

ارزیابی افت ناشی از هم‌خونی در صفات رشد و تولید تخم‌مرغ جمعیت پرندگان ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی

صابر جلوخانی نیارکی^۱، شعله قربانی^{۱*} و سعید اسماعیل خانیان^۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۰/۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱/۳۰

^۱ استادیار بخش پژوهش‌های بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

^۲ دانشیار بخش پژوهش‌های بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

*مسئول مکاتبه: Email: sholehghorbani@gmail.com

چکیده

زمینه مطالعاتی: ارزیابی میزان هم‌خونی و اثرات ناشی از آن بر روی صفات مهم اقتصادی در پرندگانی که تحت انتخاب قرار دارند از مهمترین اقدامات ارزیابی استراتژی‌های اصلاح نژادی به شمار می‌رود. هدف: مطالعه حاضر با هدف برآورد ضریب هم‌خونی جمعیت، ارزیابی روند تغییرات هم‌خونی و همچنین بررسی اثرات افت ناشی از آن بر روی برخی از صفات اقتصادی مهم بر اساس داده‌های شجره‌ای ۱۲ نسل از جمعیت مرغ بومی ایستگاه اصلاح نژاد خراسان رضوی انجام شد. روش کار: در این پژوهش، ابتدا ضرایب هم‌خونی ۳۸۴۸۹ پرنده موجود در شجره برآورد گردید، سپس تغییرات میانگین هم‌خونی در طی نسل‌های مختلف بررسی و میزان تغییرات در هر سال از طریق برآزش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل محاسبه شد. همچنین در این پژوهش، میزان تابعیت صفات مورد مطالعه از هم‌خونی فردی از طریق مدل‌های مختلف برآورد گردید. نتایج: نتایج نشان داد که حدود ۵۷ درصد پرندگان ثبت شده در شجره هم‌خون بودند. بیشترین و کمترین میزان هم‌خونی پرندگان شجره به ترتیب برابر با سی و صفر درصد بود. در این مطالعه، بیشترین میزان افت ناشی از هم‌خونی فردی بر صفت وزن بدن در ۱۲ هفتگی نشان داده شد. به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی، صفات وزن بدن در یک روزگی ۰/۰۴ گرم کاهش، هشت هفتگی ۰/۵۱ گرم کاهش و ۱۲ هفتگی ۱/۱۷ گرم کاهش، سن بلوغ جنسی ۰/۱۹ روز افزایش، وزن بلوغ جنسی ۱/۰۵ گرم افزایش، تعداد تخم‌مرغ در ۸۴ روز اول تولید ۰/۰۸ عدد افزایش، وزن اولین تخم‌مرغ ۰/۰۵ گرم کاهش و میانگین وزن تخم‌مرغ در ۲۸-۳۰-۳۲ هفتگی ۰/۰۲ گرم کاهش داشتند. نتیجه‌گیری نهایی: نتایج تحلیل شجره نشان داد که هم‌خونی جمعیت در هر نسل به میزان کمی افزایش یافته است. با انجام اقداماتی از قبیل کنترل آمیزش‌ها در جمعیت ایستگاه می‌توان از افزایش هم‌خونی جمعیت و همچنین اثرات منفی احتمالی آن بر روی صفات پیشگیری کرد.

واژگان کلیدی: تخم‌مرغ، صفات رشد، مرغ بومی، هم‌خونی

مقدمه

بس و همکاران (۲۰۰۷). مرغ‌های بومی به عنوان تکیه-گاهی برای سیستم‌های تولیدی باز یا پرورشی خانگی با بازدهی پایین در نواحی روستایی، نیمه‌شهری و عشایری در نظر گرفته می‌شوند (هاونشی و همکاران

استفاده پایدار، توسعه و حفاظت از ذخایر ژنتیکی طیور از اهمیت ویژه‌ای برای بخش کشاورزی، تولید غذا، توسعه روستایی و محیط زیست برخوردار هستند (بس

صورت بسته انجام می‌شود. به عبارت دیگر هیچ‌گونه جریان ژنی از خارج به داخل جمعیت وجود ندارد. در جمعیت‌های کوچک که بسته هستند و همزمان نیز تحت انتخاب می‌باشند، هتروزیگوسیتی و تنوع آلی ممکن است به سرعت از بین روند (سلواگی و همکاران ۲۰۱۰). تجمع هم‌خونی و افت تنوع ژنتیکی که به واسطه آمیزش افراد خویشاوند در جمعیت‌های بسته رخ می‌دهند، ارزش‌های فنوتیپی و واریانس ژنتیکی افزایشی را به شکل منفی تحت تأثیر قرار می‌دهند (فالکونر و مک کی ۱۹۹۶).

هم‌خونی، که در اثر آمیزش بین افراد خویشاوند در جمعیت پدید می‌آید، اغلب در جمعیت‌هایی که بسته و کوچک هستند ایجاد می‌شود. پیامد منفی هم‌خونی تحت عنوان پسروی ناشی از هم‌خونی یا افت هم‌خونی می‌باشد، که تبدیل به یک نگرانی اصلی در تحقیقات مرتبط با تکامل، بوم‌شناسی و زیست‌شناسی حفاظتی شده است (رید و همکاران ۲۰۱۲). پسرفت هم‌خونی به کاهش شایستگی یا صفات مرتبط با شایستگی در اثر هم‌خونی اشاره دارد، از قبیل کاهش در نرخ بقای فرزندان یا باروری. به طور خاص در جمعیت‌های کوچک، افت هم‌خونی در صفات تولیدمثلی قابل توجه بوده و پیامدهای مهمی را در توانایی جمعیت برای تکامل و سازگاری با تغییرات محیطی و در نهایت ماندگاری طولانی مدت آنها ایجاد می‌کند (لیروی ۲۰۱۴). بر طبق مطالعات ژنتیک جمعیت کلاسیک، افت هم‌خونی عمدتاً ناشی از بیان فنوتیپی چندین جهش نامطلوب مغلوب و نیز کاهش سهم مکان‌های ژنی با اثر غلبه ماورایی است (راف ۲۰۰۲). با این حال، تمام موارد افت هم‌خونی توسط این دو فرضیه به طور قطعی تفسیر نمی‌شوند (شویه و همکاران ۲۰۲۱). به عنوان مثال، مطالعات متعدد نشان داده است که میزان افت هم‌خونی بر حسب فشار محیطی تغییر می‌یابد (چپتو و دونوهو ۲۰۱۱). بر این اساس پیشنهاد می‌شود که رابطه این رخداد با تغییرات اپی‌ژنتیکی DNA (ورجیر و همکاران ۲۰۱۲) و بیان

(۲۰۱۹). مرغ‌های بومی از ویژگی‌های منحصربه‌فردی مانند مقاومت، توانایی سازگاری با محیط‌های نامساعد، کرچی، تهاجمی بودن برای محافظت از جوجه‌های خود و غیره برخوردار هستند. همچنین به نظر می‌رسد که گوشت و تخم‌مرغ بومی در مقایسه با پرندگان سریع‌رشد خوشمزه‌تر و سالم‌تر است. علاوه بر این، پرورش مرغ‌های بومی با استفاده از حداقل نهاده‌ها و مراقبت‌های انسانی، می‌تواند منجر به کسب درآمدهای فرعی برای پرورش‌دهنده شود. با این حال، یکی از محدودیت‌های شناسایی شده برای افزایش بهره‌وری مرغ‌های بومی در کنار تغذیه ناکافی و شیوع بیماری، پتانسیل ژنتیکی پایین می‌باشد (ماگوت و همکاران ۲۰۱۲(a)). بنابراین، بهبود صفات در نژادهای بومی از طریق انتخاب می‌تواند منجر به افزایش بهره‌وری سیستم پرورشی در فضای آزاد بدون افزایش هزینه تولید یا از دست دادن تنوع زیستی شود (ماگوت و همکاران ۲۰۱۲(b)).

پرورش نژادهای مختلف مرغ بومی در نواحی روستایی ایران نیز همانند برخی از کشورهای در حال توسعه برای ساکنین روستا به لحاظ اقتصادی با اهمیت است. پرورش مرغ بومی در روستاهای کشور عمدتاً با هدف تأمین پروتئین مورد نیاز افراد بومی و یا کسب درآمد جانبی انجام می‌شود. از آنجایی که افزایش بهره‌وری و توسعه پرورش نژادهای مختلف مرغ بومی در کشور از اهمیت بالایی برخوردار است، لذا ایستگاه‌های مختلف اصلاح نژاد در قالب مراکز پرورش و نگهداری مرغ بومی در شش استان شامل اصفهان، خراسان رضوی، فارس، یزد، آذربایجان غربی و مازندران با هدف تکثیر این نژادها و همچنین افزایش بهره‌وری صفات اقتصادی در آنها تأسیس شده‌اند. اصلاح صفات اقتصادی نژادهای مختلف مرغ بومی با هدف توزیع مرغ‌های بومی با صفات برتر از مدت‌ها قبل در این مراکز آغاز شده است (جلوخانی نیارکی و همکاران ۱۴۰۰). پرورش و انتخاب مرغ‌های بومی در ایستگاه‌های اصلاح نژاد به

مواد و روش‌ها

مرکز پشتیبانی و اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی در سال ۱۳۶۴ در منطقه گل‌مکان مشهد آغاز به فعالیت کرد و در سال ۱۳۶۸ به محل فعلی واقع در ۵ کیلومتر جاده مشهد به چناران انتقال یافت. مرکز به لحاظ اقلیمی در منطقه نیمه خشک و در موقعیت جغرافیایی با طول ۵۹.۴۸۱۶۳۹۳ و عرض ۳۶.۳۹۳۷۲۲ واقع شده است. این مرکز تا سال ۱۳۸۵ به عنوان یکی از مراکز تکثیر مرغ بومی فعالیت داشته و از سال ۱۳۸۵ با انجام پنبندی در سالن‌ها به مرکز اصلاح نژاد تبدیل شده است. یکی از مهمترین اهداف این مرکز بهبود صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغ‌های بومی استان خراسان رضوی می‌باشد. در این مرکز، پرندگان در هر نسل با استفاده از برآورد ارزش‌های اصلاحی برخی از صفات اقتصادی از طریق تجزیه و تحلیل چندصفتی بر پایه مدل حیوانی انتخاب می‌گردند. در پژوهش حاضر، به منظور برآورد میزان هم‌خونی و همچنین ارزیابی اثرات آن بر روی برخی از صفات اقتصادی مهم از داده‌های شجره ۲۸۴۸۹ پرنده که طی سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۹۶ در ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی جمع‌آوری و ثبت شده‌اند، استفاده گردید (جدول ۱). 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. آماره‌های توصیفی صفات مورد مطالعه در جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی در جدول ۲ آورده شده است.

در پژوهش حاضر، ابتدا داده‌های شجره‌ای صفات تحت مطالعه با استفاده از نرم‌افزارهای Foxpro و Excell ویرایش شدند و به دنبال آن، فایل‌های مورد نیاز برای تجزیه و تحلیل داده‌ها آماده‌سازی گردیدند. اثر عوامل مختلف شامل اثر ثابت نسل - نوبت جوجه‌کشی (GH) برای صفات مورد مطالعه و اثر ثابت جنس بر صفات

شرطی ژن‌ها (ورمولن و همکاران ۲۰۱۴) مورد توجه قرار گیرد. به طور کلی، مکانیسم‌های دخیل در افت ناشی از هم‌خونی پیچیده بوده و نیازمند تحقیقات بیشتری بر روی جنبه‌های مختلف افت هم‌خونی در سطوح مختلف است (شویه و همکاران ۲۰۲۱).

پژوهشگران از روش‌های مختلفی برای برآورد هم‌خونی استفاده کرده‌اند. به عنوان مثال، محققان داده‌های بدست آمده از فناوری توالی‌یابی نسل جدید (NGS) را برای برآورد ضرایب هم‌خونی مورد استفاده قرار دادند (ویرا و همکاران ۲۰۱۳). یا در پژوهشی دیگر، از داده‌های متراکم SNP برای برآورد ضرایب هم‌خونی استفاده گردید (گزل و همکاران ۲۰۱۴). مزیت برآورد ضریب هم‌خونی شجره‌ای این است که ساده است و فقط نیاز به ثبت شجره دارد. اما ضعف این برآورد این است که نمونه‌برداری را که در هنگام تولید گامت‌ها در میوز رخ می‌دهد، در نظر نمی‌گیرد. به عبارت دیگر، یعنی ضرایب هم‌خونی شجره‌ای احتمالی هستند و این واقعیت را در نظر نمی‌گیرند که افراد با سابقه هم‌خونی مشابه می‌توانند در اتوزیگوسیتی متفاوت باشند (گومز-رایا و همکاران ۲۰۱۵).

افزایش میزان هم‌خونی در جمعیت‌های بسته مراکز پرورش مرغ بومی ممکن است افزایش بهره‌وری جمعیت را در پی انجام فرآیند انتخاب به طور منفی تحت تأثیر قرار دهد و آثار مخربی بر روی بهبود برخی صفات به خصوص صفات تولیدمثلی در جمعیت داشته باشد. لذا با توجه به اهمیت موضوع، پایش میزان هم‌خونی و همچنین افت ناشی از آن در جمعیت بسته ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی که تحت انتخاب می‌باشد ضروری به نظر می‌رسد.

هدف از انجام مطالعه حاضر برآورد ضریب هم‌خونی جمعیت، ارزیابی روند تغییرات هم‌خونی و همچنین بررسی اثرات افت ناشی از آن بر روی هشت صفت اقتصادی مهم بر اساس داده‌های شجره ۱۲ نسل جمعیت اصلاح شده مرغ بومی خراسان رضوی بود.

پرنده‌گان به صورت تفکیک شده در دسته‌های مختلف قرار گرفتند. سپس تغییرات میانگین هم‌خونی در طی نسل‌های مختلف بررسی و میزان تغییرات هم‌خونی در هر سال با استفاده از نرم افزار SPSS از طریق برآزش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل محاسبه شد. همچنین در این پژوهش، میزان تابعیت صفات مورد مطالعه از هم‌خونی فردی با رویه REML نرم‌افزار WOMBAT (می‌یر ۲۰۰۷) از طریق مدل‌های مختلف محاسبه شد و ضریب هم‌خونی فردی به عنوان متغیر کمکی در مدل در نظر گرفته شدند. شش مدل آماری مختلف برای هر صفت در نظر گرفته شدند، که نهایتاً مدل مناسب هر صفت از طریق هر سه روش شاخص اطلاعات بیزی (BIC)^۱، شاخص اطلاعات اکایک (AIC)^۲ و آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT)^۳ مورد بررسی قرار گرفت و انتخاب شد.

در آزمون LRT، مقدار درست‌نمایی مدل مبنای انتخاب قرار می‌گیرد، که در پژوهش حاضر مدل با بیشترین مقدار لگاریتم درست‌نمایی به عنوان مدل مبنای در نظر گرفته شد. سپس با هدف ارزیابی تفاوت معنی‌داری مدل‌ها، χ^2 از طریق تفاوت لگاریتم درست‌نمایی به شکل زیر برآورد شد (لوئیس و همکاران ۲۰۱۱):

$\chi^2 = -2(\text{Log likelihood} - \text{مدل مورد نظر})$ (مدل حداکثر)

مقدار χ^2 برآورد شده برای تمام مدل‌ها با χ^2 جدول مورد مقایسه قرار گرفت. به طور کلی مدل با بیشترین مقدار لگاریتم درست‌نمایی، به عنوان مناسبترین مدل انتخاب می‌شود، همچنین به شرط معنی‌دار بودن χ^2 آن مدل نسبت به مدل دیگر از نظر آماری ارجح خواهد بود. در هر دو روش BIC و AIC، مدل با حداقل شاخص BIC (شورز ۱۹۷۸) و شاخص AIC (اکایک ۱۹۷۴) به عنوان مناسبترین مدل انتخاب شدند. محاسبه شاخص‌های

وزن بدن در یک روزگی، وزن بدن در هشت و ۱۲ هفتگی و همچنین اثر متغیر کمکی تعداد روزهای رکوردگیری بر تعداد تخم‌مرغ با استفاده از مدل GLM نرم افزار SPSS (ورژن ۱۶) تجزیه و تحلیل شدند و اثر معنی‌داری هر یک از این عوامل آزمون شدند و عوامل با اثر معنی‌دار در مدل نهایی گنجانده شد.

Table 1- Description of pedigree data

Pedigree	Number
No. of total birds	38489
Inbred birds	21892
Sires	1165
Dams	8015
Birds with offspring	9180
Birds without offspring	30100
No. generations	12
Average number of discrete generation equivalents	5.6

Table 2- Descriptive statistics for eight studied traits

Traits	AE W (g)	E W1 (g)	EN (num ber)	WS M (g)	AS M (da y)	BW 12 (g)	BW 8 (g)	B W1 (g)
No. records	233 92	238 19	2547 6	206 63	238 35	332 26	383 35	360 95
Mean	50. 39	42. 56	39.07	187 0.66	164 .15	112 1.44	631 .67	35. 78
SD	4.1 8	7.1 3	18.35	288. 78	14. 17	246. 57	154 .80	3.9 6
Minimum	26. 46	20. 56	1	100 0	119	500	200	20
Maximum	79. 66	85. 70	87	301 0	235	229	131	57. 80
Coefficient of variation (%)	8.2 9	16. 75	46.95	15.4 4	8.6 3	21.9 9	24. 51	11. 08

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.

در مطالعه حاضر، ضرایب هم‌خونی تمام پرنده‌گان ثبت شده در شجره با استفاده از برنامه CFC (سرگلزایی و همکاران ۲۰۰۶) برآورد گردید. ضرایب هم‌خونی

¹ Bayesian information criterion

² Akaike information criterion

³ likelihood ratio test

AIC و BIC به صورت زیر انجام می‌شود (فیشر و همکاران ۲۰۰۴):

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

Log L: لگاریتم درست نمایی

P: تعداد پارامتر مدل

N: شمار رکوردها

r(X): رتبه ماتریس X

در پژوهش حاضر، میزان تابعیت صفات از هم‌خونی فردی برای هر صفت با توجه به مناسبترین مدل برآورد شد. شش مدل تابعیت استفاده شده به صورت زیر می‌باشند:

$$y = Xb + Z_1a + e \quad \text{مدل}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3c + e \quad \text{مدل}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{مدل} \quad \text{Cov}(a,m) = 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{مدل} \quad \text{Cov}(a,m) \neq 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{مدل} \quad \text{Cov}(a,m) = 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{مدل} \quad \text{Cov}(a,m) \neq 0$$

در مدل‌های آماری فوق:

y: بردار مشاهدات برای صفات مورد مطالعه

b: بردار اثرات ثابت و متغیرهای همراه (شامل اثر ثابت نسل - نوبت جوجه‌کشی (GH) مؤثر بر تمام صفات و اثر جنس مؤثر بر صفات وزن بدن (یک روزگی، هشت و دوازده هفتگی)، متغیر کمکی تعداد روزهای رکوردگیری مؤثر بر صفت تعداد تخم‌مرغ و همچنین متغیر کمکی ضریب هم‌خونی بر صفات مورد بررسی)

a: بردار اثرات ژنتیکی مستقیم

m: بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری

c: بردار اثرات محیطی مشترک مادری

X, Z₁, Z₂ و Z₃: ماتریس‌های ضرایبی که به ترتیب اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری

و محیطی مشترک مادری را به مشاهدات مربوط می‌کنند

e: بردار اثرات باقیمانده

Cov(a,m): کواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و

مادری

نتایج و بحث

داده‌های شجره‌ای ۳۸۴۸۹ پرندۀ متعلق به ۱۲ نسل شامل ۱۰۱۷۸ پرندۀ نر و ۲۸۳۱۰ پرندۀ ماده در ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی که به ترتیب ۲۶/۴۴ و ۷۳/۵۵ درصد از کل جمعیت را شامل می‌شدند، با هدف برآورد ضرایب هم‌خونی و همچنین اثرات پسروی ناشی از آن مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که حدود ۵۷ درصد (۲۱۸۹۲ تعداد پرندۀ) کل پرندگان ثبت شده در شجره هم‌خون بودند. همانطور که در جدول ۳ نشان داده شده است، میانگین هم‌خونی فردی و مادری در طی ۱۲ نسل تغییرات نسبتاً کمی را داشتند. نتایج تجزیه و تحلیل شجره نشان داد که میانگین هم‌خونی فردی بیشتر از هم‌خونی مادری بود. میانگین هم‌خونی در کل پرندگان و پرندگان هم‌خون به ترتیب برابر با دو و سه درصد برآورد گردید. بیشترین و کمترین میزان هم‌خونی پرندگان شجره به ترتیب برابر با سی و صفر درصد بود. همانطور که نتایج نشان می‌دهد، علی‌رغم پرورش بسته و تحت انتخاب بودن جمعیت پرندگان ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی و همچنین افزایش احتمال بروز هم‌خونی در جمعیت، میزان هم‌خونی جمعیت با شیب نسبتاً پایینی در طی نسل‌ها رو به افزایش است. بر اساس تحلیل داده‌های شجره با رویکرد جنسیتی، میانگین هم‌خونی در کل پرندگان نر یک درصد و پرندگان ماده دو درصد برآورد شد.

برآورد صحیح هم‌خونی نشان داده است که ارتباط معنی‌داری بین برآورد صحیح میزان هم‌خونی جمعیت و اطلاعات شجره وجود دارد. به طور مثال، در مطالعه‌ای که بر روی گاوها به منظور برآورد هم‌خونی انجام شده است، محققین نشان دادند که برآورد هم‌خونی با استفاده از اطلاعات شجره‌ای ناقص سبب می‌شود که میانگین برآورد هم‌خونی و واریانس آن در گاوها کاهش یابد (کسل و همکاران ۲۰۰۳). همچنین در مطالعه‌ای دیگر، پژوهشگران نتیجه گرفتند که اطلاعات شجره، برآورد ضرایب هم‌خونی نسل‌های ابتدایی سویه‌های مرغ تخمگذار نیوهمشایر و لگهورن سفید را تحت تأثیر قرار می‌دهد. نتیجه پژوهش محققین بر روی این سویه‌ها در طی چندین نسل نشان داد که در نسل‌های ابتدایی، میانگین هم‌خونی جمعیت برابر با صفر بود و سپس روند افزایشی در نسل‌های بالاتر مشاهده شد. بر اساس نتایج این پژوهش، پیدایش چنین روندی به این علت است که اطلاعات شجره، برآورد میزان هم‌خونی صفر در دو نسل اول را تحت تأثیر قرار داده است (سواچکوفسکی و همکاران ۲۰۰۳). در پژوهشی دیگر که بر روی جمعیت مرغ بومی اصفهان انجام شده است، پژوهشگران میزان هم‌خونی جمعیت را در پنج نسل ابتدایی برابر با صفر برآورد نمودند (جلوخانی نیارکی و همکاران ۱۴۰۰). در این پژوهش نیز پژوهشگران بر ناشناخته بودن اطلاعات شجره به عنوان مهمترین عامل احتمالی این مشاهده تأکید داشتند.

یکی دیگر از عوامل تأثیرگذار در برآورد دقیق ضریب هم‌خونی جمعیت، عمق شجره می‌باشد. یکی از پارامترهایی که می‌توان از طریق آن عمق شجره را بررسی و مورد ارزیابی قرار داد، برآورد متوسط تعداد معادل‌های نسلی مجزا برای هر نسل می‌باشد. متوسط تعداد معادل‌های نسلی مجزا برای هر ۱۲ نسل شجره ایستگاه به طور مجزا برآورد گردید، به طوری که برای نسل ۱ تا ۱۲ به ترتیب این اعداد برابر با ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۰، ۱۰/۹۹ و ۱۲ می‌باشند. ارزیابی این

Table 3- Average individual and maternal inbreeding per generation

Generation	Number of total birds	Average maternal inbreeding	Average individual inbreeding
1	3529	0	0
2	7817	0	0
3	3400	0	0.001
4	1814	0.0005	0.005
5	2726	0.005	0.006
6	2846	0.007	0.016
7	2862	0.015	0.017
8	3008	0.017	0.019
9	2909	0.020	0.026
10	2752	0.026	0.037
11	2589	0.036	0.049
12	2236	0.052	0.058
Mean		0.015	0.019

روند تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در جمعیت پرندگان ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی طی سال‌های ۸۵ تا ۹۶ در شکل ۱ نمایش داده شده است. به طور کلی در طی نسل‌های مورد مطالعه، متوسط ضریب هم‌خونی فردی و مادری پرندگان در کل جمعیت روند افزایشی را نشان داد، به طوری که با برآزش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل، میزان تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در کل جمعیت به ترتیب حدود 0.0005 ± 0.0004 و 0.0005 ± 0.0003 در نسل برآورد شدند. در پژوهشی که بر روی جمعیت مرغ بومی اصلاح شده اصفهان انجام شد (جلوخانی نیارکی و همکاران ۱۴۰۰)، پژوهشگران میزان تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در سال برای کل جمعیت را از طریق برآزش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل به ترتیب 0.0006 ± 0.0005 و 0.0005 ± 0.0004 برآورد نمودند که تقریباً با نتایج مطالعه حاضر مطابقت دارد. همانطور که نمایان است (شکل ۱)، میزان هم‌خونی جمعیت در دو نسل ابتدایی برابر با صفر بود که از نسل دو به بعد، افزایش هم‌خونی در گله به تدریج اتفاق افتاد. یکی از دلایل اینکه میزان هم‌خونی جمعیت در نسل‌های اول برابر با صفر می‌باشد به ناشناخته بودن اطلاعات شجره به عنوان مهمترین فاکتور در این سال‌ها بر می‌گردد. نتایج پژوهشگران در خصوص ارتباط اطلاعات شجره و

باشد. تنها ۰/۰۲ درصد از کل پرندگان جمعیت، هم‌خونی بین ۲۵ تا ۳۰ درصد را شامل می‌شوند که دلیل آن می‌تواند آمیزش‌های خویشاوندی نزدیک باشد.

Table 4- Frequency distribution of birds population based on the different inbreeding groups

Number of birds	Frequency (%)	Inbreeding coefficients (%)
16597	43.12	F=0
18352	47.68	0≤F<5
3420	8.89	5≤F<10
92	0.24	10≤F<15
19	0.05	15≤F<20
3	0.008	20≤F<25
6	0.02	25≤F<30

نتایج تجزیه و تحلیل داده‌های شجره‌نشان داد که برنامه‌ریزی مناسبی برای آمیزش‌ها در ایستگاه اجرا می‌شود. با وجود بالا بودن شمار پرندگان هم‌خون در جمعیت (حدود ۵۷ درصد جمعیت)، میزان هم‌خونی جمعیت افزایش کمی در هر نسل داشته است. مطالعات مختلفی بر روی میزان هم‌خونی مرغ‌های بومی کشور انجام شده است که نتایج آنها با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد. به عنوان مثال، نتایج مطالعه بر روی ۲۶ نسل از مرغ بومی اصلاح شده مازندران نشان داد که میزان هم‌خونی این جمعیت نسبتاً پایین می‌باشد (قربانی و عمرانی ۱۳۹۹). در پژوهشی دیگر به منظور برآورد پسروی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح شده اصفهان، نتایج پژوهشگران نشان داد که علی‌رغم بسته بودن جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان و احتمال پیدایش بالای هم‌خونی در جمعیت، میزان هم‌خونی پرندگان ایستگاه با شیب نسبتاً ملایمی در هر نسل افزایش یافته است (جلوخوانی نیارکی و همکاران ۱۴۰۰). در مطالعه دیگری که به منظور برآورد هم‌خونی در جمعیت مرغ بومی کواک بالنگک اندونزی انجام شد، محققان میزان هم‌خونی گله را ۰/۰۳۱ (۰/۳۱ درصد) برآورد نمودند و نتیجه گرفتند که با توجه به اینکه میزان هم‌خونی گله کمتر از یک

پارامتر در جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی نشان می‌دهد که کیفیت داده‌های شجره ایستگاه مناسب بوده و ضرایب هم‌خونی با دقت بالایی برآورد شده‌اند.

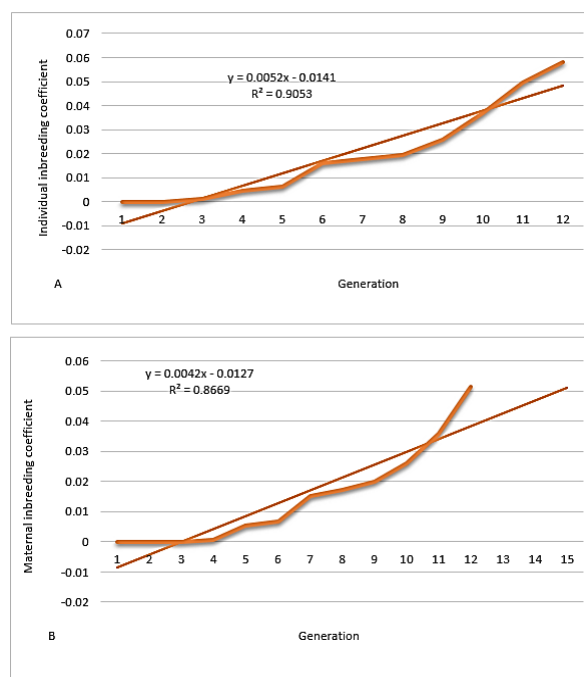


Figure 1- The individual (A) and maternal inbreeding (B) changes over different generations

فراوانی پرندگان ایستگاه بر اساس گروه‌های مختلف هم‌خونی در جدول ۴ آورده شده است. همانطور که نشان داده شده است، ۴۳/۱۲ درصد از پرندگان جمعیت غیرهم‌خون و بقیه پرندگان (۴۷/۶۸ درصد) در شش گروه مختلف هم‌خونی بین ۰ تا ۵ درصد، ۵ تا ۱۰ درصد، ۱۰ تا ۱۵ درصد، ۱۵ تا ۲۰ درصد، ۲۰ تا ۲۵ درصد و بین ۲۵ و ۳۰ درصد توزیع شده‌اند. نتایج نشان داد که در بین گروه‌های هم‌خونی، بیشترین پرندگان هم‌خون (۴۷/۶۸ درصد) را پرندگانی با ضرایب هم‌خونی بین صفر تا ۵ درصد تشکیل می‌دهند، که این روند نشان‌دهنده آن است که هم‌خونی جمعیت نسبتاً پایین است. منشأ غیرهم‌خون بودن شمار زیادی از پرندگان جمعیت (۴۳/۱۲ درصد) ممکن است با نامعلوم بودن برخی از والدین در جمعیت و یا آمیزش برنامه‌ریزی شده پرندگان در ایستگاه ارتباط مستقیم داشته

بدن در دوازده هفتگی و میانگین وزن تخم‌مرغ مدل ۵ مناسبترین می‌باشد. همچنین مدل ۱ نیز مناسبترین مدل برای صفت سن بلوغ جنسی می‌باشد. برای دو صفت وزن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ مدل ۲ مناسبترین مدل می‌باشد (جدول ۶).

Table 6- Estimated genetic parameters based on the best model for traits

Traits	Model	$h^2_a \pm SE$	$c^2 \pm SE$	$h^2_m \pm SE$
BW1	6	0.13±0.02	0.26±0.02	0.33±0.02
BW8	6	0.44±0.02	0.04±0.01	0.03±0.01
BW12	5	0.44±0.02	0.03±0.01	0.01±0.01
ASM	1	0.36±0.02	-	-
WSM	2	0.35±0.02	0.03±0.01	-
EN	2	0.10±0.01	0.01±0.01	-
EW1	6	0.16±0.01	0.01±0.01	0.01±0.01
AEW	5	0.52±0.02	0.01±0.01	0.01±0.01

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

نتایج برآورد تابعیت صفات از هم‌خونی فردی برای هر صفت با توجه به مناسبترین مدل نشان داد که اثر افت هم‌خونی در بیشتر صفات مورد مطالعه کم می‌باشد. در این مطالعه، بیشترین میزان اثر هم‌خونی فردی بر صفت وزن بدن در دوازده هفتگی نشان داده شد. در این صفت به ازای افزایش یک درصد هم‌خونی، وزن بدن در دوازده هفتگی به میزان ۱/۱۷ گرم کاهش می‌یابد (جدول ۷). نتایج مطالعات مختلفی که بر روی افت ناشی از هم‌خونی در نژادهای مرغ بومی کشور انجام شده است، بیانگر آن است که پیدایش هم‌خونی در نژادهای مختلف مرغ بومی کشور اثرات متفاوتی را بر روی صفات بروز می‌دهد. بر اساس مطالعات انجام شده بر روی ارزیابی تابعیت صفت وزن بلوغ جنسی از هم‌خونی فردی و مادری در مرغ بومی اصلاح شده اصفهان (جلوخانی نیارکی و همکاران ۱۴۰۰)، نشان داده شد که به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی و مادری، وزن بلوغ

درصد است و هم‌خونی کمتر از یک درصد نیز نشان‌دهنده آن است که یک درصد از هتروزیگوسیتی در یک نسل از دست رفته است، جمعیت در خطر انقراض نمی‌باشد (راس‌فیدرا و همکاران ۲۰۱۴). در پژوهشی دیگر که بر روی اندازه جمعیت ۳۷ نژاد مرغ محلی حفاظت شده در موسسات پنج کشور اروپایی انجام شده است، میزان هم‌خونی ۰/۰۲ تا ۰/۷۱ درصد گزارش شد (اسپالونا و همکاران ۲۰۰۷). در پژوهش حاضر، از روش‌های مختلف (LRT, BIC, AIC) برای تعیین بهترین مدل‌های پیش‌بینی کننده ارزش‌های اصلاحی صفات مورد بررسی استفاده شد، که نتایج بیانگر آن بود که بین سه روش استفاده شده تفاوت معنی‌داری وجود ندارد (جدول ۵). در پژوهشی مشابه که بر روی جمعیت مرغ بومی فارس انجام شد، محققین روش‌های LRT, BIC و AIC را مورد استفاده قرار دادند که نتایج آنها نیز نشان داد که بین روش‌های مورد استفاده در انتخاب مناسبترین مدل برای هر صفت تفاوتی وجود ندارد (جلوخانی نیارکی و قربانی ۱۴۰۱).

Table 5- Model fitting to studied traits based on LRT, AIC and BIC methods

Traits	Model	Fitting tests		
		LRT	AIC	BIC
BW1	6	-49150.68	-49155.68	-49176.91
BW8	6	-186199.02	-186204.02	-186225.41
BW12	5	-177074.13	-177078.13	-177094.95
ASM	1	-34821.51	-34823.51	-34830.87
WSM	2	-119958.82	-119961.82	-119973.72
EN	2	-71203.81	-71206.81	-71218.85
EW1	6	-56205.53	-56210.53	-56230.72
AEW	5	-41099.48	-41103.48	-41119.60

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.

بر اساس مقایسات انجام شده برای انتخاب مناسبترین مدل برآورد پارامترهای ژنتیکی برای هر صفت، مدل ۶ مناسبترین مدل برای صفات رشد شامل وزن بدن در یک روزگی و هشت هفتگی می‌باشد. برای صفات وزن

که بر روی پرندگان غیربومی نیز انجام شده است، نتایج مختلفی بدست آمده است. در مطالعه‌ای که بر روی اثرات افت ناشی از هم‌خونی بر صفات وزن بدن، متوسط وزن تخم‌مرغ، سن اولین تخم‌گذاری و درصد تخم‌های بارور در سویه‌های مرغ تخم‌گذار انجام شد، برآوردها اثرات جزئی را نشان دادند (سواچکوفسکی و همکاران ۲۰۰۴). در پژوهشی دیگر که بر روی جوجه‌های بومی تایلند انجام شد، نتایج نشان داد که هم‌خونی به استثنای صفت وزن بدن در یک روزگی بر صفات وزن بدن تأثیری نداشت (تانگسیری و همکاران ۲۰۱۹).

Table 7- Regression coefficient of inbreeding and inbreeding effect on studied traits

Traits	Individual inbreeding	p-value
BW1	-0.04	0.000
BW8	-0.51	0.002
BW12	-1.17	0.000
ASM	0.19	0.348
WSM	1.05	0.006
EN	0.08	0.369
EW1	-0.05	0.044
AEW	-0.02	0.002

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.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج پژوهش حاضر، با وجود بسته بودن جمعیت، هم‌خونی در هر نسل به میزان کمی افزایش یافته است که نشان‌دهنده آن است که با وجود اینکه برنامه انتخاب ژنتیکی در گله مرغ بومی ایستگاه خراسان رضوی انجام می‌شود، برنامه آمیزشی مناسبی طراحی و اجرا شده است. ارزیابی اثرات هم‌خونی بر صفات مورد مطالعه نیز نشان می‌دهد که هم‌خونی تأثیر کمی بر این صفات داشته است.

جنسی به ترتیب ۳/۹۷ و ۱/۳۸ گرم کاهش می‌یابد. همچنین نتایج پژوهشگران نشان داد که تأثیر هم‌خونی فردی و مادری بر روی صفات وزن بدن در یک روزگی، میانگین وزن تخم‌مرغ و وزن اولین تخم‌مرغ در جمعیت ایستگاه مرغ بومی اصلاح شده اصفهان ناچیز می‌باشد. در پژوهش دیگری که بر روی مرغ‌های اصلاح شده شمال ایران انجام شد، نتایج نشان داد که به ازای هر یک درصد افزایش ضریب هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی و وزن بلوغ جنسی کاهش یافت. در این مطالعه، بیشترین افت ناشی از هم‌خونی برای صفات وزن بدن در ۱۲ هفتگی و وزن بلوغ جنسی برآورد گردید. همچنین کمترین پسروری ناشی از هم‌خونی برای صفات وزن تخم‌مرغ مشاهده شد (قربانی و عمرانی ۱۳۹۹). بر اساس نتایج پژوهشی دیگر بر روی مرغ‌های بومی آذربایجان غربی، محققان نشان دادند که به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، تعداد و وزن تخم مرغ به ترتیب ۰/۰۱ عدد و ۰/۰۲ گرم کاهش یافت. همچنین محققان نشان دادند، اثر افت هم‌خونی بر سن بلوغ جنسی نامطلوب بود، به طوری که به ازای افزایش یک درصد هم‌خونی سن بلوغ جنسی به میزان ۰/۱۲ روز افزایش و وزن بلوغ جنسی ۱/۲۲ گرم کاهش یافت (قربانی و زکی زاده ۱۴۰۰). در مطالعه دیگری که پژوهشگران در خصوص ارزیابی انتخاب مرغ‌های بومی اصلاح شده فارس با رویکرد بررسی هم‌خونی انجام دادند، بیشترین تأثیر هم‌خونی را بر روی صفات وزن بدن (۸ و ۱۲ هفتگی) مشاهده کردند. در این پژوهش، به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۱۲ و ۸ هفتگی به ترتیب ۲/۱۴ و ۱/۰۷ گرم کاهش یافت. همچنین به ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، سن بلوغ جنسی به مقدار ۰/۳۸ روز افزایش یافت. اثر افت ناشی از هم‌خونی در صفات تعداد تخم‌مرغ، وزن اولین تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ ناچیز برآورد شد که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (جلوخوانی نیارکی و قربانی ۱۴۰۱). در مطالعاتی

تشکر و قدردانی

همچنین کارکنان مرکز پشتیبانی و اصلاح نژاد مرغ بومی خراسان رضوی که در اجرای پروژه نهایت همکاری را داشتند، صمیمانه قدردانی نمایند.

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری معاونت محترم بهبود تولیدات دامی استان خراسان رضوی و

منابع مورد استفاده

- Akaike H, 1974. A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control* 19: 716-723.
- Besbes B, Tixier-Boichard M, Hoffmann I and Jain GL, 2007. Future trends for poultry genetic resources. *Proceedings of the International Poultry Conference on Poultry in the 21st Century: avian influenza and beyond*. pp 1-23. Bangkok, Thailand.
- 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.
- Cheptou PO and Donohue K, 2011. Environment-dependent inbreeding depression: its ecological and evolutionary significance. *New Phytologist* 189: 395-407.
- 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.
- Gazal S, Sahbatou M, Perdry H, Letort S, Génin E and Leutenegger AL, 2014. Inbreeding coefficient estimation with dense SNP data: comparison of strategies and application to HapMap III. *Human Heredity*. 77: 49-62.
- 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.
- Ghorbani S and Zakizadeh S, 2021. Estimation of inbreeding effects and its impact on some production and reproduction traits in West Azerbaijan native fowls. *Animal Production Research* 10: 21-32.
- Gomez-Raya L, Rodríguez C, Barragán C and Silió L, 2015. Genomic inbreeding coefficients based on the distribution of the length of runs of homozygosity in a closed line of Iberian pigs. *Genetics Selection Evolution* 47: 81.
- Haunshi S, Ullengala R and Padhi MK, 2019. Improvement of PD-4 (Aseel), an indigenous chicken for growth and production traits. *Indian Journal of Animal Sciences* 89(4): 419-423.
- Jelokhani-Niaraki S and Ghorbani S, 2022. Evaluating the selection of improved Fars native fowl with the inbreeding assessment approach. *Journal of Animal Science Research* 31(4): 73-88.
- Jelokhani-Niaraki S, Ghorbani S and Esmaeilkhani S, 2021. Estimation of inbreeding depression for economic traits in Isfahan improved native chicken population. *Animal Production* 23(3): 413-424.
- Leroy G, 2014. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics* 45:618-28.
- 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 (a). Indigenous chicken production in Kenya: I. Current status. *World's Poultry Science Journal* 68: 119-132.
- Magothe T, Okeno T, Muhuyi WB and Kahi A, 2012 (b). Indigenous chicken production in Kenya: II. Prospects for research and development. *World's Poultry Science Journal*. 68: 133-44.
- Meyer K, 2007. WOMBAT, A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science-B* 8: 815-821.

- Reed DH, Fox CW, Enders LS and Kristensen TN, 2012. Inbreeding-stress interactions: evolutionary and conservation consequences. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1256:33-48.
- Roff DA, 2002. Inbreeding depression: tests of the overdominance and partial dominance hypotheses. *Evolution* 56: 768-775.
- Rusfidra, Tan Marajo SD, Heryandi Y and Oktaveriza B, 2014. Estimation of Inbreeding Rate in Kokok balenggek Chicken (KBC) Population under Ex-Situ Conservation. *International Journal of Poultry Science* 13: 364-367.
- 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.
- 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 Lecce sheep. *Small Ruminant Research* 89: 42-46.
- Spalona A, Ranvig H, Cywa-Benko K, Zanon A, Sabbioni A, Szalay I, Benková J, Baumgartner J and Szwaczkowski T, 2007. Population size in conservation of local chicken breeds in chosen European countries. *Archiv fur Geflugelkunde*. 71: 49-55.
- 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, Hermes 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.
- Vergeer P, Wagemaker N and Ouborg NJ, 2012. Evidence for an epigenetic role in inbreeding depression. *Biology Letters*. 8: 798-801.
- Vermeulen CJ, Sørensen P, Galalova KK and Loeschcke V, 2014. Flies who cannot take the heat: genome-wide gene expression analysis of temperature-sensitive lethality in an inbred line of *Drosophila melanogaster*. *Journal of Evolutionary Biology* 27: 2152-62.
- Vieira FG, Fumagalli M, Albrechtsen A and Nielsen R, 2013. Estimating inbreeding coefficients from NGS data: impact on genotype calling and allele frequency estimation. *Genome Research* 23:1852-1861.
- Xue Q, Li G, Cao Y, Yin J, Zhu Y, Zhang H, Zhou C, Shen H, Dou X, Su Y, Wang K, Zou J and Han W, 2021. Identification of genes involved in inbreeding depression of reproduction in Langshan chickens. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 34(6): 975-984.

Evaluation of inbreeding depression in growth and egg production traits of birds population in the breeding station of Khorasan Razavi indigenous fowl

S Jelokhani-Niaraki¹, S Ghorbani^{1*} and S Esmailkhanian²

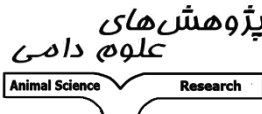

Received: December 22, 2021

Accepted: July 8, 2023

¹Assistant professor, Biotechnology Research Department, Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

²Associate professor, Biotechnology Research Department, Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

*Corresponding author: sholehghorbani@gmail.com or sholehghorbani@yahoo.com

	<p>Journal of Animal Science/vol.33 No.2/ 2023/pp 79-92 https://animalscience.tabrizu.ac.ir</p>	
<p>© 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.2022.49548.1644</p>		

Introduction: Sustainable use, development and conservation of poultry genetic resources are of particular importance for agriculture, food production, rural development and the environment (Besbes et al. 2007). Indigenous chickens are often considered as a support for low input backyard or free-range system of production in rural, semi-urban and nomadic areas (Haunshi et al. 2019). Native chickens have unique characteristics such as ability to adapt to adverse environments, hardiness, broodiness and aggressiveness to protect their chicks, and more. However, low genetic potential is one of the identified limitations for increasing the productivity of native chickens along with inadequate nutrition and disease prevalence (Magothe et al. 2012a).

The inbreeding accumulation and the decline in genetic diversity that occurs due to the mating of related animals in closed populations negatively affect phenotypic values and additive genetic variance (Falconer and Mackay 1996). Inbreeding, which occurs because of mating of related animals in a population, often occurs in the closed and small populations. The negative consequence of inbreeding is referred to as inbreeding depression, which has become a major concern in research related to evolution, ecology, and conservation biology (Reed et al. 2012). In small populations in particular, the inbreeding depression is significant in reproduction issues and has important consequences for the population's ability to evolve and adapt to environmental changes and ultimately their longevity (Leroy 2014).

Increasing the inbreeding rate in closed populations of indigenous chickens' farms may negatively affect the increase in population productivity following the selection process and have destructive effects on improving economic traits in the population. Therefore, considering the importance of the issue, it seems necessary to monitor the inbreeding rate as well as the resulting depression in the under selection closed population of breeding station of Khorasan Razavi indigenous fowl.

Materials and methods: In order to estimate the inbreeding rate and evaluate its effects on some important economic traits the pedigree data of 38489 birds collected during 2006-2017 in breeding station of Khorasan Razavi indigenous fowl were used. First, the pedigree data of the studied traits were edited using Foxpro and Excell software and then the files required for data analysis were prepared. The eight traits including average egg weight (AEW), egg number (EN), egg weight at 1st day of laying (EW1), age at sexual maturity (ASM), weight at sexual maturity (WSM), body weight at 12 weeks of age (BW12), body weight at hatch (BW1) and body weight at 8 weeks of age (BW8) were studied. The inbreeding coefficients of all birds recorded in the pedigree were estimated using

the CFC program (Sergolzai et al. 2006). The inbreeding coefficients of the birds were divided into different categories. Then, the mean changes of inbreeding during different generations were evaluated and the amount of inbreeding changes in each year was calculated using SPSS software by fitting linear regression of inbreeding per generation. Also in this study, regression coefficients of studied traits on individual and maternal inbreeding percentage were estimated with the REML procedure of WOMBAT software (Meyer 2007) through different models.

Results and discussion: The results showed that about 57% (21892 birds) of all birds registered in the pedigree were inbred. The mean of individual and maternal inbreeding varied relatively little over 12 generations. The mean inbreeding of all birds and inbred birds was estimated to be two and three percent, respectively. The highest and lowest inbreeding rates were three and 0%, respectively. As the results show, despite the closed raising and selection of the population and also the increase in the probability of inbreeding in the population, the inbreeding rate has been increased with a relatively low slope over the generations. In general, during the studied generations, the average coefficient of individual and maternal inbreeding in the whole population showed an increasing trend, so that by fitting the linear regression of inbreeding to the generation, the rate of changes in individual and maternal inbreeding was estimated to be about 0.005 ± 0.03 and 0.004 ± 0.02 per generation, respectively. In a study conducted on the Isfahan improved native chicken population (Jelokhani-Niaraki et al. 1400), researchers estimated the rate of individual and maternal inbreeding changes per year for the all population by fitting linear regression of inbreeding per generation to 0.006 ± 0.05 and 0.005 ± 0.04 , respectively, which is approximately consistent with the results of the present study. In this study, 43.12% of the birds were non-inbred and the rest of the birds (47.68%) were grouped in six different inbred groups. The results showed that among the inbred groups, the most inbred birds (47.68%) were birds with inbreeding coefficients between 0 and 5%, which indicates that the population inbreeding is relatively low. Various studies have been performed on the inbreeding rate of domestic chickens in the country; the results are consistent with the results of the present study. For example, the results of a study on 26 generations of genetically improved domestic chickens of Mazandaran showed that, the rate of inbreeding for this population is relatively low (Ghorbani and Omrani 1399). In another study to estimate the inbreeding rate of Indigenous Kokok balenggek chicken (KBC) population in Indonesia, the researchers estimated the inbreeding coefficient to be 0.0031 (0.31%) and concluded that considering the inbreeding rate of herd is less than one percent, and inbreeding less than one percent indicates that one percent of heterozygosity is lost in one generation, the population is not endangered (Rusfidra et al. 2014). In another study on the population size of 37 protected local chicken breeds in five European countries, the relatively low inbreeding rates (0.02 to 0.71%) was reported (Spalona et al. 2007).

In our study, the highest effect of individual inbreeding was shown on BW12. In this trait, for a one percent increase in inbreeding rate, the body weight decreases by 1.17 grams. Based on the another study performed on the Isfahan improved native chicken population (Jelokhani-Niaraki et al. 1400), it was shown that for every one percent increase in individual and maternal inbreeding, the WSM is reduced to 3.97 and 1.38 grams, respectively. In another study conducted on Mazandaran native fowls, the results showed that for every one percent increase in individual inbreeding, body weight decreased for the traits including BW12, BW8 and WSM (Ghorbani and Emrani 1399). The results of another study on the improved Fars native fowl revealed the greatest effect of inbreeding on body weight traits (8 and 12 weeks). In this study, for every one percent increase in individual inbreeding, body weight at 12 and 8 weeks decreased by 2.14 and 1.07, respectively (Jelokhani-Niaraki and Ghorbani 2022).

Conclusion: According to the findings in the present study, since the population is closed and under selection, the probability of inbreeding in the population is high. However, because there are controlled matings in the population of breeding station of Khorasan Razavi indigenous fowl, the inbreeding rate in each generation has increased slightly, which shows the appropriate management

practices are running in selecting the best birds. Best management practices such as controlling the matings between birds can prevent an increase in population inbreeding as well as its possible negative effects on the traits.

Keywords: Egg, Growth Traits, Inbreeding, Native Chicken