مقاله علمی پژوهشی/نشریه پژوهش‌های علوم دامی/ جلد ۳۱ شماره ۴/ سال ۱۴۰۰/ صفحات ۷۳ تا ۸۸

DOI: 10.22034/AS.2022.43987.1600

ارزیابی انتخاب مرغ‌های بومی اصلاح شده فارس با رویکرد بررسی هم‌خونی

صابر جلوخانی نیارکی[1] و شعله قربانی[1*]

تاریخ دریافت: ۹۹/۱۰/۲٤ تاریخ پذیرش: ٤۰۰/۱۱/۲۰

[1] استادیار بخش پژوهش های بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

*مسئول مکاتبه: Email: sholehghorbani@gmail.com

چکیده

زمینه مطالعاتی: ارزیابی پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات اقتصادی مرغ‌های بومی جهت ادامه عملیات اصلاح نژادی از اهمیت بالایی برخوردار است. **هدف**: این پژوهش به منظور پایش هم‌خونی و ارزیابی اثرات آن بر روی برخی از صفات اقتصادی در جمعیت مرغ بومی اصلاح شده فارس بر اساس اطلاعات شجره ۲۵ نسل با استفاده از مدل‌های مختلف انجام شد. **روش کار**: در پژوهش حاضر، ابتدا ضرایب هم‌خونی فردی و مادری تمام پرندگان (٦۳۲٥۰ پرنده) با استفاده از برنامه CFC برآورد گردید. سپس میزان تابعیت صفات از هم‌خونی فردی و مادری از طریق نرم افزار Wombat و روش حداکثر درستنمایی محدود شده با استفاده از شش مدل مختلف محاسبه شد. مدل مناسب برای هر صفت از طریق آزمون نسبت درستنمایی (LRT) و معیارهای اطلاعات اِکایک (AIC) و بیزی (BIC) انتخاب گردید. **نتایج**: تعداد ٤۰۱۸٤ پرنده هم‌خون بودند و میانگین هم‌خونی فردی و مادری در طی ۲۵ نسل نسبتاً پایین بود. میانگین هم‌خونی پرندگان، تقریباً برابر با دو درصد و در پرندگان هم‌خون، چهار درصد برآورد شد. بیشترین تعداد پرندگان هم‌خون در گروه هم‌خونی بین صفر تا پنج درصد (٤۷/۷۲ درصد) و بین پنج تا ده درصد (۱٥/٤۸ درصد) قرار گرفتند. بیشترین تأثیر هم‌خونی بر روی صفات وزن بدن در ۸ و۱۲ هفتگی مشاهده شد، به طوری که به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۱۲ هفتگی به میزان ۲/۱٤ گرم و در ۸ هفتگی به میزان ۱/۰۷ گرم کاهش می‌یابد. یک درصد افزایش هم‌خونی فردی سبب افزایش بلوغ جنسی به مقدار ۰/۳۸ روز شد. اثر پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات تخم‌مرغ شامل تعداد تخم‌مرغ، وزن اولین تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ ناچیز برآورد شد. **نتیجه گیری نهایی**: هم‌خونی جمعیت با یک شیب نسبتاً ملایم و در سطحی قابل قبول رو به افزایش بوده است. نتایج نشان داد که برنامه‌های انتخاب پرندگان برتر در ایستگاه در طی نسل‌ها به لحاظ حفظ تنوع ژنتیکی و هم‌خونی حداقل، در مسیر صحیح خود پیش رفته است.

واژگان کلیدی: انتخاب، فارس، مدل، مرغ بومی، هم‌خونی

مقدمه

در کشورهای در حال توسعه، مرغ‌های بومی اغلب تحت سیستم زباله‌خواری سنتی توسط کشاورزان خرده‌پا پرورش می‌یابند (دستا و همکاران ۲۰۱۳ و ماگوته و همکاران ۲۰۱۲). مرغ‌های بومی به دلیل تحمل در برابر بیماری‌های شایع طیور و نوسانات کمی و کیفی خوراک، در این مناطق محبوبیت داشته و پرورش آنها با حداقل هزینه و یا حتی بدون هیچگونه هزینه‌ای انجام‌پذیر است (دستا و واکیو ۲۰۱۲). از طریق اعمال تغییراتی در تغذیه، روش پرورش و مسایل بهداشتی مرغ‌های بومی، می‌توان

عملکرد آنها را بهبود بخشید. از طرفی می‌توان بهبود ژنتیکی جمعیت مرغ‌های بومی را از طریق برنامه‌های اصلاح نژادی از قبیل انتخاب، آمیخته‌گری و یا به کارگیری هر دو روش پیش برد. انتخاب پرندگان برتر در برنامه‌های اصلاح نژادی ممکن است زمانبر باشد، اما اجرای آن پیشرفت دائمی را سبب خواهد شد (پادهی ۲۰۱٦).

نگهداری مرغ بومی در مناطق روستایی ایران نیز همانند سایر کشورهای در حال توسعه از اهمیت بالایی برخوردار است. عمده روستاییان مرغ بومی را با هدف تأمین پروتئین مورد نیاز خود و یا کسب درآمد جانبی نگهداری می‌کنند. با توجه به تنوع ژنتیکی موجود در بین نژادهای مرغ بومی ایران، ایستگاه‌های پرورش مرغ بومی در استان‌های مختلف کشور با اهداف تکثیر و بهبود ژنتیکی این نژادها تأسیس شده‌اند. جمعیت‌های مرغ بومی در ایستگاه‌های کشور به شکل بسته پرورش یافته و انتخاب می‌شوند و هیچگونه جریان ژنی در این جمعیت‌ها وجود ندارد. زمانی که جمعیت‌ها بسته، کوچک و تحت انتخاب باشند، تنوع آللی و هتروزیگوسیتی ممکن است با سرعت از بین بروند (سلواگی و همکاران ۲۰۱۰). همانطور که جمعیت‌ها کوچکتر و به طور فزاینده‌ای ایزوله می‌شوند، تنوع ژنتیکی آنها به دلیل هم‌خونی و رانش ژنتیکی از بین می‌رود (فرانکل و سوله ۱۹۸۱ و لنده ۱۹۸۸). آمیزش اجتناب‌ناپذیر حیوانات خویشاوند در جمعیت‌های بسته که منجر به تجمع هم‌خونی و کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود، اثرات مخربی بر روی واریانس ژنتیکی افزایشی و ارزش‌های فنوتیپی دارد (فالکونر و مک کی ۱۹۹٦). هم‌خونی با افزایش هموزیگوسیتی همراه بوده و معمولاً کاهش شایستگی افراد جمعیت را به دنبال دارد که به آن پسروی ناشی از هم‌خونی اطلاق می‌گردد (ایرولس و همکاران ۲۰۰۹). پسروی ناشی از هم‌خونی در حیوانات اهلی می‌تواند به کاهش پاسخ انتخاب و پیشرفت ژنتیکی بالقوه در صفات اقتصادی منجر گردد (سلواگی و همکاران ۲۰۱۰).

اثرات مضر هم‌خونی ابتدا توسط چارلز داروین با جزئیات مستند شده و کمّی شده ارایه گردید، به طوری که او آزمایشاتی را بر روی ۵۷ گونه گیاهی که خودباروری و آمیزش دور بین افراد غیرخویشاوند را شامل می‌شدند، انجام داد (داروین ۱۸۷٦). با وجود اینکه از هم‌خونی می‌توان به عنوان یک ابزار ارزشمند در شناسایی و حذف آلل‌های مخرب مغلوب در جمعیت استفاده نمود، اما پیامدهای آن از قبیل کاهش بازده تولیدمثلی و میزان رشد، افزایش نرخ مرگ و میر و افزایش ظهور بیماری‌های وراثتی سبب پیدایش نگرانی‌هایی شده است (یادآو و همکاران ۲۰۱۹). با وجود اینکه که هم‌خونی عموماً کاهش شایستگی را سبب می‌گردد، اما اندازه و اثرات خاص آن به شدت متغیر بوده و وابسته به ساختار ژنتیکی گونه یا جمعیت‌ها و نحوه تعامل این ژنوتیپ‌ها با محیط می‌باشند (هدریک و کالینوسکی ۲۰۰۰). به عبارت دیگر، نژادها، جمعیت‌ها و صفات مختلف، پاسخشان به هم‌خونی متفاوت است. در برخی از جمعیت‌ها ممکن است اثر افزایش هم‌خونی برای یک صفت بسیار بارز باشد، در حالی که جمعیت‌های دیگر ممکن است تأثیر زیادی را نشان ندهند (آنالاّ و همکاران ۱۹۹۸). برای اینکه تنوع در یک سطح قابل قبول حفظ شود، میزان هم‌خونی باید محدود گردد، به طوری که وجود تنوع ژنتیکی اطمینان خواهد داد که حیوانات آینده قادر هستند به تغییرات در محیط و انتخاب پاسخ دهند. بدون تنوع ژنتیکی، حیوانات نمی‌توانند با این تغییرات سازگار شوند (ون وایک و همکاران ۲۰۰۹).

اساس ژنتیکی پسروی ناشی از هم‌خونی هنوز مورد بحث است. اگرچه پسروی ناشی از هم‌خونی موضوع محوری تحقیقات زیستی برای بیش از یک قرن بوده است، شناخت کمی در مورد اساس مولکولی آن وجود دارد. به طور مثال، اینکه چه تعداد مکان ژنی ممکن است در ایجاد پسروی ناشی از هم‌خونی دخیل باشند، یا اینکه ژن‌ها یا مسیرهای ژنی درگیر و نوع عمل آنها ناشناخته است (ایرولس و همکاران ۲۰۰۹).

از آنجایی که جمعیت اصلاح شده مرغ بومی فارس در طی نسل‌ها به شکل بسته پرورش یافته و برای صفات اقتصادی مهم تحت انتخاب قرار دارند، ممکن است ضرایب هم‌خونی آنها افزایش یافته و سبب کاهش کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی شوند. بنابراین، ضروری است که هم‌خونی جمعیت اصلاح شده و همچنین اثرات آن بر روی صفات تحت انتخاب پایش گردد. هدف از انجام این پژوهش پایش میزان هم‌خونی و ارزیابی اثرات احتمالی آن بر روی برخی از صفات مهم اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح شده فارس بر پایه اطلاعات شجره ایستگاه در طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۷ (۲۵ نسل) با استفاده از مدل‌های مختلف می‌باشد.

مواد و روش‌ها

به منظور برآورد میزان هم‌خونی و ارزیابی اثرات آن بر روی برخی از صفات اقتصادی مهم از داده‌های شجره ۶۳۲۵۰ پرنده که طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۷ (۲۵ نسل) در ایستگاه اصلاح‌نژادی مرغ بومی فارس جمع‌آوری و ثبت شده‌اند، استفاده گردید. بدین منظور، ابتدا داده‌های شجره و صفات تولیدی و تولیدمثلی با نرم افزار Foxpro و Excell ویرایش گردید و سپس فایل‌های مورد نیاز برای تجزیه و تحلیل آماده‌سازی شدند. در ویرایش داده‌ها، برخی داده‌های پرت که تعداد آنها بسیار محدود بود و همچنین داده‌های خارج از دامنه ($\mu \pm 3\sigma$) حذف شدند. شجره پرندگان از ترکیب شماره فرد جنس و سال تولد آنها به صورت ترکیبی ساخته شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن بدن در یک روزگی، هشت هفتگی و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ در ۸۴ روز اول تولید، وزن اولین تخم‌مرغ، میانگین وزن تخم‌مرغ در ۲۸-۳۰-۳۲ هفتگی بودند. همچنین، اثر عوامل مختلف از جمله اثر ثابت نسل ـ نوبت جوجه‌کشی (GH) برای تمام صفات مورد بررسی و اثر ثابت جنس موثر بر صفات وزن بدن در یک روزگی، وزن بدن در هشت و ۱۲ هفتگی و متغیر کمکی تعداد روزهای رکوردگیری موثر بر تعداد تخم مرغ با استفاده از رویه GLM نرم افزار SPSS (ورژن ۱۶) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت و اثر معنی‌داری هر یک از آنها آزمون گردید و سپس عوامل معنی‌دار در مدل نهایی قرار داده شد.

هدف از اصلاح نژاد مرغ بومی فارس در ایستگاه، بهبود صفات مرتبط با رشد و تخمگذاری می‌باشد و انتخاب پرندگان در هر نسل بر اساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برخی از صفات اقتصادی به روش تجزیه و تحلیل چند صفتی صورت می‌گیرد. اطلاعات شجره‌ای جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی فارس در جدول ۱ آورده شده است.

Table 1- Pedigree information of Fars native fowl population

Pedigree	Number
No. of total birds	63250
Inbred birds	40184
Sires	2782
Dams	14855
Birds with offspring	17637
Birds without offspring	47631
No. generations	25
Full-sib groups	12247

در پژوهش حاضر، ابتدا ضرایب هم‌خونی تمام پرندگان با استفاده از برنامه CFC (سرگلزایی و همکاران ۲۰۰٦) برآورد گردید. ضرایب هم‌خونی برآورد شده در هفت دسته مختلف هم‌خونی صفر، صفر تا ۵ درصد، ۵ تا ۱۰ درصد، ۱۰ تا ۱۵ درصد، ۱۵ تا ۲۰ درصد، ۲۰ تا ۲۵ درصد و ۲۵ تا ۳۰ درصد گروه‌بندی شدند. پس از محاسبه ضرایب هم‌خونی پرندگان موجود در شجره، تغییرات میانگین هم‌خونی در طی سال‌های مورد مطالعه بر اساس نسل بررسی و میزان تغییرات سالانه هم‌خونی از طریق برازش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل توسط نرم افزار SPSS برآورد گردید.

به منظور محاسبه میزان تابعیت صفات از هم‌خونی فردی و مادری از نرم افزار Wombat (می یر ۲۰۰۷) و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از شش مدل مختلف استفاده گردید. ضرایب هم‌خونی فردی و مادری نیز به عنوان متغیر کمکی در مدل لحاظ شدند. در این پژوهش، از بین شش مدل آماری در نظر گرفته شده برای هر صفت، نهایتاً مدل مناسب برای هر یک از آنها از طریق سه روش آزمون نسبت درستنمایی (LRT)، شاخص اطلاعات اِکایک (AIC) و شاخص اطلاعات بیزی (BIC) ارزیابی و انتخاب گردید. در آزمون LRT، مدلی که مقدار لگاریتم درســتنمایی آن بیشترین بود به عنوان مدل مبنا انتخاب شد. سپس به منظور ارزیابی تفاوت معناداری مدل‌ها، $\chi 2$ با استفاده از تفاوت لگاریتم درستنمایی به صورت زیر برآورد گردید (لوئیس و همکاران ۲۰۱۱):

$\chi 2 = -۲$(Log likelihood مدل مورد نظر - Log likelihood مدل حداکثر)

مقدار $\chi 2$ محاسبه شده برای تمام مدل‌ها با $\chi 2$ جدول مقایســه گردید. به طور کلی مدلی که مقدار لگاریتم درستنمایی آن بیشترین باشد، به عنوان مناسبترین مدل انتخاب می‌شود، اما در صورت معنی داری شدن $\chi 2$ آن بر مدل دیگر از نظر آماری برتری دارد. در روش دوم و سوم، مدلی که دارای حداقل شاخص BIC (شورز ۱۹۷۸) و شاخص AIC (اِکایک ۱۹۷٤) بود به عنوان مناسبترین مدل انتخاب شد. شاخص اطلاعات AIC و بیزی به روش زیر محاسبه شدند (فیشر و همکاران ۲۰۰٤):

$$AIC = -2\,(\text{Log } L) + 2p$$
$$BIC = -2\,(\text{Log } L) + p*\text{Log}(N - r(X))$$

Log L لگاریتم درست نمایی، P تعداد پارامتر مدل، N شمار رکوردها و r(X) رتبه ماتریس X را نشان می‌دهند. در مطالعه حاضر، میزان تابعیت صفات از هم‌خونی فردی و مادری بر اساس مناسبترین مدل برای هر صفت برآورد گردید. مدل‌های استفاده شده در این پژوهش به صورت زیر می‌باشند:

مدل (۱)		$y = Xb + Z_1a + e$
مدل (۲)		$y = Xb + Z_1a + Z_3c + e$
مدل (۳)	$Cov\ (a,m) = 0$	$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e$
مدل (٤)	$Cov\ (a,m) \neq 0$	$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e$
مدل (٥)	$Cov\ (a,m) = 0$	$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$
مدل (٦)	$Cov\ (a,m) \neq 0$	$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$

y بردار مشاهدات برای صفات مورد مطالعه و b بردار اثرات ثابت و متغیرهای همراه (شامل اثر ثابت نسل ـ نوبت جوجه کشی (GH) مؤثر بر تمام صفات و اثر جنس مؤثر بر صفات وزن بدن (یک روزگی، هشت و دوازده

هفتگی) و متغیر کمکی تعداد روزهای رکوردگیری مؤثر بر صفت تعداد تخم‌مرغ) است. a بردار اثرات ژنتیکی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و c بردار اثرات محیطی مشترک مادری بوده و همچنین X، Z1، Z2 و Z3 به ترتیب ماتریس‌های ضرایب هستند که اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیطی مشترک مادری را به مشاهدات مربوط می‌کنند. در این مدل‌ها، e بردار اثرات باقیمانده و Cov(a,m) کواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری می‌باشند.

نتایج و بحث

در پژوهش حاضر به منظور بررسی اثرات پسروی ناشی از هم‌خونی بر هشت صفت تولیدی و تولیدمثلی جمعیت مرغ بومی اصلاح شده فارس، داده‌های شجره ۲۵ نسل شامل ۱۳۳۵۸ پرنده نر و ۴۹۸۹۱ پرنده ماده تجزیه و تحلیل شدند. میانگین صفات وزن بدن در یک روزگی، هشت هفتگی و دوازده هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن اولین تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ به ترتیب برابر با ۳۴/۵۵، ۵۹۲/۴۸، ۹۰۹/۱۶، ۱۵۷/۳۰، ۱۵۳۸/۲۶، ۵۰/۷۲، ۳۷/۱۳ و ۴۶/۶۲ برآورد شدند (جدول ۲).

Table 2- Descriptive statistics of studied traits in Fars native fowl population

Traits	AEW (g)	EW1 (g)	EN (number)	WSM (g)	ASM (day)	BW12 (g)	BW8 (g)	BW1 (g)
No. records	45804	45826	47376	46848	47305	60485	48846	43134
Mean	46.62	37.13	50.72	1538.26	157.30	909.16	592.48	34.55
Sd	4.77	5.69	15.69	216.41	19.37	191.37	114.23	3.54
Minimum	30.36	20	1	1000	103	300	200	20
Maximum	79.20	73	115	2600	268	1900	1100	53.60
Coefficient of variation (%)	10.22	15.31	30.94	14.07	12.32	21.05	19.28	10.26

AEW: average egg weight at 28th, 30th, 32nd weeks, EW1: egg weight at first day of laying, EN: egg number, WSM: weight at sexual maturity, ASM: age at sexual maturity, BW12: body weight at 12 weeks of age, BW8: body weight at 8 weeks of age, BW1: body weight at 1 day of age.

تجزیه و تحلیل شجره نشان داد که از تعداد کل پرندگان شجره، ۴۰۱۸۴ پرنده هم‌خون بودند. به طور کلی میانگین هم‌خونی فردی و مادری در طی ۲۵ نسل نسبتاً پایین بود و تغییرات زیادی نشان نداد. همچنین میانگین هم‌خونی فردی و مادری نیز در طی نسل‌ها تفاوت زیادی با یکدیگر نداشتند. نتایج نشان داد که میانگین هم‌خونی تمام پرندگان شجره، تقریباً برابر با دو درصد و در پرندگان هم‌خون، چهار درصد می‌باشد. میانگین هم‌خونی فردی و مادری در طی نسل‌های مختلف در جدول ۳ آورده شده است.

همانطور که در شکل ۱ نمایش داده شده است، به طور متوسط از نسل پنج به بعد، روند تغییرات میانگین هم-خونی (فردی و مادری) پرندگان در تمام جمعیت، افزایشی می‌باشد. در چهار نسل اول، میزان هم‌خونی جمعیت صفر برآورد گردید که ممکن است از نامشخص بودن اطلاعات شجره در نسل‌های ابتدایی ناشی گردد. مطالعات مختلف نشان داده‌اند که برآورد صحیح هم-خونی به شدت وابسته به اطلاعات شجره می‌باشد. نتایج پژوهش بر روی سویه‌های مرغ تخمگذار نشان داد که اطلاعات شجره، برآورد هم‌خونی در نسل‌های اول را تحت تأثیر قرار داد (سواچکوفسکی و همکاران ۲۰۰۳).

همچنین در پژوهشی دیگر کسل و همکاران (۲۰۰۳) گزارش کردند که استفاده از شجره ناقص در برآورد میانگین هم‌خونی سبب کاهش میانگین برآورد هم‌خونی و واریانس این برآوردها در گاوها می‌شود. از نسل پنج تا هشت میزان هم‌خونی فردی و مادری جمعیت بسیار ناچیز بود. میزان افزایش هم‌خونی در کل جمعیت در هر نسل از طریق برازش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل ۰/۰۲± ۰/۰۰۳ برآورد گردید. در پژوهشی که بر روی مرغ بومی تایلند انجام شد، محققین افزایش ضریب هم-خونی به میزان ۰/۰۹ درصد در هر سال را گزارش کردند (تانگسیری و همکاران ۲۰۱۹).

Table 3- Mean changes of individual and maternal inbreeding in different generations

Generation	*Total number of birds*	*Mean maternal inbreeding*	*Mean individual inbreeding*
1	1345	0	0
2	1738	0	0
3	1658	0	0
4	3293	0	0
5	3653	0	0.0006
6	2563	0.0006	0.0006
7	2896	0.0006	0.0007
8	2745	0.0006	0.0021
9	2818	0.0020	0.0070
10	3005	0.0048	0.0116
11	2987	0.0118	0.0265
12	2374	0.0251	0.0349
13	3027	0.0350	0.0106
14	2099	0.0350	0.0239
15	2962	0.0231	0.0199
16	2607	0.0205	0.0221
17	2619	0.0218	0.0361
18	2616	0.0352	0.0311
19	2511	0.0299	0.0336
20	2445	0.0336	0.0413
21	2484	0.0411	0.0487
22	1947	0.0491	0.0513
23	2358	0.0510	0.0582
24	2014	0.0577	0.0611
25	2484	0.0609	0.0671
	Mean	0.022	0.024

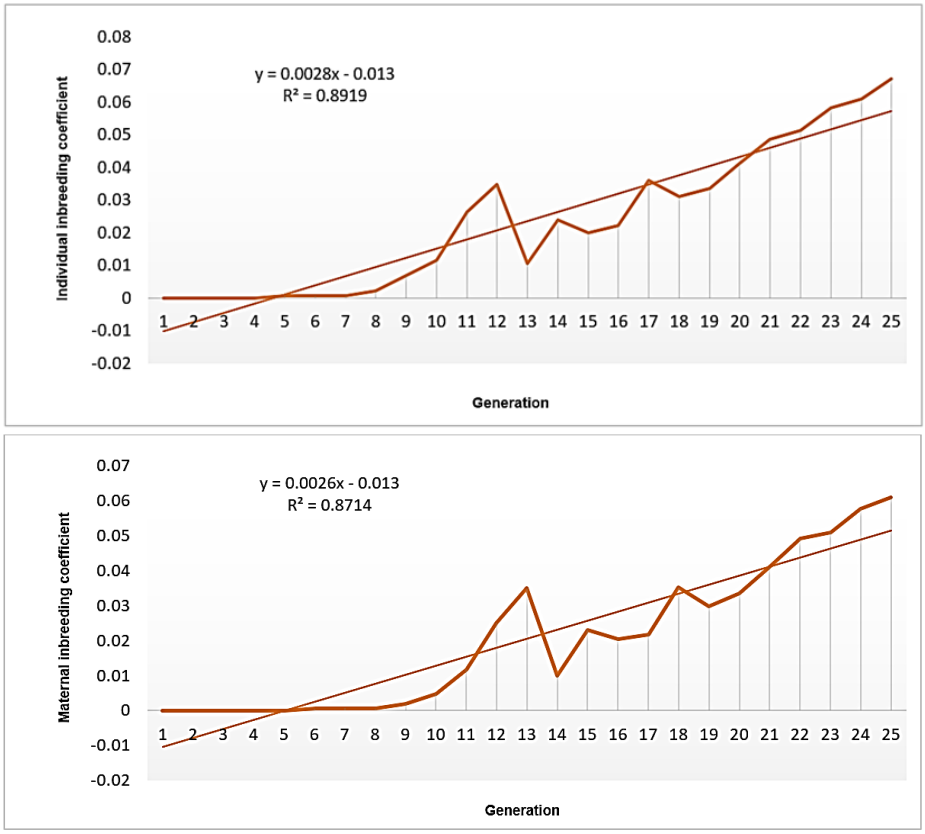

Figure 1- The trend of individual and maternal inbreeding changes over 25 generations

تفکیک پرندگان جمعیت در گروه‌های مختلف هم‌خونی نشان داد که ۳۶/۵۷ درصد (۲۳۰۶۶ پرنده) از پرندگان غیرهم‌خون هستند. دلایل احتمالی وجود این تعداد پرنده غیرهم‌خون ممکن است انجام آمیزش‌های برنامه‌ریزی شده و یا نامشخص بودن برخی از پرندگان والد در جمعیت باشد. روند توزیع پرندگان در گروه‌های مختلف هم‌خونی نشانگر آن است که میزان هم‌خونی جمعیت پایین می‌باشد، به طوری که بیشترین تعداد پرندگان هم-خون در گروه هم‌خونی بین صفر تا پنج درصد (۴۷/۷۲ درصد) و بین پنج تا ۱۰ درصد (۱۵/۴۸ درصد) قرار گرفته‌اند. توزیع باقی پرندگان هم‌خون جمعیت به صورت ۰/۲۵ درصد در گروه هم‌خونی بین ۱۰ تا ۱۵ درصد، ۰/۰۶ درصد در گروه هم‌خونی بین ۱۵ تا ۲۰ درصد، ۰/۰۳ در گروه هم‌خونی بین ۲۰ تا ۲۵ درصد و ۰/۰۰۳ درصد در گروه هم‌خونی بین ۲۵ تا ۳۰ درصد می‌باشد. نتایج نشان می‌دهد که تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در طی نسل‌های متوالی، نسبتاً مشابه هستند. با وجود اینکه تعداد پرندگان هم‌خون گله بالا است، مقدار هم‌خونی نسبتاً پایین می‌باشد که نشان از برنامه‌ریزی دقیق آمیزش‌ها در جمعیت ایستگاه است. از آنجایی که جمعیت ایستگاه تحت انتخاب قرار دارد و سیستم آمیزشی جهت حداقل نمودن هم‌خونی جمعیت اجرا می‌شود، لذا همانطور که انتظار میرفت میزان هم‌خونی در سطح نسبتاً مناسب در جمعیت برآورد شد. نتایج پژوهش کمالی و همکاران (۲۰۰۷) بر روی اطلاعات شجره مرغ بومی فارس (۲۱۲۴۵ پرنده) در طی هشت نسل که تحت انتخاب متوالی قرار داشتند نشان داد که میزان هم‌خونی جمعیت پایین می‌باشد. همچنین در مطالعه‌ای دیگر بر روی داده‌های شجره مرغ بومی اصلاح شده مازندران در طی ۲۶ نسل نشان داده شد که میزان هم‌خونی نسبتاً پایین بوده و با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (قربانی و عمرانی ۱۳۹۹).

اهمیت وجود تنوع ژنتیکی در جمعیت بارها توسط محققین مختلف مورد توجه قرار گرفته است. به عنوان مثال، موبر و همکاران (۲۰۰۸) به اهمیت وجود تنوع ژنتیکی کافی در شرکت‌ها یا در خطوط مرغ تجاری برای تولید گوشت و همچنین تولید تخم‌مرغ با رویکرد موفقیت صنعت آینده طیور اشاره نموده‌اند. همچنین کانیگ و همکاران (۲۰۱۰) در خصوص مرغ‌های تخمگذار اینطور بیان داشته‌اند که به دلیل افزایش مداوم هم‌خونی به طور متوسط ۰/۹۵ درصد در هر نسل در جمعیت، ابزارهای انتخاب بایستی هر دو جنبه پیشرفت ژنتیکی و روابط ژنتیکی را در طولانی مدت در نظر بگیرند. بنابراین همانطور که مشخص است انجام آمیزش‌های برنامه-ریزی شده در جمعیت با در نظر گرفتن روابط خویشاوندی ضروری می‌باشد.

روند ژنتیکی و فنوتیپی پنج صفت تحت انتخاب شامل وزن بدن در هشت و دوازده هفتگی، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ در شکل‌های ۲ و ۳ نشان داده شده است. همانطور که در شکل ۲ مشخص است، روند ژنتیکی صفات تحت انتخاب با یک شیب نسبتاً ملایم افزایش یافت. به طور کلی نتایج نشان می‌دهد که در طی نسل‌های مورد مطالعه، صفات تحت انتخاب به لحاظ ژنتیکی بهبود پیدا کردند. ارزیابی روند فنوتیپی صفات تحت انتخاب نیز نشان داد که روند فنوتیپی صفات به طور کلی مثبت می‌باشد. با توجه به اینکه پیشرفت ژنتیکی قابل توجهی در صفات تحت انتخاب مشاهده شد و میزان هم‌خونی جمعیت نیز نسبتاً پایین برآورد گردید، استنباط می‌شود که هم‌خونی تاثیر منفی بر روی روند پیشرفت ژنتیکی جمعیت نداشته است (شکل ۳).

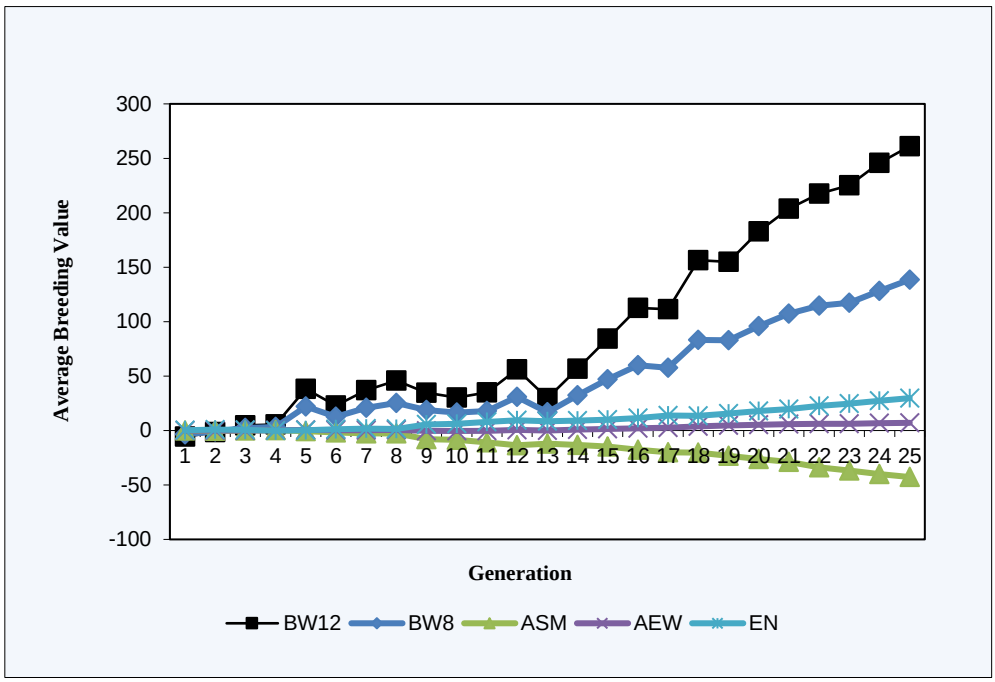

Figure 2- The Genetic trend of the studied traits in Fars native fowl population

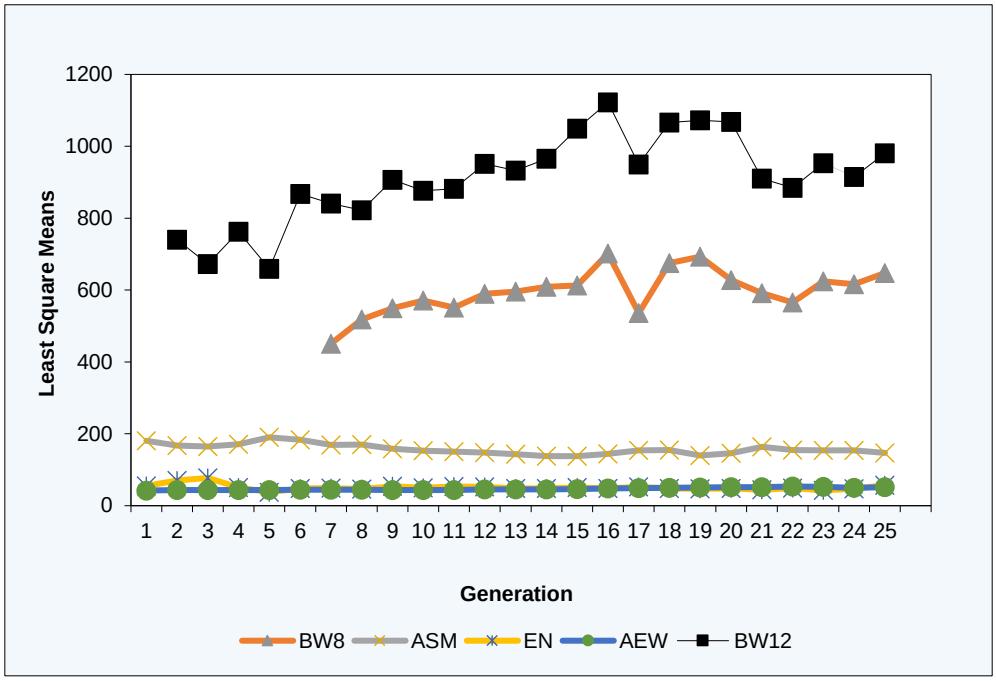

Figure 3- The phenotypic trend of the studied traits in Fars native fowl population

به منظور افزایش دقت مناسبترین مدل جهت پیش بینی ارزش های اصلاحی هر صفت، از سه روش مختلف LRT، AIC و BIC استفاده شد. نتایج نشان داد که بین روش‌های مورد استفاده در انتخاب مناسبترین مدل برای هر صفت تفاوتی وجود ندارد (جدول ٤). در پژوهش انجام شده در خصوص مقایسهٔ مدل‌های تابعیت تصادفی لژاندر و بی‌اسپلاین در برآورد اجزای واریانس میانگین وزن تولد بره‌ها در هر زایش در گوسفند مهربان پژوهشگران نشان دادند که هر دو روش AIC و BIC مدلی را که در آن توابع بی اسپلاین درجهٔ دو، خطی و درجهٔ دو، به ترتیب برای رگرسیون ثابت و رگرسیون‌های تصادفی برازش شدند، به عنوان مناسبترین مدل انتخاب کردند (زمانی و همکاران ١٣٩٤). در مطالعه دیگری که بر روی مدل‌سازی و برازش مدل منحنی رشد بلدرچین ژاپنی تحت شرایط تغذیه‌ای متفاوت انجام شد، پژوهشگران از هر دو روش برای برازش سه مدل رشد غیر خطی مختلف شامل Bertalanffy، Gompertz و Logistic استفاده کردند. نتایج آنها نشان داد که هر دو روش AIC و BIC مدل Logistic را به عنوان مناسبترین مدل انتخاب کردند (دودوسولا و همکاران ٢٠١٩).

همانطور که در جدول ٥ نمایان است، مقایسه شش مدل مختلف در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه نشان داد که مدل ٥ مناسبترین مدل برای صفات وزن بدن در یک روزگی، هشت هفتگی و ١٢ هفتگی می‌باشد. همچنین مدل ٦ مناسبترین مدل برای صفات سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم‌مرغ در ٢٨-٣٠-٣٢ هفتگی می‌باشد. مدل ٢ نیز مناسبترین مدل برای صفت وزن بلوغ جنسی و مدل ٤ مناسبترین مدل برای صفات تعداد تخم‌مرغ در ٨٤ روز اول تولید و وزن اولین تخم‌مرغ می‌باشد.

Table 4- Results of model fitting to studied traits based on LRT (A), AIC (B) and BIC (C) methods

A

Traits	*Model*					
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**
BW1	-62641.10	-56344.91	-56170.53	-56168.76	-55977.94	-55977.94
BW8	231196.49	-231127.31	-231128.37	-231128.26	-231115.04	-231115.04
BW12	-308968.37	-308910.63	-308910.46	-308908.87	-308899.29	-308898.81
ASM	-142195.13	-142157.46	-142150.44	-142090.17	-142144.63	-142081.49
WSM	-261556.61	-261549.23	-261551.46	-261551.36	-261548.44	-261548.08
EN	-126439.26	-126438.38	-126438.16	-126432.69	-126437.96	-126432.48
EW1	-94697.10	-94693.59	-94693.14	-94664.76	-94691.94	-94662.83
AEW	-74075.22	-74052.28	-74053.16	-74044.02	-74046.54	-74034.58

B

Traits	*Model*					
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**
BW1	-62643.10	-56347.91	-56186.53	-56190.10	-55981.94	-55982.94
BW8	-231198.49	-231130.31	-231131.37	-231132.26	-231119.03	-231120.03
BW12	-308970.37	-308913.63	-308913.46	-308912.87	-308903.29	-308903.82
ASM	-142197.13	-142160.46	-142153.44	-142094.17	-142148.63	-142086.49
WSM	-261558.61	-261552.22	-261554.46	-261555.36	-261552.44	261553.08
EN	-126441.26	-126441.38	-126441.16	-126436.69	-126441.96	-126437.48
EW1	-94699.10	-94696.59	-94696.14	-94668.76	-94695.94	-94667.83
AEW	-74077.22	-74055.29	-74056.16	-74048.02	-74050.54	-74039.58

C

Traits	*Model*					
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**
BW1	-62651.77	-56360.91	-56186.53	-56190.10	-55999.28	-56004.61
BW8	-231207.28	-231143.50	-231144.56	-231149.85	-231136.63	-231142.03
BW12	-308979.37	-308927.14	-308926.97	-308930.89	-308921.30	-308926.33
ASM	-142205.89	-142173.60	-142166.58	-142111.70	-142166.15	142108.39
WSM	-261567.36	-261565.35	-261567.59	-261572.86	-261569.94	-261574.96
EN	-126459.99	-126454.47	-126454.25	-126454.15	-126459.42	-126459.30
EW1	-94707.83	-94709.68	-94709.23	-94686.22	-94713.40	-94689.66
AEW	-74085.95	-74068.38	-74069.25	-74065.48	-74068.00	-74061.41

BW1: body weight at 1 day of age, BW8: body weight at 8 weeks of age, BW12: body weight at 12 weeks of age, EW1: egg weight at first day of laying, EN: egg number, AEW: average egg weight at 28th, 30th, 32nd weeks, ASM: age at sexual maturity and WSM: weight at sexual maturity.

Table 5- Genetic parameters obtained based on the best model for the studied economic traits

Traits	*Model*	$h^2_a \pm SE$	$C^2 \pm SE$	$h^2_m \pm SE$
BW1	5	0.13±0.01	0.24±0.02	0.34±0.01
BW8	5	0.31±0.01	0.03±0.01	0.03±0.01
BW12	5	0.38±0.01	0.02±0.004	0.02±0.005
ASM	6	0.53±0.02	0.02±0.005	0.06±0.01
WSM	2	0.51±0.01	0.01±0.003	-
EN	4	0.17±0.01	-	0.02±0.005
EW1	4	0.28±0.02	-	0.03±0.005
AEW	6	0.59±0.02	0.02±0.004	0.02±0.005

BW1: body weight at 1 day of age, BW8: body weight at 8 weeks of age, BW12: body weight at 12 weeks of age, ASM: age at sexual maturity, WSM: weight at sexual maturity, EN: egg number, EW1: egg weight at first day of laying and AEW: average egg weight at 28th, 30th, 32nd weeks.

h^2_a: direct heritability, h^2_m: maternal heritability and c^2: maternal environmental variance as a proportion of phenotypic variance

ضرایب تابعیت صفات مورد مطالعه بر اساس یک درصد هم‌خونی در جدول ٦ آورده شده است. نتایج برآورد پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات مورد مطالعه نشان داد که بیشترین تأثیر هم‌خونی بر روی صفت وزن بدن در ۱۲ هفتگی می‌باشد، به طوری که به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۱۲ هفتگی – ۲/۱٤ گرم کاهش می‌یابد. همچنین به ازای هر یک درصد افزایش ضریب هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۸ هفتگی به میزان ۱/۰۷ گرم کاهش می‌یابد. پژوهشگران اثرات میزان هم‌خونی بر صفات اقتصادی مرغ بومی مازندران را مورد بررسی قرار دادند و گزارش کردند که به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی صفت وزن بدن در یک روزگی، ۸ و ۱۲ هفتگی به ترتیب ۰/۱۱، ۳/۱ و ۱/۳ گرم کاهش می‌یابد. همچنین در مطالعه آنها به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی مادری نیز صفت وزن بدن در یک روزگی، ۸ و ۱۲ هفتگی به ترتیب ۰/۰٦، ۰/٦ و ۳/٦ گرم کاهش می‌یابد (رحمانیان و همکاران ۲۰۱٤).

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که به ازای یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، بلوغ جنسی به میزان ۰/۳۸ روز افزایش می‌یابد. نتایج برخی از مطالعات در خصوص اثر افزایش هم‌خونی بر سن بلوغ جنسی بیانگر آن است که افزایش هم‌خونی اثر متفاوتی بر روی سن بلوغ جنسی در نژادهای مختلف دارد. به عنوان مثال، افزایش هم‌خونی منجر به افزایش سن بلوغ جنسی در نژاد لگهورن (سیولم و همکاران ۱۹۹۹) و کاهش سن بلوغ جنسی در سویه نیوهمشایر (سواچکوفسکی و همکاران ۲۰۰۳) می‌شود.

به طور کلی، نتایج تحلیل شجره نشانگر آن است که اثر پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات تخم‌مرغ شامل تعداد تخم‌مرغ، وزن اولین تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ ناچیز می‌باشد. بر اساس مطالعه سواچکوفسکی و همکاران (۲۰۰٤)، پسروی جزئی هم‌خونی برای صفات وزن بدن، متوسط وزن تخم‌مرغ، سن اولین تخمگذاری و درصد تخم‌های بارور گزارش شده است. در پژوهشی دیگر، عاملی و همکاران (۱۹۹۱) هم‌خونی تجمعی را در خطوط لگهورن سفید تجاری که تحت انتخاب قرار داشتند مورد مطالعه قرار دادند. بعد از ۲۳ نسل با اجتناب از آمیزش خواهر برادری تنی و ناتنی، ضریب هم‌خونی به طور متوسط ۰/۷ درصد در هر سال افزایش یافت و افزایش هم‌خونی همراه با کاهش تولید تخم‌مرغ به اندازه سه تخم‌مرغ در سال بود. همچنین در مطالعه‌ای دیگر، پسروی ناشی از هم‌خونی به ازای ۱۰ درصد افزایش هم‌خونی برای خطوط مختلف لگهورن و صفات مرتبط با تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم‌مرغ و وزن توده ای تخم‌مرغ مورد بررسی قرار گرفت. مقادیر پسروی ناشی از هم‌خونی کمتر از مقادیر افزایش پیشرفت ژنتیکی به ازای هر سال بود. محققین همچنین تفاوت‌هایی را در میزان ضرایب هم‌خونی و پسروی ناشی از آن و وراثت‌پذیری‌ها زمانی که خط نر و ماده را باهم مقایسه کردند، مشاهده نمودند (ساواس و همکاران ۱۹۹۹).

Table 6- Regression coefficients of studied traits on individual and maternal inbreeding percentage

Traits	*Individual inbreeding*	*Maternal inbreeding*
BW1	0.02±0.0002	-0.001±0.0001
BW8	-1.07±0.003	0.59±0.0006
BW12	-2.14±0.0002	0.07±0.0006
ASM	0.38±0.0002	-0.06±0.0003
WSM	0.27±0.0002	0.52±0.0003
EN	-0.07±0.0002	-0.01±0.0003
EW1	0.08±0.0002	-0.01±0.0002
AEW	-0.01±0.0006	0.03±0.0002

BW1: body weight at 1 day of age, BW8: body weight at 8 weeks of age, BW12: body weight at 12 weeks of age, ASM: age at sexual maturity, WSM: weight at sexual maturity, EN: egg number, EW1: egg weight at first day of laying and AEW: average egg weight at 28th, 30th, 32nd weeks.

پژوهش انجام شده بر روی سویه‌های مرغ تخمگذار سفید با هدف ارزیابی پاسخ به انتخاب برای صفات باروری و جوجه‌درآوری نشان داد که پسروی ناشی از هم‌خونی برای هیچکدام از صفات مشاهده نشد، که نشاندهنده آن است که انتخاب هرگونه اثرات منفی هم-خونی را جبران می‌کند (اشمیت و فیگوریدو ۲۰۰۵). زمانی که افزایش هم‌خونی خیلی سریع رخ ندهد، برخی شواهد نشان داده‌اند که اثر پسروی ناشی از آن ممکن است از طریق انتخاب کاهش یابد (اشمیت و فیگوریدو ۲۰۰۵ و گو ۱۹۹۳).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که هم‌خونی جمعیت مرغ-های بومی اصلاح شده ایستگاه فارس با یک شیب نسبتاً ملایم و در یک سطح قابل قبول رو به افزایش می‌باشد و پسروی ناشی از هم‌خونی در جمعیت نسبتاً پایین است. از آنجایی که حفظ تنوع ژنتیکی و پایین نگه داشتن هم-خونی پرندگان در ایستگاه یکی از عوامل مهم در پیشرفت برنامه های اصلاح نژادی به شمار می‌رود، لذا می‌توان نتیجه گرفت که برنامه‌ریزی آمیزش ها و انتخاب پرندگان برتر در ایستگاه در طی نسل‌ها در مسیر صحیح خود پیش رفته است.

تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری معاونت محترم بهبود تولیدات دامی استان فارس و همچنین کارکنان ایستگاه مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی فارس که در اجرای پروژه نهایت همکاری را داشتند، صمیمانه قدردانی نمایند.

منابع مورد استفاده

Akaike H, 1974. A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on Automatic Control 19: 716-723.

Ameli H, Flock DK and Glodek P, 1991. Cumulative inbreeding in commercial White Leghorn lines under long-term reciprocal recurrent selection. British Poultry Science 32: 439-449.

Analla M, Montilla JM and Serradilla JM, 1998. Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. Small Ruminant Research 29: 255-259.

Ayroles JF, Hughes KA, Rowe KC, Reedy MM, Rodriguez-Zas SL, Drnevich JMCÁceres CE and Paige KN, 2009. A genome-wide assessment of inbreeding depression: Gene number, function and mode of action. Conservation Biology 23: 920-930.

Cassell BG, Amec V and Pearson RE, 2003. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. Journal of Dairy Science 86: 2967-2976.

Darwin C, 1876. The effects of cross and self fertilization in the vegetable kingdom. London, UK: John Murray.

Desta T and Wakeyo O, 2012. Uses and flock management practices of scavenging chickens in Wolaita Zone of southern Ethiopia. Tropical Animal Health and Production 44: 537-544.

Desta T, Dessie T, Bettridge J, Lynch S, Melese K, Collins M, Christley R, Wigley P, Kaiser P, Terfa Z, Mwacharo J and Hanotte O, 2013. Signature of artificial selection and ecological landscape on morphological structures of Ethiopian village chickens. Animal Genetic Resources 52:17-29.

Dudusola IO, Oseni SO and Adeyemi EA, 2019. Modeling the growth curve of Japanese Quail under different nutritional environments. Nigerian Journal of Animal Science 21: 53-58.

Falconer DS and Mackay TFC, 1996. Introduction to Quantitative Genetics, 4th ed. Longman Group Ltd., Essex, UK.

Fischer TM, Van der Werf JHJ, Banks RG and Ball AJ, 2004. Description of lamb growth using random regression on field data. Livestock Production Science 89: 175-185.

Frankel OH and Soule ME, 1981. Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom.

Ghorbani S and Emrani H, 2020. Estimation of inbreeding rate and its depression on the economic traits of genetically improved native chickens of north of Iran. Animal Science Journal 33: 109-124.

Gowe RS, Fairfull RW, McMillan I and Schmidt GS, 1993. A strategy for maintaining high fertility and hatchability in a multiple-trait egg stock selection program. Poultry Science 72:1433-1448.

Hedrick P and Kalinowski S, 2000. Inbreeding Depression in Conservation Biology. Annual Review of Ecology and Systematics, 31, 139-162. Retrieved December 28, 2020, from http://www.jstor.org/stable/221728.

Kamali MA, Ghorbani S, Sharbabak M and Zamiri Javad, 2007. Heritabilities and genetic correlations of economic traits in Iranian native fowl and estimated genetic trend and inbreeding coefficients. British poultry science 48: 443-8.

Konig S, Tsehay F, Sitzenstock F, Von Borstel UU, Schmutz M, Preisinger R and Simianer H, 2010. Evaluation of inbreeding in laying hens by applying optimum genetic contribution and gene flow theory. Poultry Science 89: 658-667.

Lande R, 1988. Genetics and demography in biological conservation. Science 241:1455-1460.

Lewis F, Butler A and Gilbert L, 2011. A unified approach to model selection using the likelihood ratio test. Methods in Ecology and Evolution 2: 155-162.

Magothe T, Okeno T, Muhuyi WB and Kahi A, 2012. Indigenous chicken production in Kenya: I. Current status. World's Poultry Science Journal 68: 119-132.

Meyer K, 2007. WOMBAT, A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. Journal of Zhejiang University Science-B 8: 815-821.

Muir WM, Wong GKS, Zhang Y, Wang J, M. A. M, Groenen MAM, Crooijmans RPMA, Megens H, Zhang H, Okimoto R, Vereijken A, Jungerius A, Albers AGAA, Lawley CT, Delany ME, MacEachern S and Cheng HH, 2008. Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 105: 17312-17317.

Padhi MK, 2016. Importance of Indigenous Breeds of Chicken for Rural Economy and Their Improvements for Higher Production Performance. Scientifica 2016: 2604685.

Rahmanian A, Hafezian H, Rahimi GH, Farhadi A and Baneh H, 2015. Inbreeding Depression for Economically Important Traits of Mazandaran Native Fowls. British Poultry Science 56: 22-29.

Sargolzaei M, Iwaisaki H and Colleau JJ, 2006. A tool for monitoring genetic diversity. In proceeding of the 8th World Congress Genetics Applied Livestock. ProBelo Horizonte, Brazil.

Savas T, Preisinger R, Rohe R, Kalm E and Flock DK, 1999. Auswirkungen der Inzucht auf Leistungsmerkmale und deren genetische Parameter bei Legehennen. Archiv Fur Geflugelkunde 63: 246-251.

Schmidt GS and Figueiredo EA, 2005. Selection for reproductive traits in white egg stock using independent culling levels. Brazilian Journal of Poultry Science 7: 231-235.

Schwarz, G. 1978. Estimating the dimension of a model. Annals of Statistics 6: 461-464.

Selvaggi M, Dario C, Peretti V, Ciotola F, Carnicella D and Dario M, 2010. Inbreeding depression in Leccese sheep. Small Ruminant Research 89: 42-46.

Sewalem A, Johansson K, Wilhelmson M and Lillpers K, 1999. Inbreeding and inbreeding depression on reproduction and production traits of White Leghorn lines selected for egg production traits. British Poultry Science 40: 203-208.

Szwaczkowski T, Cywa-Benko K and Wezyk S, 2003. A note on inbreeding effect on productive and reproductive traits in laying hens. Animal Science Papers and Reports 21:121-129.

Szwaczkowski T, Cywa-Benko K, and Wezyk S. 2004, Curvilinear inbreeding effects on some performance traits in laying hens. Journal of Applied Genetics 45: 343-345.

Tongsiri S, Jeyaruban GM, Hermesch S, Van der Werf JH, Li L and Chormai T, 2019. Genetic parameters and inbreeding effects for production traits of Thai native chickens. Asian-Australasian journal of animal sciences 32: 930-938.

Van Wyk JB, Fair MD and Cloete SWP, 2009. Case study: the effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. Livestock Science 120: 218-224.

Yadav A, Jain A, Sahu J, Dubey A, Gadpayle R, Kiran Barwa D and Kumar V, 2019. A review on the concept of inbreeding and its impact on livestock. International Journal of Fauna and Biological Studies 6: 23-30.

Zamani P, Amirabadi-Farahani M, Aliarabi H and Malecky M, 2016. Comparison of different Legendre and B-Spline random regression models to estimate variance components for average birth weight per lambing in Mehraban sheep. Iranian Journal of Animal Science 46: 407-415.

Evaluating the selection of improved Fars native fowl with the inbreeding assessment approach

S Jelokhani-Niaraki[1] and Sh Ghorbani[1*]

Received: January 13, 2021 Accepted: February 9, 2022
[1]Assistant professor, Biotechnology Research Department, Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
[2]Associate professor, Biotechnology Research Department, Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
*Corresponding author E-mail: sholehghorbani@gmail.com

پژوهش‌های علوم دامی Animal Science Research

Journal of Animal Science/vol.31 No.4/ 2022/pp 73-88
https://animalscience.tabrizu.ac.ir

OPEN ACCESS

© 2009 Copyright by Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran
This is an open access article under the CC BY NC license (https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/)
DOI: 10.22034/AS.2022.43987.1600

Introduction: Performance of native fowl can be improved by making changes in feeding, rearing and health issues. Genetic improvement of these breeds can be achieved through the breeding programs such as selection, crossbreeding, or both. Selection programs may be time consuming but implementing them will lead to a continued improvement (Padhi 2016). Considering the genetic diversity among the native fowl breeds of Iran, several breeding stations were established in different provinces of the country for the purpose of reproduction and genetic improvement of these breeds. Mating related animals in closed populations leading to accumulated inbreeding and reduced genetic diversity has destructive effects on additive genetic variance and phenotypic values (Falconer and Mackay 1996). Inbreeding is associated with an increase in homozygosity and usually decrease the fitness of individuals in the population, which is referred to as inbreeding depression (Ayroles et al. 2009). Inbreeding depression in domestic animals can cause reduced selection response and potential genetic gain in economic traits (Selvaggi et al. 2010). Since the improved Fars native fowls have been raised in a closed population and selected for some important economic traits during the successive generations, their inbreeding coefficients may increase and reduce the effectiveness of breeding programs. Therefore, it is of significant importance to monitor the inbreeding rate and its consequences on different traits. The purpose of this study was to monitor the inbreeding rate and evaluate its possible effects on some important economic traits in improved Fars native fowl population using the pedigree information of 25 generations via different models.

Materials and methods: Data of 63,250 birds during the period 1369-1397 (25 generations) recorded in the breeding station of Fars native fowl were included in the study. Studied traits include body weight at hatch (BW1), body weight at 8 weeks of age (BW8), body weight at 12 weeks of age (BW12), age at sexual maturity (ASM), weight at sexual maturity (WSM), egg weight at 1st day of laying (EW1), egg number (EN) and average egg weight (AEW). Individual and maternal inbreeding coefficients of all birds were estimated using the CFC program. Estimated inbreeding coefficients grouped into seven different categories of inbreeding: 0, 0 to 5%, 5 to 10%, 10 to 15%, 15 to 20%, 20 to 25% and 25 to 30%. Regression coefficients of studied traits on individual and maternal inbreeding percentage were estimated by Wombat software (May 2007) and restricted maximum likelihood (REML) method using six different models. Individual and maternal inbreeding coefficients were also included as a covariate in the model. In this study, among the six statistical models considered for each trait, finally, the appropriate model for each of them was selected through

three methods of likelihood ratio test (LRT), Akaike's information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC).

Results and discussion: Pedigree analysis showed that 40,184 birds were inbred, and the mean of individual and maternal inbreeding was relatively low over 25 generations. The average individual and maternal inbreeding did not differ much over the generations. According to the results, the mean inbreeding for all birds and inbred one was approximately 2% and 4%, respectively. From the fifth generation onwards, the average inbreeding (individual and maternal) of birds in the whole population was increasing. In the first four generations, inbreeding rate of population was estimated to be zero, which may be due to the unknown pedigree information in the first generations. Various studies have shown that accurate estimation of inbreeding is highly dependent on pedigree information. The results of a previous study on laying hen strains indicated that pedigree information influenced the inbreeding estimation in the first generations (Szwaczkowski et al. 2003). In another study, Cassell et al. (2003) reported that the use of incomplete pedigree in estimating the mean inbreeding reduces the mean inbreeding estimate and the variance of these estimates in cows. From the fifth to eighth generation, the rate of individual and maternal inbreeding was very small. Distribution of birds in different categories of inbreeding showed that 36.57% (23,066 birds) were non-inbred. Classifying birds into different inbreeding groups indicated that the highest number of inbred birds was in the inbreeding group 0 to 5% (47.72%) and 5 to 10 % (15.48%). Although the number of inbred birds was high, but the amount of inbreeding coefficient was significantly low, reflecting careful planning of mating in the station. The study of Kamali et al. (2007) on the pedigree information of Fars native fowl (21,245 birds) during eight generations demonstrated that the inbreeding rate is low. In addition, in the previous study on the improved Mazandaran native fowl during 26 generations, it was shown that the rate of inbreeding is relatively low, which is in accordance with the results observed in the present study (Ghorbani and Omrani 1399). According to the fitted models, model 5 for BW1, BW8 and BW12, model 6 for ASM and AEW, model 2 for WSM, model 4 for EN and EW1 were considered as the most suitable models. Estimating the inbreeding depression in the studied traits revealed the most effect of inbreeding on the BW12, so that for every 1% increase in individual inbreeding, BW12 is reduced by 2.14 grams. Also, for a percent increase in individual inbreeding, BW8 decreases by 1.07 grams. The highest effect of inbreeding was observed on BW8 and BW12, so that for a percent increase in individual inbreeding, BW12 decreases by 2.14 grams and BW8 decreases by 1.07 grams. ASM was significantly affected by inbreeding depression. ASM increased by 0.38 day per 1% increase in inbreeding. The findings of earlier studies regarding the inbreeding effect on the ASM have shown that increased inbreeding does not have the same effect on different strains. For example, increase in inbreeding level results in increased ASM in the Leghorn (Sewalem et al. 1999) and decreased ASM in the New Hampshire (Szwaczkowski et al. 2003). Taken together, pedigree analysis showed that the depression effect of inbreeding on egg traits including EN, EW1 and AEW was negligible.

Conclusion: According to the results of pedigree analysis, inbreeding rate of improved Fars native fowl population is increasing at an acceptable level with a relatively gentle slope. In addition, depression caused by inbreeding in the population was fairly low. Since maintaining genetic diversity and keeping down the inbreeding rate in the station are considered as main factors in developing the breeding programs, it can be concluded that the implementation of breeding programs and selection of superior birds during the generations has gone in the right direction.

Keywords: Fars, Inbreeding, Model, Native fowl, Selection