



## مقاله علمی - پژوهشی

## نو ترکیبی و انتخاب چند صفتی در پنج والد ژاپنی - شکل کرم ابریشم

معین الدین موج پور<sup>۱</sup>، سید ضیاءالدین میر حسینی<sup>۲</sup>، سید حسین حسینی مقدم<sup>۳\*</sup>، شهلا نعمت اللهیان<sup>۴</sup>، فرجاد رفیعی<sup>۵</sup>، نوید قویحسین زاده<sup>۶</sup>، یوسف خیرخواه<sup>۷</sup>

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۵/۱۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۰۹

موج پور، م، س. س. ض. میرحسینی، س. ح. حسینی مقدم، ش. نعمت اللهیان، ف. رفیعی، ن. قوی حسین زاده، و ی. خیرخواه. ۱۴۰۰. نو ترکیبی و انتخاب چند صفتی در پنج والد ژاپنی - شکل کرم ابریشم. پژوهش‌های علوم دامی ایران ۱۳(۳): ۴۶۳-۴۷۴.

## چکیده

معرفی لاین‌های جدید تجاری یکی از برنامه‌های مراکز اصلاح نژاد کرم ابریشم دنیا می باشد. ایران به دلیل برخورداری از ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم و فناوری تولید تخم نوغان امکان معرفی لاین‌های جدید برای تولید کرم ابریشم هیبرید را دارد. در این راستا پنج لاین ژاپنی - شکل کرم ابریشم به نام های ۳۱، ۱۰۳، ۱۵۱، ۱۵۳ و ۱۵۲۴ از بین لاین‌های موجود در بانک ژن در بهار ۱۳۹۱ پرورش یافته و در قالب روش دیال آمیزش داده شدند. برنامه انتخاب به روش سطوح حذفی مستقل از سال ۱۳۹۳ تا سال ۱۳۹۸ اجراء و هم زمان خود لاین‌های مذکور به عنوان شاهد پرورش داده شدند. از بین ترکیبات ژنتیکی ایجاد شده شش ترکیب حفظ و بقیه حذف شدند. در بررسی حاضر صفات تولیدی وزن پيله، درصد قشر پيله، درصد پيله‌های خوب، تعداد پيله در لیترو وزن پيله در لیترو در ترکیبات ژنتیکی و لاین‌های مربوطه به طور همزمان مقایسه شدند. وزن پيله بر مبنای متوسط سال های مذکور در ترکیب های IRA1، IRA7 و IRA11 بیشتر از لاین‌ها بود. این مزیت در صفت وزن پيله در لیترو هم دیده شد. پاسخ به انتخاب بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری برای وزن پيله در IRA5 و IRA1 مثبت و معنی‌دار بود. برای صفت درصد قشر پيله دو ترکیب ژنتیکی IRA3 و IRA1 که والد مادری آن ۱۰۳ است بیشترین انحراف از لاین شاهد مادری را داشتند. IRA1 از نظر صفات اقتصادی پيله عملکرد مطلوبی داشت. با این وجود هر شش ترکیب جدید ژنتیکی برای مطالعات بیشتر و انتخاب به عنوان والد تجاری به بانک ژن کرم ابریشم کشور معرفی شدند.

واژه‌های کلیدی: انتخاب، ترکیب ژنتیکی، جفت گیری تصادفی، روش سطوح حذفی مستقل، کرم ابریشم.

## مقدمه

نشده بود نژادهای کرم ابریشم پرورش داده می شد که حسب منطقه جغرافیایی تکامل پیدا کرده بود. نژادهای چینی، ژاپنی، کره ای، هندی، ایرانی و اروپایی معروف ترین نژادهای کرم ابریشم هستند. نژادهای ژاپنی و نژادهای چینی که ظاهر (فنوتیپ) و عملکرد تولیدی کاملاً متفاوتی در تخم، لارو و پيله دارند در ابتدای قرن بیستم به عنوان پایه های والدینی هیبریدهای تجاری توسط دانشمندان ژاپنی

تولید پيله کرم ابریشم در مناطق معتدله دنیا چندین دهه است که با استفاده از تخم نوغان هیبرید حاصل می شود و در این میان کشورهای معدودی در دنیا امکان تولید تخم نوغان هیبرید تجاری را دارا می باشند. لیکن در گذشته که هیبریدهای کرم ابریشم معرفی

۵- استادیار گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.

۶- استاد گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.

۷- کارشناس مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.

(Email: hosseini@guilan.ac.ir) \* نویسنده مسئول:

DOI:10.22067/ijasr.2021.38311.0

۱- کارشناس ارشد مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.

۲- استاد گروه علوم دامی و گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.

۳- دانشیار گروه علوم دامی و گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.

۴- مربی پژوهشی، عضو هیات علمی مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.

مرکز تحقیقات ابریشم ایران که متولی حفظ و پرورش ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم کشور است دارای ۱۰۵ سویه ژنتیکی شامل سویه های چینی و ژاپنی - شکل، لاین‌های اصلاح شده، نژادهای بومی و تعدادی لاین سازگار با غذای مصنوعی می باشد (۶). در حال حاضر در ایران چهار وارسته ژاپنی - شکل کرم ابریشم (۱۰۳، ۳۱، ۱۵۱، ۱۵۳) در خط تولید تجاری قرار داشته که سال‌هاست به عنوان یکی از پایه های والدینی هیبریدهای تجاری  $۱۰۳ \times ۱۰۳$ ،  $۱۰۴ \times ۱۰۳$ ،  $۱۵۱ \times ۱۵۴$ ،  $۱۵۴ \times ۱۵۴$ ،  $۱۵۳ \times ۱۵۴$  و  $۱۵۴ \times ۱۵۳$  استفاده می شوند و لازم است با توجه به مشکلاتی که در زمینه تولید تخم نوغان و عملکرد هیبریدهای مذکور وجود دارد والدین جدید معرفی تا هیبریدهای بهتر تولید شوند. در تحقیق حاضر ترکیب های ژنتیکی جدید با استفاده از چهار وارسته ژاپنی - شکل تجاری مذکور و یک وارسته دیگر از بانک ژن کرم ابریشم ایران (۱۵۲۴) انتخاب و تلاش شد طی ۶ نسل به‌گزینی در هر یک از ترکیبات جدید، لاین‌های جدیدی که بتوانند جایگزین‌های مناسبی برای لاین‌های ژاپنی - شکل موجود باشند تولید و معرفی شود.

### مواد و روش ها

پنج لاین ژاپنی - شکل کرم ابریشم شامل ۱۵۲۴، ۱۰۳، ۳۱، ۱۵۳ و ۱۵۱ از لاین‌های موجود در بانک ژن مرکز تحقیقات ابریشم کشور در بهار ۱۳۹۱ در شرایط استاندارد پرورش داده شده و به منظور ایجاد ترکیب های ژنتیکی جدید از برنامه آمیزشی دی آلل کامل (۵×۵) استفاده شد. تمام ترکیبات زنتیکی شامل ۱۰ تلاقی مستقیم و ۱۰ تلاقی معکوس و ۵ والد در شرایط یکسان پرورش داده شدند. پس از دو نسل پرورش توده ای<sup>۶</sup> در بیست ترکیب ژنتیکی ایجاد شده، ترکیب های حاصل از تلاقی های دو طرفه<sup>۷</sup> با یکدیگر مخلوط شدند تا ده جمعیت به عنوان نسل پایه اصلاح نژادی جهت انتخاب چند صفتی<sup>۸</sup> ایجاد شود. این کار سبب افزایش تنوع در جمعیت مینا خواهد شد. انتخاب چند صفتی در هر ترکیب ژنتیکی بر مبنای روش سطوح حذفی مستقل بود. در این روش برای هر صفت یک مقدار معینی که بر اساس تجارب قبلی حاصل شده است مشخص کرده و کرم های ابریشمی که بالاتر از آن حد مشخص باشند انتخاب می شوند به عنوان مثال وزن پيله بالاتر از  $1/4$  گرم در ماده ها و  $1/3$  گرم در نرها انتخاب شدند.

چون در اصلاح نژاد کرم ابریشم محصل هر پروانه به صورت خانوادگی پرورش داده می شود، امکان انتخاب خانوادگی برای صفاتی که وراثت پذیری کمتری دارند (نظیر صفات تولید مثلی و ماندگاری) فراهم می باشد (۴). لذا در این تحقیق تلفیقی از انتخاب خانوادگی و انفرادی استفاده شد. ویژگی هایی نظیر حساسیت به آلودگی

معرفی شدند. این فناوری<sup>۱</sup> از آن زمان تاکنون مورد استفاده مراکز اصلاح نژاد کرم ابریشم دنیا قرار گرفته است (۹). لاین‌های ژاپنی - شکل با دارا بودن علامت های لاروی و پيله دمبلی شکل کاملاً از لاین های چینی - شکل که فاقد علائم لاروی و دارای پيله تخم مرغی شکل هستند متمایز می شوند. در مجموع بیش از ۴۳۰۰ نژاد، لاین و وارسته کرم ابریشم در بیش از ۱۵ کشور جهان وجود دارد که شامل نژادهای یک نسله، دونسله و چند نسله؛ وارسته های بهبود یافته، لاین‌های جهشی<sup>۲</sup> و لاین‌های ایزوژنیک می باشند (۳ و ۵). توضیح اینکه نژادهای یک نسله کرم ابریشم تنها یک بار در سال می توانند به صورت طبیعی تفریح و پرورش داده شوند، لیکن در مناطق استوایی که تک فصلی بوده و درختان خزان ندارند نژادهای چند نسله ای تکامل پیدا کرده که در طول سال تفریح و پرورش داده می شوند.

طرح های اصلاح نژادی در کشورهای داری ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم در شرایطی قابل اجراء است که آن ذخایر از کیفیت و تنوع لازم برخوردار باشد. روش اصلاح نژاد مبتنی بر تولید هیبرید که به طور موفقیت آمیزی در بسیاری از محصولات کشاورزی استفاده می شود وابسته به وجود هرچه بیشتر وارسته های والدینی می باشد تا در ادامه بتوان با اندازه گیری قابلیت ترکیب پذیری این وارسته ها، بهترین پایه پدری و مادری که بیشترین اثر هتروژنیک را نشان داده اند را مشخص کرد. دلایل و مکانیسم های ایجاد اثر هتروژنیک متفاوت بوده و معمولاً پس از چندین نسل با تغییراتی که در انواع اثرات غالبیت و ایپستازی ایجاد می شود اثر هتروژنیک صفات نیز تغییر می نماید (۱۳). عملکرد صفات در لاین‌های والدینی کرم ابریشم هیبرید شامل لاین‌های ژاپنی شکل و چینی شکل نیز پس از گذشت چندین سال به دلایل مختلف و از جمله همخونی دچار تغییر می شود. لذا پس از گذشت چند سال لازم است با تلاقی های مجدد بین وارسته های موجود، لاین‌های جدید معرفی نمود. در چین از بعد از جنگ جهانی دوم هر ۱۰ سال یکبار وارسته های جدید جایگزین شده است (۳). در برخی مراکز اصلاح نژادی نظیر انستیتو تحقیقات نوغانداری استان جیانگسو چین در طی چند دهه گذشته هر ۵ سال با انجام طرح های اصلاح نژادی، لاین‌های جدیدی معرفی شده است (۲۰).

طرح های اصلاح نژادی در کرم ابریشم پس از ایجاد تنوع ژنتیکی با استفاده از تلاقی گری درون گروهی<sup>۳</sup> و یا بین گروهی<sup>۴</sup> شروع و طی چندین نسل انتخاب چند صفتی ادامه می یابد. انتخاب چند صفتی در طرح های مرسوم اصلاح نژادی کرم ابریشم مبتنی بر روش سطوح حذفی مستقل<sup>۵</sup> می باشد (۴ و ۱۷). هر چند که تلاش هایی برای به کارگیری شاخص انتخاب (۷ و ۱۹) و انتخاب تک صفتی (۱۵) نیز انجام شده است.

- 5 - Independent Culling Levels
- 6-Mass Rearing
- 7- Reciprocal
- 8- Multiple Trait Selection

- 1 - Two-parental hybrids
- 2 - Mutant
- 3 - Intrastrain Hybridization
- 4 - Interstrain Hybridization

## نتایج و بحث

باتوجه به اینکه در دوران انتخاب در این طرح اصلاح نژادی در هر سال یکبار پرورش کرم ابریشم انجام شد بنابراین بجز اثر ژنوتیپ تنها اثر سال بر داده های صفات مختلف اثر گذار بود. جدول ۲ نتایج تجزیه واریانس مربوط به صفات مهم اقتصادی در تمامی لاین ها و ترکیب های کرم ابریشم ژاپنی - شکل را نشان می دهد. اثرات ژنوتیپ، سال و اثر متقابل ژنوتیپ و سال برای تمامی صفات مورد بررسی شامل تعداد پیل به ازای هر لیتر، وزن پیل به ازای هر لیتر، درصد پیل های خوب، وزن پیل و درصد قشر پیل بسیار معنی دار بود. اثر متقابل ژنتیکی - محیطی یک عنصر اصلی و مهم برای اصلاح گر در زمانی است که پروژه اصلاح نژادی انجام می شود. معنی داری اثر سال نشان دهنده تأثیر شرایط محیطی بر عملکرد صفات اقتصادی است. با توجه به اینکه این طرح در شرایط کنترل شده دمایی و رطوبتی و استفاده از یک نوع برگ توت جهت تغذیه تمام ژنوتیپ های کرم ابریشم مورد بررسی (مزرعه اختصاصی مرکز تحقیقات ابریشم کشور) اجراء شده است، به نظر می رسد کیفیت برگ توت عامل اصلی در معنی دار شدن اثر سال باشد. یکی از عوامل اصلی در کیفیت برگ توت رطوبت آن است. رطوبت مطلوب برگ توت بر میزان مصرف، هضم و جذب مواد مغذی اثر می گذارد. آزمایشی که بر روی یک هیبرید کرم ابریشم انجام شد نشان داد که رطوبت برگ توت سرعت رشد لاروی، وزن لاروی، وزن پیل، و وزن قشر پیل و طول الیاف ابریشمی را به طور معنی داری تغییر می دهد (۱۱).

در برنامه اصلاح نژادی حاضر، انتخاب انفرادی متعاقب انتخاب خانوادگی و به عنوان بخشی از انتخاب چند صفتی (روش سطوح حذفی مستقل) اجراء شد. جداول ۳ تا ۷ تغییرات در صفات مورد بررسی در طی سال های اجراء برنامه انتخاب (۱۳۹۳ الی ۱۳۹۸) را نشان می دهد. در این جداول داده های مربوط به گروه لاین های غیر انتخابی نیز به تفکیک سال نشان داده شده است. ستون آخر متوسط عملکرد صفات در طی نسل های G1، G2، G3، G4 و G5 در هر دو گروه انتخابی و غیر انتخابی می باشد. به عبارتی نتیجه اولین انتخاب (عملکرد G1) در میانگین مذکور وارد نشده است. در لاین های والدینی انتخاب پروانه های هر لاین به صورت تصادفی بوده و هیچ انتخابی اعمال نشد. برای صفت وزن پیل (جدول ۳) کمترین وزن پیل در بین تمام لاین ها و ترکیبات ژنتیکی مربوط به لاین ۳۱ بود و ترکیب های IRA11 و IRA1 بیشترین میانگین وزن پیل را داشتند که هر سه نسبت به دیگر لاین ها برتری نشان دادند. سایر لاین ها و ترکیب ها، اختلاف معنی داری نداشتند. برای درصد قشر پیل (جدول ۴) هیچکدام از ترکیب های حاصل از لاین های ژاپنی در تمام سال های مورد بررسی، نسبت به والدین برتری کاملی نداشته و عملکرد ترکیبات ژنتیکی جدید در این صفت از لاین های والدینی ۳۱ و ۱۵۲۴ کمتر بود.

میکروسپورید یابی، کیفیت و یکنواختی رنگ تخم، یکنواختی در رفتارهای دوران لاروی و تلفات دوران لاروی دلایل حذف خانواده های ضعیف در قبل از پیل تنی بودند. بعد از برداشت و تفکیک پیل ها، پیل های متوسط و ضعیف حذف شده و صفات مربوط به پیل رکورگیری شدند. صفات خانوادگی در این مرحله شامل وزن کل پیل تولیدی، وزن کل پیل های خوب، درصد پیل های خوب، درصد ماندگاری سفیره، تعداد پیل در لیتر و میانگین وزن یک پیل بودند. صفات انفرادی شامل وزن پیل، وزن قشر پیل و درصد قشر پیل بودند. در انتها پروانه هایی که بالاترین رکور را از نظر وزن پیل و درصد قشر پیل در بین تمام خانواده ها داشتند انتخاب و تلاقی داده شدند.

پنج لاین ژاپنی - شکل کرم ابریشم مذکور در تمام سال ها به عنوان لاین های شاهد با آمیزش تصادفی تجدید نسل شدند. تمامی پرورش ها در یک محیط استاندارد پرورشی (اتاق های با قابلیت تنظیم دما و رطوبت) با رعایت موازین بهداشتی و استفاده از ارقام اصلاح شده توت موجود (در کرم جوان از برگ توت وارپته کابرونومگاشی و در کرم بالغ از برگ توت وارپته های ایچی نویسه و کن موجی) در مرکز تحقیقات ابریشم کشور انجام شد. به دلیل اینکه چهار مورد از ۱۰ ترکیب ژنتیکی نسبت به بیماری ها حساس بودند، این ژنوتیپ ها به طور کامل در سال ۹۵ حذف و تنها شش ترکیب تا انتها طرح (سال ۱۳۹۸) بهبود ژنتیکی داده شدند (جدول ۱). ترکیب های حذفی ۳۱×۱۵۲۴، ۳۱×۳۱، ۱۵۱×۱۵۲۴ و ۱۰۳×۳۱ بودند. در پایان پژوهش شش ترکیب ژنتیکی جدید ژاپنی - شکل حاصل از این طرح جهت نگهداری در بانک ژن نام گذاری شدند (جدول ۱).

در این تحقیق به منظور مقایسه عملکرد ترکیبات جدید حاصل از اجراء پروژه، تغییرات در دو صفت وزن پیل و درصد قشر پیل به عنوان صفات هدف اصلاح نژادی<sup>۱</sup> و سه صفت درصد پیل های خوب، وزن پیل در لیتر و تعداد در لیتر به عنوان صفات مهم اقتصادی کرم ابریشم بررسی شدند. تجزیه دو عاملی (شامل ۶ ژنوتیپ و ۵ سال) در قالب طرح کاملاً تصادفی با شش تکرار انجام و نتایج با استفاده از نرم افزار آماری SAS رویه GLM آنالیز شدند. جهت ارزیابی ژنوتیپ های برتر و بررسی تفاوت بین آنها و لاین های خالص والدینی و همچنین تفاوت بین نسل های مختلف، میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ ها برای هر صفت بطور جداگانه و در هر سال پس از تصحیح با روش توکی - کرامر مقایسه شدند. مدل تجزیه آماری به شرح زیر بود:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + T_j + (G \times T)_{ij} + e_{ijk}$$

که در آن،  $y_{ijk}$  مقدار مشاهده هر صفت،  $\mu$  میانگین مشاهدات برای هر صفت،  $G_i$  اثر ژنوتیپ  $i$  ام،  $T_j$  اثر سال  $j$  ام و  $e_{ijk}$  اثر تصادفی باقیمانده بود.

جدول ۱- نامگذاری ترکیبات ژنتیکی جدید حاصل از پنج والد کرم ابریشم ژاپنی - شکل

Table 1- Naming of new genetic combinations produced by five parental Japanese-shape silkworm lines

لاین‌های والد ژاپنی شکل	1	2	3	4	5	
Parental Japanes-shape lines	31	103	151	153	1524	
نام های جدید ترکیبات ژنتیکی	1	2	3	4	5	6
New name for genetic combinations	31×153	151×153	103×151	103×153	153×1524	1524×103
	IRA5	IRA7	IRA1	IRA3	IRA11	IRA9

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مهم (میانگین مربعات) برای ژنوتیپ های ژاپنی - شکل کرم ابریشم

Table 2- ANOVA of important traits (Mean Squares) for the Japanese-shape silkworm genotypes

منبع تغییرات	تعداد پیله در لیتر	وزن پیله در لیتر	درصد قشر پیله	وزن پیله	درصد پیله خوب
Source of Variation	Cocoon Number /Litre	Cocoon Weight /Litre (g)	Cocoon Shell Percentage (%)	Cocoon Weight(g)	Best Cocoon Percentage(%)
Model	72129.250***	149.174***	34134.947***	865.507***	112827.012***
Genotype	417.249***	1956.914***	75.223***	8.459**	316.162***
Year	1480.545***	103.020***	814.374***	24.683***	6155.987***
Genotype×Year	100.215***	30.480***	44.776***	0.816***	61.305***
Error	45.22	17.699	17.69	0.13	1.778
R <sup>2</sup>	0.997	0.997	0.997	0.995	0.995

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

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات وزن پیله در بین لاین‌های کرم ابریشم و ترکیب های حاصل از آنها از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 3- Least-squares means for cocoon weight among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ	روش انتخاب	میانگین حداقل مربعات وزن پیله						Average <sup>1</sup>
		Least-squares means of cocoon weight (g)						
Genotype	Selection Method	G0	G1	G2	G3	G4	G5	
31	No Selection	1.591±0.007	1.592	1.592	1.563	1.572	1.588	1.579
	(R.M.) <sup>2</sup>		±0.008 d	±0.006 d	±0.006 d	±0.006 e	±0.005 d	±0.003 d
103	No Selection	±0.007	1.755	1.755	1.642	1.615	1.640	1.663
	(R.M.)		±0.008 a	±0.006 a	±0.006 bcd	±0.006 de	±0.005 cd	±0.003 cd
151	No Selection	±0.007	1.713	1.713	1.663	1.733	1.693	1.701
	(R.M.)		±0.008 ab	±0.006 abc	±0.006 bc	±0.006 bc	±0.005 bc	±0.003 bcd
153	No Selection	±0.007	1.674	1.672	1.670	1.708	1.689	1.690
	(R.M.)		±0.008 bc	±0.006 bc	±0.006 abc	±0.006 bcd	±0.005 bc	±0.003 cd
1524	No Selection	±0.007	1.624	1.625	1.624	1.701	1.633	1.646
	(R.M.)		±0.008 cd	±0.006 cd	±0.006 cd	±0.006 bcd	±0.005 de	±0.003 cd
IRA5	I. C. L. <sup>3</sup>	±0.007	1.653	1.671	1.623	1.706	1.654	1.664
			±0.008 bcd	±0.006 bc	±0.006 cd	±0.006 bcd	±0.005 de	±0.003 cd
IRA7	I. C. L.	±0.007	1.677	1.727	1.678	1.774	1.669	1.712
			±0.008 bc	±0.006 ab	±0.006 abc	±0.006 bc	±0.005 bcd	±0.003 ab
IRA1	I. C. L.	±0.007	1.715	1.759	1.723	1.780	1.765	1.757
			±0.008 ab	±0.006 a	±0.006 a	±0.006 abc	±0.005 a	±0.003 a
IRA3	I. C. L.	±0.007	1.760	1.700	1.689	1.693	1.960	1.693
			±0.008 a	±0.006 abc	±0.006 ab	±0.006 cd	±0.005 cd	±0.003 cd
IRA11	I. C. L.	±0.007	1.679	1.734	1.693	1.800	1.718	1.736
			±0.008 bc	±0.006 ab	±0.006 ab	±0.006 a	±0.005 ab	±0.003 a
IRA9	I. C. L.	±0.007	1.652	1.666	1.643	1.652	1.651	1.656
			±0.008 bcd	±0.006 bcd	±0.006 bcd	±0.006 cd	±0.005 cd	±0.003 cd

<sup>a,b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<0/05).

<sup>1</sup> میانگین چهار نسل آخر

<sup>2</sup> جفت دادن تصادفی پروانه

<sup>3</sup> روش سطوح حذفی مستقل

<sup>a, b</sup> Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

<sup>1</sup> Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

<sup>2</sup> Random Matting

<sup>3</sup> Independent Culling Level

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

Table 4- Least-squares means for cocoon shell percentage among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات درصد قشر پیله Least-squares means of cocoon shell percentage (%)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average <sup>1</sup>
31	No Selection	19.39	19.77	19.77	20.07	20.74	20.25	20.22
	(R.M.) <sup>2</sup>	±0.086	±0.068 <sup>a</sup>	±0.066 <sup>a</sup>	±0.068 <sup>a</sup>	±0.066 <sup>cd</sup>	±0.071 <sup>cde</sup>	±0.029 <sup>a</sup>
103	No Selection	19.17	19.24	19.24	18.20	19.97	20.60	19.50
	(R.M.)	±0.086	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>bcd</sup>	±0.068 <sup>de</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.071 <sup>abc</sup>	±0.029 <sup>cde</sup>
151	No Selection	18.84	19.43	19.47	19.34	19.61	20.36	19.70
	(R.M.)	±0.086	±0.068 <sup>abc</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>cd</sup>	±0.071 <sup>cd</sup>	±0.029 <sup>cd</sup>
153	No Selection	19.09	19.13	19.15	18.91	20.29	20.32	19.67
	(R.M.)	±0.086	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>cd</sup>	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>ab</sup>	±0.071 <sup>cd</sup>	±0.029 <sup>cd</sup>
1524	No Selection	19.00	19.45	19.45	19.80	20.35	21.49	20.27
	(R.M.)	±0.086	±0.068 <sup>abc</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.068 <sup>ab</sup>	±0.066 <sup>a</sup>	±0.071 <sup>a</sup>	±0.029 <sup>a</sup>
IRA5	I. C. L. <sup>3</sup>	19.47	19.10	19.47	19.12	19.89	20.03	19.63
		±0.086	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.071 <sup>ed</sup>	±0.029 <sup>cd</sup>
IRA7	I. C. L.	19.71	18.54	19.63	18.14	19.49	19.92	19.30
		±0.086	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>ab</sup>	±0.068 <sup>e</sup>	±0.066 <sup>de</sup>	±0.071 <sup>def</sup>	±0.029 <sup>de</sup>
IRA1	I. C. L.	19.05	19.13	19.23	19.15	20.01	20.74	19.78
		±0.086	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>bcd</sup>	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.071 <sup>bc</sup>	±0.029 <sup>bc</sup>
IRA3	I. C. L.	19.97	18.97	19.76	19.09	19.51	19.81	19.54
		±0.086	±0.068 <sup>bcd</sup>	±0.066 <sup>a</sup>	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>de</sup>	±0.071 <sup>ef</sup>	±0.029 <sup>bcd</sup>
IRA11	I. C. L.	19.32	18.45	19.98	18.26	19.34	19.41	19.00
		±0.086	±0.068 <sup>d</sup>	±0.066 <sup>d</sup>	±0.068 <sup>de</sup>	±0.066 <sup>d</sup>	±0.071 <sup>f</sup>	±0.029 <sup>e</sup>
IRA9	I. C. L.	19.33	19.19	19.32	19.09	19.72	20.67	19.70
		±0.086	±0.068 <sup>bc</sup>	±0.066 <sup>bc</sup>	±0.068 <sup>cd</sup>	±0.066 <sup>bcd</sup>	±0.071 <sup>bc</sup>	±0.029 <sup>cd</sup>

<sup>a, b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند ( $P < 0.05$ ).

<sup>۱</sup> میانگین چهار نسل آخر

<sup>۲</sup> جفت دادن تصادفی پروانه

<sup>۳</sup> روش سطوح حذفی مستقل

<sup>a, b</sup> Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ( $P < 0.05$ )

<sup>1</sup> Average of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

<sup>2</sup> Random Matting

<sup>3</sup> Independent Culling Level

صفت وزن پیله در یک لیتر (جدول ۷) بیشترین میانگین را در بین ترکیب‌های ژنتیکی IRA1 و IRA11 داشت که بسیار نزدیک به نتایج وزن پیله انفرادی می‌باشد. لاین‌ها و ترکیب‌هایی که دارای پیله‌های درشت‌تری بودند، در صفت میانگین وزن پیله در لیتر رکورد کمتری داشتند. این موضوع تقریباً با توجه به اینکه در این حالت تعداد شفیره کمتری در واحد حجم وجود خواهد داشت قابل توجیه است. به نظر می‌رسد لاین ۱۵۳ که در پایه‌پدیری ترکیب‌های IRA7 و IRA3 استفاده شده است، در درشت‌تر شدن پیله‌ها و پایین بودن میانگین وزن پیله‌ها در لیتر تأثیر گذاشته است.

انتخاب زمانی مؤثر است که تنوع ژنتیکی کافی وجود داشته باشد. تنوع آلی سبب توانایی جمعیت در پاسخ به انتخاب در طی نسل‌های متمادی و در نهایت بقای جمعیت می‌شود (۵). در کرم ابریشم برای ایجاد تنوع از آمیزش‌های درون‌ژادی و یا بین‌ژادی استفاده می‌شود. اصلاح نژاد کرم ابریشم بر مبنای ایجاد ترکیبات ژنتیکی جدید در بین والدین چینی یا ژاپنی و انتخاب بهترین ترکیب از میان آنها

IRA11 که بیشترین وزن پیله را داشت در صد قشر پیله‌اش از دیگر لاین‌ها کمتر بود. البته این موضوع با توجه به همبستگی ژنتیکی کم و حتی همبستگی فنوتیپی منفی بین این دو صفت که در تحقیقات دیگر گزارش شده قابل پیش‌بینی می‌باشد (۸). برای صفت در صد پیله‌های خوب (جدول ۵) بر مبنای متوسط عملکرد سال‌های انتخابی، هیچکدام از ترکیب‌ها نسبت به والدین برتری نشان ندادند و بین ترکیب‌ها نیز به جز IRA3 که کمترین درصد پیله خوب را نشان داد اختلاف معنی‌داری با همدیگر نشان ندادند و همه عملکرد تقریباً یکسانی در این صفت داشتند. این موضوع نشان داد که برنامه انتخاب استفاده شده نتوانسته تغییر چندانی در این صفت ایجاد نماید.

جدول ۶ میانگین تعداد پیله در لیتر به عنوان معیار اندازه پیله را در لاین‌ها و ترکیب‌های مختلف به تفکیک سال نشان می‌دهد. تقریباً تمام ترکیب‌های ژنتیکی اندازه پیله بزرگتری نسبت به والدین بجز لاین 153 داشتند. این موضوع نشان می‌دهد که در نتیجه انتخاب، افزایش وزن پیله با افزایش اندازه پیله همراه شده است. برای

پاسخ به انتخاب بلافاصله حاصل نمی‌شود، لذا داده‌های سال ۱۳۹۴ که پاسخ تنها یک نسل انتخاب بود در محاسبات مربوط به جدول ۸ وارد نشد. پاسخ انتخاب تنها برای دو صفت وزن پيله و درصد قشر پيله که معیار انتخاب انفرادی پيله‌های برتر در تمامی نسل‌ها بودند محاسبه شد. نتایج نشان داد تفاوت بین ترکیب‌های ژنتیکی در هر دو صفت وزن پيله و درصد قشر یک پيله از نظر آماری معنی‌دار بود ( $P < 0.05$ ). با توجه به جدول ۸، پاسخ به انتخاب برای وزن پيله در تمام لاین‌ها مثبت بوده است. پاسخ به انتخاب برای وزن پيله انفرادی در IRA9 و IRA7 نسبت به IRA5 و IRA1 کمتر بود ( $P < 0.05$ ). IRA3 و IRA11 پاسخ به انتخاب حد وسطی داشتند. در مورد صفت درصد قشر پيله IRA1 و IRA3 که والد مادری آن ۱۰۳ است بیشترین پیشرفت ژنتیکی را داشتند. IRA9 که افزایش وزن پيله اش کمتر از بقیه بود (جدول ۸) نه تنها برای درصد قشر پيله نسبت به والد مادری پیشرفتی در طی این سال‌ها نشان نداد بلکه کمترین مقدار را نسبت به بقیه ترکیب‌های ژنتیکی نشان داد.

یک روش مرسوم در معرفی لاین‌های تجاری جدید می‌باشد (۳ و ۶). انتخاب انفرادی و خانوادگی صفات مختلف کرم ابریشم در برنامه سطوح حذفی مستقل به این معنی است که خانواده‌هایی که برای حتی یک صفت ضعیف باشند حذف خواهند شد. برای انتخاب انفرادی که نیازمند رکوردگیری انفرادی است نیز تنها پيله‌هایی انتخاب می‌شوند که بیشترین وزن پيله و درصد قشر پيله را داشته باشند. به طور کلی توسعه متعادل تمام صفات اقتصادی برنامه اصلی یک برنامه اصلاح نژادی کرم ابریشم است (۲۰).

جدول ۸ تفاوت کلی ژنوتیپ‌های کرم ابریشم برای دو صفت انتخابی وزن پيله و درصد قشر پيله بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری در همان سال مربوطه طی سال‌های ۱۳۹۵ تا ۱۳۹۸ را نشان می‌دهد. به عنوان مثال میانگین صفت وزن پيله ترکیب IRA5 از میانگین لاین ۳۱ در همان سال مربوطه کمتر شده است. مقایسه میانگین انجام شده بر مبنای انحراف داده‌های تنها ۴ سال (۱۳۹۵، ۱۳۹۶، ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸) بوده است. با توجه به اثر بسیار معنی‌دار محیط (سال پرورش) بر داده‌های صفات کمی کرم ابریشم معمولاً

جدول ۵ - میانگین حداقل مربعات صفت درصد پيله‌های 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 crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات درصد پيله خوب Least-squares means of good cocoon percentage (%)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average <sup>1</sup>
31	No Selection (R.M.) <sup>2</sup>	81.50 ±1.103	83.82±1.337 <sup>a</sup>	86.15 ±1.512 <sup>ab</sup>	84.51 ±1.759 <sup>a</sup>	82.52 ±1.687 <sup>bc</sup>	90.31 ±1.256 <sup>ab</sup>	85.87±1.684 <sup>ab</sup>
103	No Selection (R.M.)	84.75±1.369	82.52±1.337 <sup>ab</sup>	86.02 ±1.538 <sup>ab</sup>	80.11 ±1.759 <sup>a</sup>	85.29 ±1.687 <sup>b</sup>	91.86 ±1.256 <sup>a</sup>	85.82±1.338 <sup>ab</sup>
151	No Selection (R.M.)	83.23 ±1.103	82.59±1.315 <sup>abc</sup>	89.44 ±1.512 <sup>a</sup>	81.88 ±1.488 <sup>ab</sup>	87.73 ±1.386 <sup>a</sup>	89.30 ±1.776 <sup>ab</sup>	87.09±1.787 <sup>a</sup>
153	No Selection (R.M.)	85.27 ±1.052	76.76±1.396 <sup>abc</sup>	79.09 ±1.538 <sup>c</sup>	83.04 ±1.759 <sup>a</sup>	85.63 ±1.386 <sup>b</sup>	87.02 ±1.256 <sup>ab</sup>	83.70±1.721 <sup>ab</sup>
1524	No Selection (R.M.)	80.97 ±1.835	74.04±1.315 <sup>abc</sup>	86.65 ±1.512 <sup>ab</sup>	82.09 ±1.488 <sup>ab</sup>	82.89 ±1.687 <sup>ab</sup>	91.87 ±1.256 <sup>a</sup>	85.85±1.638 <sup>ab</sup>
IRA5	I. C. L. <sup>3</sup>	74.69±1.18	78.62±1.337 <sup>abc</sup>	81.75 ±1.512 <sup>bc</sup>	85.55 ±1.488 <sup>a</sup>	83.92 ±1.386 <sup>ab</sup>	90.89 ±1.776 <sup>ab</sup>	85.38±1.767 <sup>ab</sup>
IRA7	I. C. L.	83.48 ±1.369	72.99±1.337 <sup>c</sup>	85.89 ±1.175 <sup>ab</sup>	80.40 ±1.759 <sup>ab</sup>	86.37 ±1.386 <sup>ab</sup>	84.30 ±1.776 <sup>b</sup>	84.09±1.365 <sup>ab</sup>
IRA1	I. C. L.	79.90 ±1.052	72.64±1.315 <sup>c</sup>	84.33 ±1.512 <sup>bc</sup>	82.76 ±1.759 <sup>ab</sup>	79.88 ±1.386 <sup>ab</sup>	86.25 ±1.776 <sup>ab</sup>	83.31±1.375 <sup>ab</sup>
IRA3	I. C. L.	83.48 ±1.052	75.92±1.337 <sup>abc</sup>	80.81 ±1.538 <sup>c</sup>	72.73 ±1.759 <sup>b</sup>	85.89 ±1.687 <sup>c</sup>	90.44 ±1.256 <sup>ab</sup>	82.34±1.338 <sup>b</sup>
IRA11	I. C. L.	83.50 ±1.052	78.76±1.396 <sup>abc</sup>	82.61 ±1.776 <sup>bc</sup>	86.68 ±1.488 <sup>a</sup>	81.65 ±1.687 <sup>ab</sup>	88.94 ±1.256 <sup>ab</sup>	84.79±1.481 <sup>ab</sup>
IRA9	I. C. L.	82.36 ±1.103	78.62±1.315 <sup>abc</sup>	83.67 ±1.512 <sup>bc</sup>	84.11 ±1.488 <sup>a</sup>	84.30 ±1.687 <sup>ab</sup>	89.85 ±1.776 <sup>ab</sup>	85.65±1.338 <sup>ab</sup>

<sup>a, b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند ( $P < 0.05$ ).

<sup>۱</sup> میانگین چهار نسل آخر

<sup>۲</sup> جفت دادن تصادفی پروانه

<sup>۳</sup> روش سطوح حذفی مستقل

<sup>a, b</sup> Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ( $P < 0.05$ )

<sup>1</sup> Average of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

<sup>2</sup> Random Matting

<sup>3</sup> Independent Culling Level



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/litre among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات تعداد پیله در لیتر Least-squares means of cocoon number/litre						Average <sup>1</sup>
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	
		31	No Selection (R.M.) <sup>2</sup>	81.50 ±1.103	118 ±1.243 ab	122 ±1.184 ab	133 ±1.613 ab	
103	No Selection (R.M.)	84.75±1.369	119 ±1.243 a	120 ±1.184 abc	138 ±1.555 a	135 ± 1.380 a	120 ±1.702 bcd	131 ±1.636 ab
151	No Selection (R.M.)	83.23 ±1.103	119 ±1.243 abc	125 ±1.335 a	131 ±1.555 ab	126 ±1.097 abc	133±1.702 a	129 ±1.121 abc
153	No Selection (R.M.)	85.27 ±1.052	116 ±1.885 bc	119 ±1.335 bc	125 ±1.613 bc	107 ± 1.097 d	122 ±1.407 abcd	118 ±1.216 cd
1524	No Selection (R.M.)	80.97 ±1.835	114 ±1.885 bc	119 ±1.567 bc	131 ±1.555 ab	137± 1.380 ab	127 ±1.407 abc	129 ±1.680 abc
IRA5	I. C. L. <sup>3</sup>	111 ±1.268	114 ±1.243 bc	120 ±1.089 bc	126 ±1.613 bc	123 ±1.380 bcd	115±1.607 cd	121 ±1.210 bcd
IRA7	I. C. L.	107 ±1.774	115 ±1.243 bc	120 ±1.089 bc	123 ±1.613 c	110 ±1.380 cd	107 ±1.702 d	115 ±1.636 d
IRA1	I. C. L.	116 ±1.268	114 ±1.885 bc	119 ±1.567 bc	124 ±1.555 c	121 ±1.097 bcd	119 ±1.702 bcd	121 ±1.136 bcd
IRA3	I. C. L.	112 ±1.268	112 ±1.243 c	117 ±1.184 c	120 ±1.613 c	119 ±1.097 bcd	112 ±1.407 cd	117 ±1.241 cd
IRA11	I. C. L.	114 ±1.268	112 ±1.243 c	123 ±1.522 ab	127 ±1.613 bc	121 ±1.380 bcd	115 ±1.407 cd	122 ±1.636 bcd
IRA9	I. C. L.	115 ±1.636	117 ±1.885 ab	125 ±1.567 a	127 ±1.613 a	126 ± 1.380 abc	115 ±1.407 cd	123 ±1.387 bcd

<sup>a, b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند ( $P < 0.05$ ).

<sup>۱</sup> میانگین چهار نسل آخر

<sup>۲</sup> جفت دادن تصادفی پروانه

<sup>۳</sup> روش سطوح حذفی مستقل

<sup>a, b</sup> Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ( $P < 0.05$ )

<sup>1</sup> Average of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

<sup>2</sup> Random Matting

<sup>3</sup> Independent Culling Level

جمعیت های انتخابی (به ترتیب ۱۰۸/۰- گرم در نسل، ۰۲۹/۰- گرم در نسل و ۰۳۷۹/۰- درصد در نسل) بود ( $P < 0.01$ ). همچنین در تحقیقی دیگر سه نسل انتخاب در دو لاین تجاری کرم ابریشم بر مبنای انتخاب انفرادی برای وزن پیله (A) و وزن قشر پیله (B) بررسی شد (۱۰). نتایج نشان داد جهت بهبود میانگین وزن پیله در کوتاه مدت، استراتژی A کارآمد می‌باشد و اگر هدف بهبود صفت وزن قشر پیله در آمیخته‌ها باشد، استراتژی B می‌تواند قابل توصیه باشد. همچنین استراتژی A باعث بالا بردن درصد پیله‌های خوب شد.

به غیر از چین در تعداد معدودی از کشورهای دیگر نظیر هند نیز برنامه‌ها و تحقیقات اصلاح نژادی اجراء می‌شود البته با این ویژگی که در این کشور از واریته های کرم ابریشم چندنسلی و دو نسلی استفاده می‌شود (۱، ۳). محققان برخی خصوصیات چند واریته خالص کرم ابریشم و آمیخته‌های مربوط را مورد بررسی قرار دادند که نتایج حاصل نشان داد لاین‌های خالص چند نسله نسبت به لاین‌های خالص دو نسله تغییر کمتری در وزن پیله دارند (۱۲). در تحقیقی اثر

طرح های به‌نژادی مبتنی بر انتخاب درون نژادی در گذشته نیز در ایران انجام شده است. انتخاب به روش سطوح حذفی مستقل در دو لاین ۱۰۳ و ۱۰۴ طی سال های ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۰ منجر به بهبود صفت در صد شفیبری ( شاخص ماندگاری) شد (۴). محققین روش شاخص انتخاب سه صفتی را برای مدل‌های مختلف شاخص انتخاب بررسی و بیان داشتند که شاخص خانوادگی بازده اقتصادی بیشتری داشته و می‌تواند در برنامه انتخاب استفاده شود (۷). اثر انتخاب انفرادی بر اساس وزن پیله بر روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات اقتصادی شش واریته کرم ابریشم ایران بررسی شد (۱۴). نتایج آن بررسی نشان داد که پاسخ به انتخاب انفرادی رابطه مستقیمی با وراثت پذیری لاین‌ها داشت و اجرای برنامه های انتخاب، علاوه بر اثرات ژن های افزایشی، اثرات ژنتیکی غیرافزایشی نیز تأثیر مثبتی بر روی بهبود فنوتیپی صفات دارند. روند فنوتیپی صفات وزن پیله، وزن قشر پیله و در صد قشر پیله در جمعیت های غیر انتخابی (به ترتیب ۰۶۱/۰- گرم در نسل، ۰۱۸/۰- گرم در نسل و ۰۳۱۴/۰- در صد در نسل) بالاتر از

کرم ابریشم به همراه ۱۳ آمیخته مربوطه برر سی شد (۲). آنها ضمن تایید وجود اختلاف در بین این واریته‌ها عنوان کردند لاین دو نسله KA و آمیخته‌های دو نسله سینگل کراس NB18×Saniish18 و NB18×J122 در مورد سه صفت از پنج صفت مورد بررسی بیشترین عملکرد را داشتند.

شش نسل انتخاب انفرادی و توده ای بر روی شش نژاد کرم ابریشم و برای چهار صفت وزن قشر پیله، وزن پیله، طول نخ و درصد شفیرگی مقایسه شد (۱۶). نتایج نشان داد که انتخاب انفرادی به طور معنی دار عملکرد سه صفت وزن پیله، وزن قشر پیله و طول الیاف را بهبود داد. در پژوهشی دیگر عملکرد یک لاین چند نسله و پنج لاین دو نسله

جدول ۷ - میانگین حداقل مربعات صفت وزن پیله در لیتر در تمامی لاین‌ها و ترکیب‌های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 7- Least-squares means for cocoon weight/litre (g) among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات وزن پیله در لیتر Least-squares means of cocoon weight/litre (g)						Average <sup>1</sup>
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	
31	No Selection (R.M.) <sup>2</sup>	184.52 ±1.736	189.57 ±1.805 <sup>bc</sup>	193.68 ±1.648 <sup>cd</sup>	180.45 ±1.484 <sup>cd</sup>	199.90 ±1.065 <sup>de</sup>	183.16 ±1.965 <sup>de</sup>	189.30 ±1.387 <sup>cde</sup>
103	No Selection (R.M.)	190.90 ±1.368	200.85 ±1.858 <sup>ab</sup>	200.83 ±1.994 <sup>bcd</sup>	193.00 ±1.878 <sup>bc</sup>	200.94 ±1.582 <sup>de</sup>	199.49 ±1.218 <sup>ab</sup>	198.57 ±1.811 <sup>bcd</sup>
151	No Selection (R.M.)	178.69 ±1.368	200.85 ±1.930 <sup>ab</sup>	211.42 ±1.549 <sup>a</sup>	211.46 ±1.484 <sup>a</sup>	211.51 ±1.065 <sup>abc</sup>	200.31 ±1.218 <sup>a</sup>	208.68 ±1.658 <sup>a</sup>
153	No Selection (R.M.)	179.98 ±1.907	188.84 ±1.805 <sup>bc</sup>	190.75 ±1.891 <sup>d</sup>	177.27 ±1.484 <sup>d</sup>	176.56 ±1.582 <sup>e</sup>	179.85 ±1.965 <sup>e</sup>	181.04 ±1.387 <sup>e</sup>
1524	No Selection (R.M.)	187.581 ±1.907	192.25 ±1.858 <sup>abc</sup>	191.95 ±1.648 <sup>d</sup>	198.18 ±1.878 <sup>ab</sup>	223.16 ±1.582 <sup>a</sup>	193.98 ±1.218 <sup>abc</sup>	201.82 ±1.756 <sup>bc</sup>
IRA5	I. C. L. <sup>3</sup>	181.99 ±1.368	188.33 ±1.858 <sup>bc</sup>	192.42 ±1.459 <sup>d</sup>	186.25 ±1.878 <sup>bcd</sup>	200.85 ±1.065 <sup>cd</sup>	188.23 ±1.218 <sup>bcd</sup>	191.94 ±1.451 <sup>cde</sup>
IRA7	I. C. L.	185.78 ±1.044	198.30 ±1.930 <sup>ab</sup>	197.42 ±1.698 <sup>bcd</sup>	180.153 ±1.484 <sup>cd</sup>	190.83 ±1.065 <sup>de</sup>	196.82 ±1.218 <sup>ab</sup>	191.19 ±1.771 <sup>cde</sup>
IRA1	I. C. L.	197.87 ±1.368	201.30 ±1.858 <sup>ab</sup>	205.61 ±1.459 <sup>ab</sup>	196.82 ±1.484 <sup>abc</sup>	206.33 ±1.582 <sup>bc</sup>	200.63 ±1.965 <sup>a</sup>	202.35 ±1.387 <sup>bc</sup>
IRA3	I. C. L.	181.11 ±1.368	195.98 ±1.805 <sup>ab</sup>	192.53 ±1.697 <sup>d</sup>	180.31 ±1.878 <sup>cd</sup>	186.88 ±1.582 <sup>ed</sup>	188.34 ±1.218 <sup>bcd</sup>	187.02 ±1.636 <sup>de</sup>
IRA11	I. C. L.	188.29 ±1.368	194.79 ±1.805 <sup>abc</sup>	203.95 ±1.648 <sup>abc</sup>	196.70 ±1.878 <sup>abc</sup>	206.31 ±1.582 <sup>cb</sup>	199.35 ±1.218 <sup>ab</sup>	201.58 ±1.387 <sup>bcd</sup>
IRA9	I. C. L.	190.81 ±1.736	182.77 ±1.858 <sup>abc</sup>	201.43 ±1.994 <sup>abc</sup>	192.77 ±1.484 <sup>bc</sup>	203.11 ±1.065 <sup>cb</sup>	188.24 ±1.965 <sup>bcd</sup>	196.39 ±1.677 <sup>cd</sup>

<sup>a, b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند ( $P < 0.05$ ).

<sup>۱</sup> میانگین چهار نسل آخر

<sup>۲</sup> جفت دادن تصادفی پروانه

<sup>۳</sup> روش سطوح حذفی مستقل

<sup>a, b</sup> Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly ( $P < 0.05$ )

<sup>1</sup> Average of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

<sup>2</sup> Random Matting

<sup>3</sup> Independent Culling Level

جدول ۸ - تفاوت کلی ژنوتیپ‌های کرم ابریشم برای دو صفت انتخابی بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری در همان سال مربوطه

Table 8- Overall difference between silkworm genotypes for the two selected traits based on deviation from maternal control line in the relevant year

ژنوتیپ Genotype	لاین شاهد Control Line	وزن پیله Cocoon Weight (g)	درصد قشر پیله Cocoon Shell Percentage (%)
IRA9	1524	0.00725 <sup>b</sup>	-1.2750 <sup>c</sup>
IRA7	151	0.01150 <sup>b</sup>	-0.4000 <sup>ab</sup>
IRA3	103	0.03000 <sup>ab</sup>	0.2800 <sup>a</sup>
IRA11	153	0.05650 <sup>ab</sup>	-0.0175 <sup>ab</sup>
IRA5	31	0.08475 <sup>a</sup>	-0.6650 <sup>bc</sup>
IRA1	103	0.09375 <sup>a</sup>	0.2388 <sup>a</sup>

<sup>a, b</sup> میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند ( $P < 0.05$ ).

<sup>a, b</sup> Means with different superscripts within the same column differ significantly ( $P < 0.05$ ).

نتیجه آمیزش‌های دی‌آل ۵×۵ تنها ۶ ترکیب جهت معرفی به بانک

در این پروژه اصلاح نژادی از بیست ترکیب ژنتیکی ایجاد شده در



لازم برای صفات مهم اقتصادی کرم ابریشم را دارا بودند. به عبارتی ویژگی های مربوطه به پيله اعم از وزن پيله و اندازه پيله نسبت به لاین های والدینی برتری داشته و می تواند به بانک ژن کرم ابریشم معرفی شود. IRAI در بیشتر صفات نسبت به والدین برتری داشت. این ترکیب ژنتیکی نسبت به والد مادری برای هر دو صفت وزن پيله و درصد قشر پيله عملکرد قابل قبولی از خود نشان داد و لذا می تواند در ارزیابی های بعدی مورد توجه بیشتر قرار گیرد. IRA3 نیز پاسخ به انتخاب نسبتاً خوبی نشان داد. سایر ترکیب ها از نظر درصد قشر پيله نسبت به والدین برتری قابل توجهی نداشتند. با این وجود عملکرد کمتر در برخی صفات دلیلی بر نامطلوب بودن سویه جدید نمی باشد. زیرا انتخاب بهترین پایه های پدری و مادری (لاین های چینی شکل و ژاپنی شکل) پس از اجراء برنامه هیبریداسیون و برآورد قابلیت ترکیب پذیری خصوصی مشخص خواهد شد.

ژن انتخاب شد. در واقع عملکرد این شش وارسته از نظر صفات مختلف تولید مثلی، تولیدی، ماندگاری و سرعت رشد یکنواخت در طی سه سال اخیر مورد تأیید بودند. زمانی که تعداد لاین ها بیش از ظرفیت آزمایش هیبریداسیون باشد لازم است که شاخص ارزیابی تدوین شود تا تنها شایسته ترین ترکیب های ژنتیکی انتخاب و به بانک ژن معرفی و در برنامه هیبریداسیون شرکت داده شوند؛ به عنوان مثال در تحقیقی (۱۸) سه شاخص برای ارزیابی ۲۰ نژاد دو نسله و چند نسله بانک ژن معرفی شد و یا برای ارزیابی ۱۸ وارسته کرم ابریشم که از مناطق مختلف گردآوری شده بود شاخصی با استفاده از ۱۱ صفت تنظیم شد (۱).

### نتیجه گیری کلی

شش ترکیب جدید ژنتیکی در این برنامه اصلاح نژادی حداقل های

### منابع

- Bhat, S. A., M. Farooq, I. L. Khan, F. A. Kukiloo, and K. A. Sahaf. 2018. Selection of the silkworm *Bombyx mori* L. breeding resource material. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7:1612-1617.
- Govindan, R., R. Narasimharaju., T. K. Narayanaswamy, and R. Munirajappa. 1990. Performance of some single and three-way cross hybrids of silkworm *Bombyx mori* for cocoon traits. *Environment and Ecology*, 8(3): 860-863.
- Hosseini Moghaddam S. H. 2013. Principles of Silkworm Rearing. 2<sup>nd</sup> Edition. University of Guilan Press (In Persian).
- Hosseini Moghaddam, S. H., N. Emamjomeh Kashan, S. Z. Mirhosseini, and M. R. Gholami. 2005. Genetic Improvement of some traits in four strains of silkworm (*Bombyx mori*). *International Journal of Industrial Entomology*, 10(2):95-99.
- Jingade, A., K. Vijayan, P. Somasundaram, G. Srinivasababu, and C. Kamble. 2011. A review of the implications of heterozygosity and inbreeding on germplasm biodiversity and its conservation in the silkworm *Bombyx mori*. *Journal of Insect Science*, 11(1):1-16.
- Mirhosseini, S. Z., and A. R. Seidavi. 2011. Iran Silkworm Germplasm Guidence. University of Guilan Press (In Persian).
- Mirhosseini, S. Z., M. Ghanipoor, A. Shadparvar, and K. Etebari. 2005. Selection indices for cocoon traits in six commercial silkworm (*Bombyx mori* L.) lines. *The Philippine Agricultural Scientist*, 88: 328 - 336.
- Mirhosseini, S. Z., S. Nematollahian, M. Ghanipoor, and A. Seidavi. 2010. Comparison of phenotypic and genetic performance of local silkworm groups and two commercial lines. *Biological Research*, 43: 411-416.
- Nagaraju, J. 2002. Application of genetic principles for improving silk production. *Current Science*, 83: 409-414.
- Nematollahian, S., P. Barzin, S. Z. Mirhosseini, M. Naserani, and A. R. Seidavi. 2013. Estimation of genetic parameters and improvement in the silkworm cocoon weight and shell cocoon weight traits using different goals of individual selection. *Novin Genetic*, 8(1):11-18. (In Persian)
- Rahmathulla, V. K., R. Tilak, and R. K. Rajan. 2006. Influence of moisture content of mulberry leaf on growth and silk production in *Bombyx mori* L. *Caspian Journal of Environment Science*, 4 (1): 25-30.
- Rao, P. R. M., V. Premalatha, S. Ravindra, K. Vijayaraghavan, and R. Singh. 1997. Variability studies in some pure races and F1 hybrids of the silkworm *Bombyx mori* L. *Environment and Ecology*, 15: 3, 683-687.
- Rudolf-Pilih, K., M. Petkovšek, J. Jakše, N. Štajner, J. Murovec, and B. Bohanec. 2019. Proposal of a new hybrid breeding method based on genotyping, inter-pollination, phenotyping and paternity testing of selected elite F<sub>1</sub> hybrids. *Frontiers in Plant Science*, 10:1111.
- Seidavi, A. R., S. Z. Mirhosseini, A. R. Bizhannia, and M. Ghanipoor. 2008. Effect of parents' selection on the basis of cocoon weight on reproduction and resistance characters at lines of silkworm *Bombyx mori* L. Pajouhsh and Sazandegi, 78: 95-102. (In Persian)
- Seidavi, A. R., and M. R. Goldsmith. 2014. Comparison of phenotypic value changes in pure lines of *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae) during consecutive generations following initial selection on cocoon weight. *Journal of Insect Science*, 14(1):1-6.

16. Shivkumar, M. N., E. Ramya, E. Talebi, and G. Subramanya. 2018. Selection response for the expression of quantitative traits in the mulberry silkworm *Bombyx mori* L. International Journal of Current Microbiology and Applied Science. 7(11): 3456-3474.
17. Singh, T., M. Mohan Bhat, and M. Ashraf Khan. 2011. Critical analysis of correlation and heritability phenomenon in the silkworm, *Bombyx mori* (Lepidoptera: bombycidae). Advances in Bioscience and Biotechnology, 2:347-353.
18. Sudhakara Rao, S. P., R. K. Datta, K. M. Vijaya Kumari, and K. M. Ramesh Babu. 2002. Breeding resource materials of silkworm *Bombyx mori* L., adaptive to tropical climates. International Journal of Industrial Entomology, 4(2):109-115.
19. Zamani, P., M. Ghanipoor, S. Z. Mirhosseini, R. Abdoli, and A. Seidavi. 2019. Comparison of different selection strategies for mulberry silkworm, *Bombyx mori*. International Journal of Tropical Insect Science, 39: 139-145.
20. Zhao Y., K. Chen, and S. He. 2007. Key principles for breeding spring-and-autumn using silkworm varieties: from our experience of breeding 873×874. Caspian Journal of Environment Science, 5 (1): 57-61.



## Rejuvenation and Multiple-Trait Selection in the Five Chinese-Shape of Parental Silkworms

Moineddin Mavvajpoor<sup>1</sup>, Seyed Ziaeddin Mirhosseini<sup>2</sup>, Seyed Hossein Hosseini Moghaddam<sup>3\*</sup>, Shahla

Nematollahian<sup>4</sup>, Farjad Rafiee<sup>5</sup>, Navid Ghavi Hossein-Zadeh<sup>6</sup>, Yuosof Kheirkhah<sup>7</sup>

Submitted: 09-08-2020

Accepted: 30-05-2021

Mavvajpoor, M., S. Z. Mirhosseini, S. H. Hosseini Moghaddam, Sh. Nematollahian, F. Rafiee, N. Ghavi Hossein-Zadeh and Y. Kheirkhah. 2021. Rejuvenation and Multiple-Trait Selection in the Five Chinese-Shape of Parental Silkworms. Iranian Journal of Animal Science Research 13(3):463-474.

**Introduction** Introducing new commercial lines is one of the goals of silkworm breeding centers in the world. Iran has the potential to introduce new lines for hybrid silkworm production due to its silkworm genetic resources and silkworm egg production technology. The performance of productive, reproductive and viability traits in the parental silkworms, including Japanese-shaped and Chinese-shaped lines, changes after several years for various reasons, including inbreeding. Therefore, after a few years, it is necessary to introduce new silkworm strains. Most silkworm breeding schemes in most of the countries are based on the introduction of the Chinese and Japanese-shaped lines to make commercial silkworm hybrid.

**Material and Methods** Five Japanese - shape lines of silkworms named 31, 103, 151, 153, and 1524 were selected from silkworm germplasm of Iran Silk Research Center in the spring of 2012. All genetic combinations obtained by using the diallel method of mating system (20 crosses) were reared in autumn 2012 and spring 2013. After two generations of mass rearing in each genetic combination, the reciprocal crosses in the diallel design were mixed to establish the basic generation of this breeding scheme. The selection program was based on independent culling levels (I.C.L.) method applied from 2014 to 2019 in the selected group. At the same time, all parental lines were reared as control by using a random mating system. Of the 10 genetic compounds, six combinations were retained and the rest were rejected. In this breeding program, due to the necessity of eliminating weak families, family selection, and individual selection were both used simultaneously. In the present study, the productive traits of cocoon weight, cocoon shell percentage, good cocoon percentage, number of cocoons per liter, and cocoon weight per liter were compared simultaneously in the genetic combinations and control lines. Two-factor analysis of variance (including 6 genotypes and 5 years) was performed in a completely randomized design with six replications; then the results were analyzed using SAS statistical software.

**Result and Discussion** In general, the effects of genotype, year and interaction effect of genotype and year were significant for all studied traits. Based on the average performance of each trait during selection program from 2016 to 2019 years (average performance of G2, G3, G4 and G5 generations), the cocoon weight in the combinations of

1- MSc, Researcher of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.

2- Professor, Department of Animal Science and Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.

3- Associate professor, Department of Animal Science and Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.

4- MSc, Research Instructor, Academic staff of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.

5- Assistant professor, Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.

6- Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.

7- Researcher of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.

(\*- Corresponding author email: hosseini@guilan.ac.ir)

DOI:10.22067/ijasr.2021.38311.0

IRA1, IRA11 and IRA7 was more than the parental lines. This advantage was also seen in the trait of cocoon weight per liter. For the cocoon shell percentage, none of the genetic combinations in all the studied years were completely superior to parents. The response to selection for cocoon weight based on deviation from the maternal control line in IRA5 and IRA1 was positive and significant. The two genetic compounds, IRA1 and IRA3, whose parent was 103, had the highest genetic progression for cocoon shell percentage. Due to the superiority of the good cocoons percentage in IRA1, this genetic combination performed well in terms of cocoon economic traits. IRA9, whose cocoon weight gain was lower than the others, not only did not show any improvement in cocoon shell weight compared to the parent during these years, but also showed the lowest amount compared to other genetic combinations.

**Conclusion** The six new genetic compounds in this breeding program had the minimum requirements for the economically important traits of the silkworm. In other words, cocoon-related characteristics such as cocoon weight, good cocoon percentage of each family, and cocoon size are superior to all parental lines, then they could introduce to the silkworm gene bank. IRA1 was superior to parents in most of the studied traits. This genetic combination showed the best performance compared to the parent for both cocoon weight and cocoon shell percentage. Therefore it can be considered more in subsequent evaluations. IRA3 also responded relatively well. Other new genetic combinations did not have a significant advantage over their parents in terms of cocoon shell percentage. However, lower performance in some traits is not a reason for the new strain to be undesirable. Because the selection of the best paternal and maternal lines (Chinese-shaped and Japanese-shaped lines) will be determined after that the hybridization program was carried out to produce all hybrids and then the best hybrids were selected based on estimation of specific combining ability for all important traits.

**Keywords:** Genetic combinations, Independent culling levels method, Random mating, Selection, Silkworm.