.52±0.087 ^{bc}	18.95±0.069 ^{ed}	19.95±0.087 ^{cd}	20.61±0.069 ^b	20.47±0.074 ^{cdef}	20.00±0.031 ^{abc}
IRA20	20.00±0.087	20.00±0.087 ^{ab}	18.94±0.069 ^{de}	19.82±0.087 ^{de}	20.05±0.069 ^{cd}	20.05±0.074 ^{defg}	19.60±0.031 ^{cd}
IRA22	20.19±0.087	19.57±0.087 ^{bc}	19.64±0.069 ^{bc}	19.65±0.087 ^{ef}	20.22±0.069 ^c	20.61±0.074 ^{cd}	20.03±0.031 ^{abc}
IRA24	19.96±0.087	19.00±0.087 ^c	19.19±0.069 ^{cd}	19.70±0.087 ^e	20.40±0.069 ^{cb}	20.49±0.074 ^{cdef}	19.95±0.031 ^{bc}
IRA26	21.05±0.087	19.50±0.087 ^{bc}	19.90±0.069 ^a	20.36±0.087 ^a	20.54±0.069 ^b	21.32±0.074 ^a	20.53±0.031 ^{ab}
IRA28	20.73±0.087	19.93±0.087 ^b	19.03±0.069 ^d	19.71±0.087 ^e	19.54±0.069 ^{bc}	19.78±0.074 ^g	19.52±0.031 ^{cd}

^{a-g} Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ($P<0.05$).

* Missing data; ** Average of last four generations (G2, G3, G4, and G5)

جدول ۴- میانگین حداقل مربعات وزن پیله در بین لاین‌های کرم ابریشم و ترکیب‌های حاصل از آنها از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 4. Least-squares means for cocoon weight among silkworm lines and their crossings from G0 to G5

Genotype	Least-squares means of cocoon weight (g)						Least-squares means±SE**
	G0	G1*	G2	G3	G4	G5	
32	1.475±0.006	-	1.637±0.006 ^{cd}	1.500±0.006 ^{de}	1.508±0.005 ^e	1.496±0.006 ^{cd}	1.535±0.003 ^{cde}
104	1.534±0.006	-	1.631±0.006 ^{cd}	1.529±0.006 ^{de}	1.485±0.005 ^e	1.521±0.006 ^c	1.533±0.003 ^{cde}
124	1.527±0.006	-	1.606±0.006 ^{cde}	1.430±0.006 ^{fg}	1.477±0.005 ^e	1.453±0.006 ^{cd}	1.492±0.003 ^f
154	1.498±0.006	-	1.596±0.006 ^{ef}	1.461±0.006 ^{fg}	1.524±0.005 ^{ef}	1.586±0.006 ^{abc}	1.542±0.003 ^{bcd}
Y	1.582±0.006	-	1.643±0.006 ^{abcd}	1.582±0.006 ^{cd}	1.408±0.005 ^f	1.437±0.006 ^d	1.518±0.003 ^{def}
IRA2	1.647±0.006	1.689±0.006 ^a	1.636±0.006 ^{cd}	1.518±0.006 ^{de}	1.623±0.005 ^{abc}	1.553±0.006 ^{bc}	1.583±0.003 ^{bc}
IRA4	1.668±0.006	1.656±0.006 ^{bc}	1.558±0.006 ^{fg}	1.510±0.006 ^{de}	1.680±0.005 ^a	1.545±0.006 ^{bc}	1.573±0.003 ^{bc}
IRA6	1.577±0.006	1.575±0.007 ^{ef}	1.553±0.006 ^{fg}	1.475±0.006 ^{fg}	1.542±0.005 ^{ef}	1.544±0.006 ^{bc}	1.529±0.003 ^{cde}
IRA8	1.631±0.006	1.524±0.006 ^{fg}	1.640±0.006 ^{abcd}	1.485±0.006 ^{fg}	1.587±0.005 ^{def}	1.497±0.006 ^{cd}	1.552±0.003 ^{bcd}
IRA10	1.585±0.006	1.506±0.006 ^g	1.580±0.006 ^{ef}	1.600±0.006 ^{bc}	1.581±0.005 ^{def}	1.594±0.006 ^{abc}	1.514±0.003 ^{def}
IRA12	1.670±0.006	1.675±0.006 ^{ab}	1.644±0.006 ^{abcd}	1.524±0.006 ^{de}	1.627±0.005 ^{abc}	1.559±0.006 ^{bc}	1.589±0.003 ^{bc}
IRA14	1.572±0.006	1.604±0.006 ^{def}	1.687±0.006 ^a	1.622±0.006 ^{abc}	1.603±0.005 ^{bcd}	1.446±0.006 ^d	1.590±0.003 ^{bc}
IRA16	1.562±0.006	1.592±0.006 ^{def}	1.549±0.006 ^{fg}	1.501±0.006 ^{de}	1.608±0.005 ^{bcd}	1.570±0.006 ^{abc}	1.557±0.003 ^{bcd}
IRA18	1.599±0.006	1.611±0.006 ^{cd}	1.613±0.006 ^{cde}	1.421±0.006 ^g	1.561±0.005 ^{ef}	1.439±0.006 ^{cd}	1.509±0.003 ^{def}
IRA20	1.654±0.006	1.614±0.006 ^c	1.598±0.006 ^{def}	1.703±0.006 ^a	1.629±0.005 ^{abc}	1.603±0.006 ^a	1.633±0.003 ^a
IRA22	1.600±0.006	1.613±0.006 ^{cd}	1.675±0.006 ^{ab}	1.517±0.006 ^{de}	1.605±0.005 ^{bcd}	1.538±0.006 ^c	1.584±0.003 ^{bc}
IRA24	1.599±0.006	1.613±0.006 ^{cd}	1.625±0.006 ^{cd}	1.436±0.006 ^{fg}	1.576±0.005 ^{def}	1.435±0.006 ^d	1.518±0.003 ^{def}
IRA26	1.653±0.006	1.536±0.006 ^{fg}	1.522±0.006 ^g	1.484±0.006 ^{fg}	1.511±0.005 ^{ef}	1.498±0.006 ^{cd}	1.504±0.003 ^{ef}
IRA28	1.559±0.006	1.674±0.006 ^{ab}	1.562±0.006 ^{fg}	1.547±0.006 ^{cd}	1.623±0.005 ^{abc}	1.598±0.006 ^{abc}	1.583±0.003 ^{bc}

^{a-g} Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ($P<0.05$).

* Missing data; ** Average of last four generations (G2, G3, G4, and G5)

جدول ۵- میانگین حداقل مربعات صفت درصد پیله‌های خوب در تمامی لاین‌ها و ترکیب‌های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 5. Least-squares means for good cocoons percentage among silkworm lines and their crossings from G0 to G5

Genotype	Least-squares means of good cocoons percentage mean						Least-squares means±SE*
	G0	G1	G2	G3	G4	G5	
32	75.64 ±2.071	84.79 ±2.656 ^a	83.78 ±1.824 ^a	84.35 ±1.845 ^{abc}	86.48 ±2.242 ^a	83.50 ±1.485 ^{abc}	84.53 ±1.251 ^{bc}
104	82.73 ±2.071	83.04 ±2.312 ^{ab}	81.44 ±1.824 ^{ab}	81.86 ±1.429 ^{bcd}	78.18 ±2.242 ^{abc}	86.26 ±1.485 ^{abc}	81.94 ±0.947 ^{abc}
124	75.77 ±2.071	76.19 ±2.111 ^{abcd}	77.96 ±1.824 ^{ab}	83.57 ±1.305 ^{abc}	72.64 ±2.242 ^{cd}	85.39 ±1.485 ^{abc}	79.89 ±1.062 ^{def}
154	79.28 ±2.071	84.92 ±2.111 ^a	75.94 ±1.824 ^{ab}	88.73 ±1.305 ^{ab}	87.50 ±2.242 ^{abc}	90.91 ±1.485 ^{ab}	83.87 ±0.924 ^{bcd}
Y	78.48 ±2.071	85.85 ±2.656 ^a	79.74 ±1.824 ^{ab}	84.59 ±1.305 ^{abc}	78.99 ±2.242 ^{abc}	85.39 ±1.485 ^{abc}	85.77 ±0.924 ^{ab}
IRA2	77.65 ±2.071	79.05 ±2.585 ^{abc}	79.99 ±1.824 ^{ab}	86.34 ±1.305 ^{ab}	82.20 ±2.242 ^{abc}	88.86 ±1.485 ^{abc}	84.35 ±0.924 ^{bc}
IRA4	77.06 ±2.071	73.87 ±2.656 ^{abcd}	76.23 ±1.824 ^{ab}	88.32 ±1.305 ^{ab}	76.03 ±2.242 ^{abcd}	85.53 ±1.485 ^{abc}	81.52 ±1.251 ^{cde}
IRA6	78.67 ±2.071	76.82 ±2.585 ^{abcd}	85.23 ±1.824 ^a	90.45 ±1.305 ^a	81.61 ±2.242 ^{abc}	88.47 ±1.485 ^{abc}	86.44 ±1.223 ^a
IRA8	79.52 ±2.071	66.80 ±2.111 ^{cd}	77.27 ±1.824 ^{ab}	74.85 ±1.845 ^d	75.16 ±2.242 ^{abcd}	81.31 ±1.485 ^c	77.15 ±0.943 ^f
IRA10	77.65 ±2.071	64.36 ±2.111 ^d	76.49 ±1.824 ^{ab}	83.88 ±1.845 ^{abc}	81.61 ±2.242 ^{abc}	85.84 ±1.485 ^{abc}	81.96 ±0.943 ^{cde}
IRA12	75.97 ±2.071	75.92 ±1.492 ^{abcd}	78.39 ±1.824 ^{ab}	85.04 ±1.305 ^{abc}	76.20 ±2.242 ^{abcd}	84.99 ±1.485 ^{abc}	81.16 ±1.251 ^{cde}
IRA14	76.28 ±2.071	69.69 ±2.656 ^{cd}	79.71 ±1.824 ^{ab}	89.88 ±1.305 ^a	71.53 ±2.242 ^d	85.28 ±1.485 ^{abc}	78.14 ±0.924 ^{ef}
IRA16	78.98 ±2.071	76.44 ±2.656 ^{abcd}	80.88 ±1.824 ^{ab}	90.00 ±1.305 ^{ab}	80.65 ±2.242 ^{abc}	84.97 ±1.485 ^{abc}	84.13 ±0.905 ^{bc}
IRA18	75.71 ±2.071	72.36 ±2.111 ^{abcd}	87.26 ±1.824 ^{ab}	88.38 ±1.305 ^{ab}	79.53 ±2.242 ^{abc}	90.81 ±1.485 ^{ab}	86.50 ±1.279 ^a
IRA20	80.76 ±2.071	70.74 ±2.111 ^{bcd}	76.72 ±1.824 ^{ab}	86.71 ±1.305 ^{ab}	79.83 ±2.242 ^{abc}	84.98 ±1.485 ^{abc}	82.06 ±0.943 ^{cd}
IRA22	75.31 ±2.071	65.18 ±2.111 ^{cd}	77.35 ±1.824 ^{ab}	84.35 ±1.305 ^{abc}	79.11 ±2.242 ^{abc}	92.83 ±1.485 ^a	83.41 ±0.924 ^{bcd}
IRA24	76.20 ±2.071	76.20 ±2.585 ^{ab}	80.20 ±1.824 ^{ab}	90.74 ±1.305 ^a	85.57 ±2.242 ^{ab}	85.20 ±1.485 ^{abc}	85.42 ±0.943 ^{ab}
IRA26	82.68 ±2.071	75.97 ±2.585 ^{abcd}	76.38 ±1.824 ^{ab}	81.67 ±1.305 ^{bcd}	75.06 ±2.242 ^{abcd}	83.02 ±1.485 ^{bc}	79.03 ±0.924 ^{ef}
IRA28	81.71 ±2.071	87.66 ±2.656 ^{abc}	72.73 ±1.824 ^b	77.97 ±1.305 ^{cd}	73.72 ±2.242 ^{cd}	84.51 ±1.485 ^{abc}	77.23 ±0.924 ^{ef}

^{a-f} Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ($P<0.05$).

* Average of last four generations (G2, G3, G4, and G5)

جدول ۶- میانگین حداقل مربعات صفت تعداد پیله در لیتر در تمامی لاین‌ها و ترکیب‌های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 6. Least-squares means for cocoon number/liter among silkworm lines and their crossings from G0 to G5

Genotype	Least-squares means of cocoon number/litre						Least-squares means±SE*
	G0	G1	G2	G3	G4	G5	
32	104 ±2.248	97 ±2.872 ^{ef}	101 ± 2.326 ^{bcd}	102 ±2.993 ^{dcba}	111 ±2.522 ^{dcba}	123 ±2.050 ^a	109 ±1.637 ^{bcd}
104	101 ±2.248	101 ± 2.621 ^{fe}	102 ±2.059 ^{bcd}	109 ±2.093 ^{abc}	110 ±2.522 ^{abcd}	105 ±2.864 ^{bc}	107 ±1.492 ^{bcd}
124	100 ±2.248	95 ±2.621 ^f	91 ±2.059 ^e	101 ±2.824 ^{abcd}	112 ±2.522 ^{abcd}	115 ±2.864 ^{ab}	105 ±1.316 ^{cd}
154	105 ±2.248	100 ±2.451 ^{ef}	113 ±2.059 ^{abc}	105 ±2.824 ^{abcd}	115 ±2.522 ^{abc}	116 ±2.864 ^{ab}	112 ±1.521 ^{ab}
Y	104 ±2.248	104 ±2.211 ^{cdef}	105 ±2.326 ^{bcd}	108 ±2.824 ^{abc}	122 ±2.522 ^{ab}	106 ±2.864 ^{bc}	110 ±0.946 ^{abc}
IRA2	102 ±2.248	125 ±2.211 ^{ab}	109 ± 2.059 ^{abcde}	106 ±2.824 ^{abcd}	108 ±2.522 ^{bcd}	116 ±2.864 ^{ab}	108 ±1.919 ^{bcd}
IRA4	108 ±2.248	125 ±2.621 ^{ab}	118 ± 2.059 ^{ab}	108 ±2.993 ^{abc}	110 ±2.522 ^{abcd}	112 ±2.864 ^{ab}	112 ±1.629 ^{ab}
IRA6	106 ±2.248	102 ±2.621 ^{def}	118 ±2.326 ^{ab}	117 ±2.993 ^a	124 ±2.089 ^a	115 ±2.050 ^{ab}	119 ±1.722 ^a
IRA8	98 ±2.248	124 ±2.621 ^{ab}	104 ±2.059 ^{bcd}	109 ±2.824 ^{ab}	109 ±2.522 ^{bcd}	107 ±2.050 ^{abc}	107 ±2.639 ^{cd}
IRA10	113 ±2.248	128 ±2.211 ^a	113 ± 2.059 ^{abc}	100 ±2.824 ^{ab}	115 ±2.522 ^{abc}	110 ±2.864 ^{abc}	113 ±1.637 ^{ab}
IRA12	105 ±2.248	97 ± 2.451 ^{ef}	102 ±2.059 ^{bcd}	113 ±2.993 ^{ab}	102 ±2.522 ^{cd}	103 ±2.050 ^{bc}	106 ±1.372 ^{cd}
IRA14	95 ±2.248	113 ±2.541 ^{abcde}	94 ±2.059 ^{de}	89 ±2.824 ^d	98 ±2.522 ^d	94 ±2.050 ^c	94 ±1.770 ^e
IRA16	112 ±2.248	126 ±2.211 ^{ab}	107 ±2.059 ^{abcde}	110 ±2.824 ^{ab}	112 ±2.522 ^{abcd}	106 ±2.050 ^{bc}	109 ±1.846 ^{bcd}
IRA18	107 ±2.248	120 ±2.211 ^{abcd}	110 ± 2.059 ^{abcd}	111 ±2.824 ^{ab}	110 ±2.522 ^{abcd}	112 ±2.050 ^{ab}	111 ±1.568 ^{abc}
IRA20	105 ±2.248	108 ±2.211 ^{bcd}	116 ± 2.059 ^{abc}	92 ±2.824 ^{cd}	116 ±2.567 ^{abc}	104 ±2.864 ^{bc}	104 ±2.309 ^{cd}
IRA22	101 ±2.248	121 ±2.211 ^{abc}	99 ±2.059 ^{cde}	104 ±2.824 ^{abcd}	107 ±2.522 ^{cd}	104 ±2.864 ^{bc}	104 ±1.728 ^{cd}
IRA24	109 ±2.248	120 ±2.621 ^{abc}	109 ± 2.059 ^{abcde}	111 ±2.993 ^{ab}	109 ±2.522 ^{bcd}	112 ±2.864 ^{ab}	111 ±1.494 ^{abc}
IRA26	99 ±2.248	100 ±2.621 ^{ef}	101 ± 2.059 ^{bcd}	101 ±2.824 ^{abcd}	113 ±2.522 ^{abc}	105 ±2.864 ^{bc}	108 ±1.190 ^{bcd}
IRA28	108 ±2.248	99 ±2.211 ^{ef}	106 ± 2.059 ^{abcde}	110 ±2.824 ^{ab}	105 ±2.522 ^{cd}	112 ±2.864 ^{ab}	110 ±1.413 ^{abc}

^{a-f} Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ($P<0.05$).

* Average of last four generations (G2, G3, G4, and G5)

حداکثری برای یک صفت با پاسخ حداقلی صفت دیگر همزمان بوده است. در برخی ترکیب‌ها نظیر IRA16، IRA14 و IRA8 پاسخ به هر دو صفت به صورت بینابینی بوده است. ترکیب‌های IRA6 و IRA24 برای هر دو صفت عملکرد ضعیفی داشتند و پیش‌بینی می‌شود که چنین ترکیبات ژنتیکی در برنامه آمیخته‌گری با لاین‌های ژاپنی نیز عملکرد مناسبی نداشته باشند. نعمت اللهیان و همکاران (۱۳۹۲) با انتخاب تک‌صفتی برای وزن پيله در لاین چینی شکل ۱۵۴ نشان دادند که بعد از سه نسل، میانگین درصد قشر پيله به میزان ۱/۱۶۷ درصد کاهش یافت.

اصلاح نژاد کرم ابریشم بر مبنای ایجاد ترکیبات ژنتیکی جدید در بین والدین چینی یا ژاپنی و انتخاب بهترین ترکیب از میان آنها یک روش مرسوم در معرفی لاین‌های تجاری جدید است (میرحسینی و صیداوی، ۱۳۹۰؛ حسینی مقدم، ۱۳۹۲). اولین تجربه بر مبنای الگوی مذکور طی برنامه اصلاح نژاد کرم ابریشم سازمان خوار و بار جهانی ملل متحد (فائو) در مرکز تحقیقات ابریشم کشور طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۶ کسب شد و منجر به معرفی تعدادی لاین کرم ابریشم چینی و ژاپنی شکل شد (غلامی و همکاران، ۱۳۷۶). در این برنامه اصلاح نژادی همانند پژوهش حاضر از روش سطوح حذف مستقل برای انتخاب چندصفتی استفاده شد. البته سایر روش‌ها نیز می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند. به عنوان مثال در تحقیقی، اثر شش نسل انتخاب انفرادی و توده‌ای روی شش نژاد کرم ابریشم و چهار صفت وزن قشر پيله، وزن پيله، طول نخ و درصد شفیرگی مقایسه شد ($P < 0.05$). نتایج نشان داد که انتخاب انفرادی به طور معنی دار عملکرد سه صفت وزن پيله، وزن قشر پيله و طول الیاف را بهبود داد (Kumar et al., 2018). Mirhosseini et al. (2005) روش شاخص انتخاب سه صفتی را برای مدل‌های مختلف شاخص انتخاب بررسی و بیان داشتند که شاخص خانوادگی دارای بازده اقتصادی بیشتری بوده و می‌تواند در برنامه انتخاب استفاده شود. آنها همچنین نشان دادند که بهبود بازده اقتصادی مورد انتظار در سویه Xinhong1 بیشتر از دو سویه مورد بررسی بود. Kumaresan et al. (2000) و Kumar et al. (1995) تنوع ژنتیکی و شاخص انتخاب را در سویه‌های کرم ابریشم

جدول ۷ تفاوت کلی ژنوتیپ‌ها بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری در همان سال مربوطه را برای ۱۴ ترکیب ژنتیکی نشان می‌دهد. این تفاوت برای دو صفت وزن پيله و درصد قشر پيله اندازه‌گیری شد که معیار انتخاب انفرادی پيله‌های برتر در تمامی نسل‌ها بودند. وزن پيله، وزن قشر پيله و درصد قشر پيله سه صفت مهم در اصلاح نژاد کرم ابریشم است که ممکن است یک صفت (نعمت اللهیان و همکاران، ۱۳۹۲؛ Hosseini Moghaddam et al., 2005)، دو صفت (تحقیق حاضر) و یا شاخصی از سه صفت عنوان صفات انتخاب انفرادی در برنامه اصلاح نژادی باشند. در برنامه اصلاح نژادی حاضر، انتخاب انفرادی، متعاقب انتخاب خانوادگی و به عنوان بخشی از انتخاب چندصفتی (روش سطوح حذف مستقل) اجرا شد. مقایسه میانگین انجام شده، بر مبنای انحراف داده‌های چهار سال (۱۳۹۵، ۱۳۹۶، ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸) از والدین مادری بوده است. نتایج نشان داد تفاوت گروه انتخابی از شاهد در هر دو صفت وزن پيله و درصد قشر یک پيله از نظر آماری معنی‌دار بود ($P < 0.05$). ترکیب‌های IRA14، IRA16، IRA26 و IRA8 بیشترین تفاوت مثبت را برای درصد قشر پيله نشان دادند، به عبارتی انتخاب برای صفت درصد قشر پيله و به طور کلی روش انتخاب سطوح حذف مستقل در ترکیبات جدید منجر به پیشرفت ژنتیکی این صفت شده است. ترکیب‌های IRA2، IRA4، IRA6، IRA10، IRA20 و IRA28 با پاسخ منفی نسبت به برنامه انتخاب اعمال شده، نشان دادند که ظرفیت ژنتیکی لازم برای بهبود این صفت را ندارند. پیشرفت ژنتیکی برای وزن پيله در ترکیب‌های IRA10 و IRA20 از همه بیشتر و برای IRA26 به طور معنی‌داری ($P < 0.05$) از همه کمتر بود. با توجه به اینکه همبستگی ژنتیکی بین وزن پيله و وزن قشر پيله در برخی ژنوتیپ‌های کرم ابریشم (لاین‌ها و نژادها) منفی و در برخی دیگر مثبت است (Mirhosseini et al., 2010؛ Seidavi et al., 2010)، طبیعی است که پاسخ به انتخاب برای این دو صفت در تمام ژنوتیپ‌ها همسو نباشد. ملاحظه می‌شود پاسخ به انتخاب این دو صفت در برخی ترکیب‌ها نظیر IRA26، IRA20 و IRA10 جهت عکس دارد. به عبارت دیگر، پیشرفت ژنتیکی

پرورش داده شود، شناسایی بهترین پایه‌های والدینی پس از اجرای برنامه جامع آمیخته‌گری مشخص خواهد شد. این برنامه جامع دارای چندین مرحله آزمون در سطوح مختلف خواهد بود. به‌علاوه شایسته است با توجه به امکان مبادله ذخایر ژنتیکی با سایر کشورها، از لاین‌های چینی شکل وارداتی برای ایجاد ترکیبات ژنتیکی جدید در برنامه‌های آتی اصلاح نژادی استفاده شود. پس از چندین مرحله آزمون آمیخته‌گری، در صورت دستیابی به هیبرید پرتولید و مقاوم بهتر نسبت به هیبریدهای قبلی که قابلیت رقابت با هیبریدهای وارداتی را هم داشته باشند، والدین چینی شکل آنها جایگزین لاین‌های چینی شکل تجاری موجود خواهند شد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از مدیریت و کارکنان مرکز تحقیقات ابریشم کشور و معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه گیلان برای همکاری برای تأمین بودجه، امکانات و نیروی انسانی مورد نیاز این پژوهش قدردانی می‌شود.

چندنسلی و دو نسلی تعیین کرده و از برنامه شاخص انتخاب برای انتخاب لاین‌های والدینی به منظور استفاده در برنامه هیبریداسیون استفاده کردند.

این بررسی نشان داد که چهارده ترکیب ژنتیکی حاصل از پنج لاین کرم ابریشم از نظر چهار صفت مهم اقتصادی پیله قابلیت‌های متفاوتی داشته و به طور قاطع نمی‌توان ترکیب-ها را از برنامه آمیخته‌گری مربوطه حذف کرد. اگرچه برای برخی ترکیب‌های ضعیف نظیر IRA28 که هم پاسخ به انتخاب آن نسبت به شاهد مثبت نبود و هم درصد قشر پیله و درصد پیله‌های خوب آن کمتر از بقیه بود، نمی‌توان انتظار داشت که هیبریدهای حاصل از قابلیت‌های ممتازی برخوردار باشند.

نتیجه‌گیری کلی

برنامه آمیخته‌گری پروانه‌های ژنوتیپ‌های جدید چینی شکل با ژاپنی شکل مشخص خواهد کرد که کدام جفت والد دارای بهترین قابلیت ترکیب‌پذیری بوده و برای صفات مهم اقتصادی، هتروزیس مثبت و قوی ایجاد خواهد نمود. بنابراین چنانچه هدف از برنامه اصلاح نژادی، معرفی هیبریدهای کرم ابریشمی باشد که به وسیله نوغانداران

جدول ۷- تفاوت کلی ژنوتیپ‌های کرم ابریشم برای دو صفت انتخابی بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری در همان سال مربوطه
Table 7. Overall difference between silkworm genotypes for the two selected traits based on deviation from maternal control line in the relevant year

Genotype	Control lines	Cocoon weight (g)	Cocoon shell percentage
IRA6	32	0.01075 ^{abc}	1.0975 ^{ab}
IRA8	32	-0.00675 ^{bc}	-0.1150 ^{cd}
IRA14	32	0.09800 ^{ab}	0.8875 ^{ab}
IRA12	32	0.04675 ^{abc}	0.2425 ^{bc}
IRA16	104	0.01550 ^{abc}	1.1575 ^a
IRA18	104	0.01700 ^{abc}	0.2600 ^{bc}
IRA2	32	0.04075 ^{abc}	1.0975 ^{ab}
IRA20	104	0.11575 ^a	-0.0487 ^{cd}
IRA10	124	0.09725 ^a	-0.4150 ^{cd}
IRA22	124	0.04200 ^{abc}	0.2475 ^{bc}
IRA4	154	0.03150 ^{abc}	-0.8825 ^d
IRA24	Y	-0.02475 ^c	1.4325 ^a
IRA26	Y	0.03025 ^{abc}	-0.3650 ^{cd}
IRA28	104	0.00050 ^{bc}	-0.0487 ^{cd}

^{a-d} Means with different superscripts within the same column differ significantly ($P < 0.05$).

فهرست منابع

- حسینی مقدم س. ح. ۱۳۹۲. اصول پرورش کرم ابریشم. انتشارات دانشگاه گیلان. چاپ دوم. ۱۶۴ ص.
- حسینی مقدم، س. ح.، امام جمعه ن.، و گرامی ع. ۱۳۷۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی چهار وارسته کرم ابریشم. علوم کشاورزی ایران، ۳۱: ۷۶۷-۷۷۲.
- غلامی م.، ویشکایی صدیق ص.، و بیابانی م. ۱۳۷۶. بررسی و تولید وارسته‌های تخم نوغان مناسب و سازگار ایرانی. گزارش طرح پژوهشی، واحد تحقیقات شرکت سهامی پرورش کرم ابریشم ایران، رشت (شماره طرح ۷۶۰۰۱-۲۷-۱۱۸).
- غلامی م.، ویشکایی صدیق ص.، و بیابانی م. ۱۳۷۸. بررسی و تولید وارسته‌های تخم نوغان مناسب و سازگار ایرانی از طریق انتخاب لاین از هیبریدهای چینی. گزارش طرح پژوهشی، واحد تحقیقات شرکت سهامی پرورش کرم ابریشم ایران، رشت (شماره طرح ۷۶۰۰۲-۲۷-۱۱۸).
- غلامی م.، و مرآت آ. ۱۳۸۰. بهبود ژنتیکی یک لاین کرم ابریشم. گزارش طرح پژوهشی، واحد تحقیقات شرکت سهامی پرورش کرم ابریشم ایران، رشت (شماره طرح ۷۷۰۰۲-۲۷-۱۱۸).
- میرحسینی س. ض.، و صیداوی ع. ۱۳۹۰. راهنمای جامع ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم ایران. انتشارات دانشگاه گیلان. چاپ اول. ۲۸۲ ص.
- نعمت اللهیان ش.، برزین پ.، میرحسینی س. ض.، ناصرائی م.، و صیداوی ع. ۱۳۹۲. برآورد پیشرفت و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن پيله و وزن قشر پيله کرم ابریشم با استفاده از روش انتخاب انفرادی با اهداف مختلف. ژنتیک نوین، ۸: ۱۱-۱۸.
- Gangopadhyay D., Singh R. and Ragahavendra Rao D. 2006. Selection of silkworm breeds / hybrids based on multiple traits indices and cocoon size variability. *Indian Journal of Sericulture*, 45: 181-184.
- Hosseini Moghaddam S. H., Emam Jomeh Kashan N., Mirhosseini S. Z., Gholami M. R. 2005. Genetic improvement of some traits in four strains of silkworm, *Bombyx mori* L. *International Journal of Industrial Entomology*, 10: 95-99.
- Kumar P., Bhutia R. and Ahsan M. M. 1995. Estimates of genetic variability for commercial quantitative traits and selection indices in bivoltine races of mulberry silkworm (*Bombyx mori* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 55: 109-116.
- Kumar S., Ramya M. N., Talebi E. and Subramanya G. 2018. Selection response for the expression of quantitative traits in the mulberry silkworm *Bombyx mori* L. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7: 3456-3474.
- Kumar S. N., Saha A. K and Bindroo B. B. 2013. Selection of breeding resource materials of *Bombyx mori* L. for the development of bivoltine hybrids suitable for West Bengal. *Universal Journal of Environmental Research and Technology*, 3: 28-38.
- Kumaresan P., Sinha R. K., Sahni N. K. and Sekar S. 2000. Genetic variability and selection indices for economic quantitative traits of multivoltine mulberry silkworm, *Bombyx mori* L. genotypes. *Sericologia*, 40: 595-605.
- Mirhosseini S. Z., Ghanipoor M., Shadparvar A. and Etebari K. 2005. Selection indices for cocoon traits in six commercial silkworm (*Bombyx mori* L.) lines. *The Philippine Agricultural Scientist*, 88: 328-336.
- Mirhosseini S. Z., Nematollahian S., Ghanipoor M. and Seidavi A. 2010. Comparison of phenotypic and genetic performance of local silkworm groups and two commercial lines. *Biological Research*, 43: 411-416.
- Seidavi A. 2010. Estimation of genetic parameters and selection effect on genetic and phenotype trends in silkworm commercial pure lines. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 5: 1-12.
- Shadparvar A. A., Ghanipoor M., Mirhosseini S. Z. and Etebari K. 2005. Derivation of economic values for productive and reproductive traits of *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae) from profit equation. *Journal of Economic Entomology*, 98: 1717-1722.



Research paper

Study of multiple-trait selection in new Iranian silkworm genotypes-
Chinese-shape parents

S. Z. Mirhoseini^{1,2*}, M. Mavvajpoor³, S. Nematollahian³, S. H. Hosseini Moghaddam^{4,5}, F. Rafeie⁶, N. Ghavi Hossein-Zadeh¹, Y. Kheirkhah⁷

1. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
2. Professor, Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
3. MSc, Iran Silkworm Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran
4. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
5. Associate Professor, Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
6. Assistant Professor, Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
7. Expert in the Iran Silkworm Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran

(Received: 06-01-2020 – Accepted: 19-03-2020)

Abstract

Introducing new lines to produce high-quality silkworm hybrids is one of the ongoing tasks of the silkworm breeding centers. Five lines of Y, 124, 154, 104, and 32 with Chinese-shaped cocoons were selected from the gene bank. Based on the diallel cross, 20 genetic compounds were reared massively over three generations. After establishing the basic generation with 14 genetic combinations, the multi-trait selection was performed for five generations by the independent culling levels method. To compare the performance of parental lines and their combinations, data on the four traits of cocoon weight, cocoon shell percentage, good cocoons percentage, and cocoon number/liter (cocoon size) statistically analyzed in each year and the overall five years. The mean of cocoon weight and cocoon shell percentage of all genetic combinations were higher than the parental lines ($P < 0.05$). The average response to selection for cocoon shell percentage was more than one percent in the three genetic combinations compared to the maternal parent. For the good cocoons percentage, the best combinations had no significant difference with the best lines (104 and Y). While cocoon size in one genotype (IRA14) was very large (94 cocoons/ liter), other genotypes of large cocoons did not show significant differences with those lines with large cocoons (154 and 124). Genetic improvement of cocoon weight was positive for 12 out of 14 genetic combinations, but only one of them increased more than 0.1 g. The best lines will select finally after doing the crossbreeding program of Chinese with Japanese lines.

Keywords: Multiple-trait selection, Chinese-shape cocoon, Genetic combinations, Silkworm

*Corresponding author: mirhosin@guilan.ac.ir