

برآورد افت ناشی از هم‌خونی برای صفات رشد و تولیدی در مرغ بومی با استفاده از روش تابعیت چندکی

سونیا زکی‌زاده^۱، حسین مهربان^۲، شعله قربانی^{۳*}

شماره صفحات

۴۴-۳۱

(۱) دانشیار موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی، کرج، ایران.

(۲) دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه چهارمحل بختیاری، شهرکرد.

(۳) استادیار موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی، کرج، ایران.

* نویسنده مسئول: sholehghorbani@gmail.com

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۹/۲۰

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۶/۱۴

چکیده

هدف، برآورد ضریب هم‌خونی و تأثیر آن بر صفات اقتصادی مرغ‌های بومی ایستگاه اصلاح‌نژادی یزد به روش تابعیت چندکی بود. بدین منظور داده‌های ۵۷۴۰۰ پرنده سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۶ (۱۵ نسل) استفاده شد. صفات شامل وزن یک‌روزگی بدن، ۸ و ۱۲ هفتگی، سن و وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ (۱۲ هفته اول تولید)، میانگین وزن تخم‌مرغ (هفته‌های ۳۰، ۳۲) و وزن اولین تخم‌مرغ بود. ویرایش داده‌ها با نرم‌افزار Foxpro انجام و ضریب هم‌خونی با CFC برآورد شد. ضریب تابعیت هم‌خونی بر نسل با برازش رگرسیون خطی نرم‌افزار R انجام گرفت. برای بررسی تأثیر هم‌خونی روی صفات از تابعیت چندکی استفاده گردید. متغیرهای ثابت مدل شامل جنس، نوبت جوجه‌درآوری و نسل بود. ضریب هم‌خونی در تمام مدل‌ها بصورت متغیر کمکی در نظر گرفته شد. تجزیه و تحلیل شجره نشان داد ۷۹ درصد پرندگان ایستگاه هم‌خون و میانگین ضریب هم‌خونی جمعیت ۳ درصد بود. روند تغییرات هم‌خونی با شیب ۰/۵ درصد در هر نسل افزایش یافت. تفاوت پسروری هم‌خونی در چندک‌های مختلف نشان داد هم‌خونی بر مقادیر مختلف توزیع مشاهدات صفات مختلف تأثیر دارد، بطوریکه در چارک‌های انتهایی (۲۵ درصد و ۷۵ درصد) توزیع صفت، کاهش تولید بیشتر است. برای صفات وزن بدن یک‌روزگی، سن بلوغ جنسی و وزن اولین تخم‌مرغ روش تابعیت چندکی به همگرایی نرسید و برآورد ضرایب تابعیت با رگرسیون خطی به ترتیب ۰/۱، ۵/۳، و ۶/۳ درصد بود. نتایج نشان داد که بر اساس تابعیت چندکی، اثرگذاری افزایش هم‌خونی بر قسمت‌های مختلف توزیع صفات یکسان نیست که دیدگاه بهتری از تأثیرات هم‌خونی بر صفات ارائه می‌نماید.

کلمات کلیدی: تابعیت چندکی، پسروری هم‌خونی، ضریب هم‌خونی و مرغ بومی یزد.

مقدمه

توده‌های مرغ بومی جزء سرمایه‌های ملی و ذخایر راهبردی کشور محسوب می‌شوند و بهبود ژنتیکی آن‌ها با هدف تولید پایدار در مناطق جغرافیایی مختلف همواره مورد توجه بوده‌اند. در این راستا، وزارت جهاد کشاورزی با هدف حفظ و احیای توده‌های بومی مرغ در ایران، ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی یزد و پنج ایستگاه دیگر را تاسیس نمودند (Nazari et al., 2020).. برنامه‌های اصلاح نژاد دام و طیور قادر هستند تا با بهره‌گیری از مدل دام و ماتریس روابط خویشاوندی، به پیش‌بینی ژنتیکی افراد جمعیت بپردازند. در این میان، استراتژی‌های انتخاب که از روش‌های پیش‌بینی ژنتیکی حیوانات مانند بهترین پیش‌بینی ناریب خطی بهره می‌گیرند، نسبتاً صحیح‌تر بوده و منجر به پیشرفت‌های چشمگیری در رسیدن به اهداف اصلاحی شده‌اند. معمولاً در اجرای برنامه‌های انتخاب، آل‌های برخی از حیوانات بنیانگذار از بین می‌رود و رانش ژنتیکی ایجاد شده در جمعیت‌های کوچک باعث کاهش تنوع ژنتیکی و افزایش هم‌خونی در جمعیت می‌شود (Sheikhlou et al., 2018). افزایش هم‌خونی و کاهش هتروزیگوسیتی باعث کاهش شایستگی‌های حیوانات به خصوص در صفات تولیدی و تولیدمثلی می‌شود (Vahedi Darmian et al., 2020). بنابراین، در جوامعی که به صورت بسته نگهداری می‌شوند، ضروری است همگام با ایجاد بهبود ژنتیکی و برآورد میزان هم‌خونی و تاثیر آن روی صفات، تنوع ژنتیکی که شرط اولیه انتخاب است، حفظ شود (Larivière et al., 2011; Ghafouri-Kesbi et al., 2018). زمانی که تعداد اندکی از حیوانات به عنوان والدین نسل بعد انتخاب شوند، تنوع ژنتیکی در جمعیت کاهش می‌یابد و افت هم‌خونی ایجاد می‌شود (Ghafouri-Kesbi et al., 2018; Badereh et al., 2021). مطالعات مختلفی از تاثیر نامطلوب هم‌خونی و افت ناشی از آن در طیور گزارش شده است، به نحوی که کاهش صفات رشد مانند وزن بدن در یک روزگی، هشت و ۱۲ هفتگی و وزن در هنگام بلوغ جنسی را در پی داشته است (Jelokhani-Niaraki et al., 2021; Ghorbani and Zakizadeh, 2021). گزارشات حاکی از آن است که صفات تولیدمثلی نیز از این قاعده مستثنی نبوده‌اند و با افزایش ۱ درصد هم‌خونی، کاهش معادل ۱ تا ۶ درصد در تعداد تخم مرغ در ۸۴ روز ابتدایی تولید، میانگین وزن تخم مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ تولید و همچنین وزن اولین تخم مرغ مشاهده شده است. تاثیر نامطلوب افزایش سن بلوغ جنسی با افزایش یافتن ۱ درصد هم‌خونی، نسبتاً چشمگیر و از ۰/۱۲ تا ۰/۲۳ روز گزارش شده است (Jelokhani-Niaraki et al., 2021; Ghorbani and Zakizadeh, 2021).

از نظر آماری، ضریب تابعیت به متوسط تغییرات متغیر وابسته به ازای یک واحد تغییر در متغیر مستقل گفته می‌شود. معمولاً برآورد افت ناشی از هم‌خونی بر اساس میزان ضریب تابعیت صفت مورد مطالعه روی ضرایب هم‌خونی حیوانات حاصل شده از حل معادلات حداقل مربعات معمولی (Ordinary least square (OLS)) است. این امر سبب می‌گردد که فقط یک ضریب پسروری هم‌خونی برای صفت مورد نظر برآورد گردد، اما برخی پژوهش‌ها نشان داده‌اند که افت ناشی از هم‌خونی ممکن

است در بخش‌های مختلف توزیع آماری صفت یکسان نبوده و استفاده از تابعیت چندگی^۱ می‌تواند این ناهمگنی را مورد توجه قرار دهد. در گاو شیری گزارش شده است که تاثیر هم‌خونی روی توزیع مشاهدات صفت تولید شیر کل دوره شیردهی متفاوت است؛ به نحوی که تولید شیر گاوها در چندک‌های انتهایی صفت (۲۵ درصد و ۷۵ درصد)، کاهش کمتری را به دلیل افزایش هم‌خونی حیوان نشان می‌دهد (Vahedi Darmian *et al.*, 2020). یکنواخت نبودن تاثیر هم‌خونی بر صفات وزن گوسفند بلوچی در چندک‌های مختلف نیز گزارش شده است، به طوری که وزن تولد، از شیرگیری، ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و یکسالگی بره‌های با جنس و نوع تولد متفاوت، در یک سن و ضریب هم‌خونی، به طور یکسان تحت تاثیر هم‌خونی قرار نگرفتند (Bahri Binabaj *et al.*, 2021). در پژوهش دیگر گزارش شده است که تاثیر انتخاب گاوهای پرشیرتر (بر اساس ارزش اصلاحی) روی سن اولین زایش نیز در صدک ۹۵ کمتر است و به این ترتیب احتمال انتخاب گاوهایی که در سنین پایین تر در اولین دوره شیردهی خود هستند، بیشتر خواهد بود (Farhangfar *et al.*, 2021). به دلیل آنکه پرورش در ایستگاه‌های بسته می‌تواند منجر به افزایش هم‌خونی و تبعات منفی کاهش تولید گردد، ضرورت داشت تا میزان هم‌خونی محاسبه و در استراتژی‌های انتخاب مد نظر قرار گیرد.

بنابراین هدف از تحقیق حاضر برآورد افت ناشی از هم‌خونی برای صفات رشد و تولیدی در مرغ بومی ایران با استفاده از روش تابعیت چندگی است.

مواد و روش

روش پرورش

ایستگاه اصلاح نژادی مرغ بومی یزد واقع در روستای اکرم آباد از سال ۱۳۶۳ فعالیت خود را آغاز کرد. در این ایستگاه، انتخاب در دو مرحله انجام می‌شود، به گونه‌ای که در هر نسل در مرحله اول داده‌های وزن ۸ هفته‌گی مرغ‌های موجود به همراه داده‌های مربوط به صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ نسل‌های قبل تجزیه و تحلیل می‌شود و بر اساس بالاترین ارزش اصلاحی کل پرنده‌گان، نود درصد مرغ‌ها و ۲۵ درصد خروس‌ها، انتخاب می‌گردند. در مرحله دوم و نهایی انتخاب، پرنده‌ها برای صفات وزن بدن در ۱۲ هفته‌گی، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ مورد ارزیابی قرار می‌گیرند. این ارزیابی‌ها با برآورد ارزش‌های اصلاحی آنها از طریق تجزیه چهار صفتی بر اساس مدل حیوان انجام و ارزش اصلاحی کل برای هر پرنده محاسبه می‌شود. در نهایت مرغ‌ها و خروس‌های مورد نیاز برای تجدید نسل به عنوان پدران و مادران نسل آینده، برگزیده می‌شوند.

¹ quantile

شیوه آمیزش‌ها با استفاده از نرم‌افزار CFC (Sargolzaei *et al.* 2006) براساس کمترین رابطه خویشاوندی در بین مرغ‌ها و خروس‌های انتخاب شده اجرا می‌شود. تعداد ۸۰ خروس و ۸۸۰ قطعه مرغ (به نسبت ۱ خروس به ۱۱ مرغ) برای جفت‌گیری به باکس‌های ویژه منتقل می‌شوند به نحوی که هر یک از مرغ‌ها به طور جداگانه به همراه خروس در قفس مخصوص جفت‌گیری قرار داده می‌شوند. به هر خروس تعداد ۱۱ مرغ اختصاص داده شد و تمامی افراد هر نسل، فقط در همان نسل نگهداری می‌شوند. تخم‌مرغ‌های جمع‌آوری شده، با ثبت شماره پدر و مادر روی آنها، پس از توزین و درجه‌بندی در ماشین جوجه‌کشی قرار داده می‌شوند. پس از ۱۸ روز، تخم‌مرغ‌های هر مرغ، جدا از تخم دیگر مرغ‌ها، در سبدهای دستگاه هچری گذاشته می‌شوند که با مقسم‌هایی به چند بخش تقسیم شده‌اند. جوجه‌ها پس از تولد شماره‌گذاری شده (شماره اولیه) و به سالن‌های پرورش منتقل می‌شوند.

جمع‌آوری داده‌ها

در این تحقیق از اطلاعات ۵۷۴۰۰ پرنده (۲۲۴۷۰ پرنده نر و ۳۴۹۳۰ پرنده ماده؛ به ترتیب ۳۹/۱۵ و ۶۰/۸۵ درصد از کل جمعیت) که طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۶ (۱۵ نسل) جمع‌آوری شده بود، برای بررسی روند هم‌خونی و تاثیر آن بر صفات اقتصادی مهم استفاده شد. ساختار شجره ایستگاه در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱: اطلاعات شجره جمعیت مرغ‌های بومی استان یزد

Table 1. Pedigree information in the breeding station of Yazd native fowls

Pedigree	Number
تعداد کل حیوانات Animals in pedigree	57747
حیوانات هم‌خون Inbreds	45351
پدرها Sires	1071
مادرها Dams	8579
حیوانات دارای نتاج Animals with offspring	9650
حیوانات بدون نتاج Animals without offspring	48097

ویرایش داده‌ها با نرم‌افزار Foxpro (نسخه ۲.۶) و Excel (نسخه ۲۰۱۰) جهت خطایابی منطقی انجام و فایل‌های مورد نیاز برای تجزیه و تحلیل آماده شدند. با توجه به اهمیت وجود شجره کامل و اسلاف مشترک در برآورد ضریب هم‌خونی، از کل اطلاعات و روابط ثبت شده بین پرندگان برای محاسبه هم‌خونی استفاده شد. در این تحقیق ضریب هم‌خونی برای تمام پرندگان با استفاده از نرم‌افزار CFC (Sargolzaei *et al.* 2006) محاسبه شد. پس از محاسبه ضرایب هم‌خونی پرندگان موجود در شجره،

روند هم‌خونی با توجه به تابعیت ضریب هم‌خونی بر نسلبه وسیله برازش رگرسیون خطی برآورد گردید. برای بررسی تاثیر مقدار هم‌خونی بر صفات مورد مطالعه از مدل تابعیت چندکی استفاده گردید.

هدف از تحلیل رگرسیون، بررسی ارتباط بین یک متغیر پیش بینی کننده و متغیر پاسخ است. پیش بینی دقیق متغیر پاسخ در عمل ممکن نیست و در واقع یک متغیر تصادفی می باشد. در تحلیل رگرسیون خطی، تمرکز بر میانگین است و رابطه بین متغیر پیش بینی کننده و پاسخ، به ازای هر واحد تغییر در متغیر پیش بینی کننده، با استفاده از تابع میانگین شرطی بیان می‌شود. استفاده از میانگین شرطی دارای محدودیت‌هایی است و ضروری است برخی از فرضیه‌ها مانند نرمال بودن و پرت نبودن داده‌ها صادق باشند، در غیر این صورت این الگو مناسب نخواهد بود. این در حالی است که تابعیت چندکی نسبت به داده‌های پرت استوار بوده و توانایی ساختن الگو برای هر نوع چندک را دارد. هدف تابعیت چندکی به عنوان شاخه‌ای از رگرسیون، به دنبال راهکار کاملی برای ارائه استخراج روابط بین متغیرها و عملکرد رگرسیون میانگین است. به عبارتی در مقایسه با تابع توزیع، تابع چندکی مشخصه کامل‌تری از متغیر وابسته را فراهم می‌کند (Gharechahi, 2014).

مدل آماری مورد استفاده برای هر یک از صفات رشد (معادله ۱)، تولید و تولیدمثل (معادله ۲) و تعداد تخم مرغ

(معادله ۳) به صورت زیر بود:

$$y_{ijkl} = \mu + s_i + G_j + h_k + b_1 \times F_l + e_{ijkl} \quad \text{معادله ۱}$$

$$y_{jkl} = \mu + G_j + h_k + b_1 \times F_l + e_{jkl} \quad \text{معادله ۲}$$

$$y_{jkl} = \mu + G_j + h_k + b_1 \times F_l + b_2 \times DP_l + e_{jkl} \quad \text{معادله ۳}$$

در معادله های بالا، y_l رکورد مربوط به صفت، s_i اثر جنس، G_j اثر نسل، h_k اثر نوبت هج، F_l متغیر کمکی ضریب هم‌خونی برای حیوان l ام، b_1 ضریب تابعیت صفت از میزان هم‌خونی، DP_l متغیر کمکی تعداد روزهای تولید تخم مرغ برای حیوان l ام، b_2 ضریب تابعیت صفت از روزهای تولید تخم مرغ و e_{ijkl} باقیمانده مدل می‌باشد.

تمام تجزیه و تحلیل‌های آماری در محیط برنامه‌ی R به گونه‌ای صورت گرفت که ضریب تابعیت معمولی توسط تابع lm و ضرایب تابعیت چندکی در فواصل چارکی (۲۵، ۵۰ و ۷۵ درصد) توسط بسته نرم‌افزاری $quantreg$ (Koenker et al., 2018) برآورد گردیدند.

نتایج و بحث

صفات مورد مطالعه در این پژوهش، شامل صفات وزن بدن در یک روزگی، ۸ و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ

جنسی، تعداد تخم مرغ (در ۱۲ هفته اول تولید)، میانگین وزن تخم مرغ (در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲) و وزن اولین تخم مرغ بود. اطلاعات آماری داده‌های صفات تولیدی و تولیدمثلی مرغ‌های بومی یزد در جدول ۲ آورده شده است. ضریب تغییرات صفات مورد بررسی در جمعیت نشان می‌دهد واریانس فنوتیپی برای صفات تعداد تخم مرغ و وزن بدن در ۸ هفته نسبت به سایر صفات بالاتر است. به طور کلی ضریب تغییرات یک صفت، معیاری برای بررسی میزان تغییرات آن صفت است که تغییرات زیاد آن می‌تواند به دلیل اختلافات فردی، شرایط محیطی، مدیریتی و تغذیه‌ای باشد.

جدول ۲. آماره‌های توصیفی صفات مورد بررسی در مرغ‌های بومی استان یزد

Table 2. Description of production and reproduction traits in breeding station of Yazd native fowls

	Traits*							
	BW1 (gr)	BW8 (gr)	BW12 (gr)	ASM (day)	WSM (gr)	EN (no)	EW1 (gr)	AEW (gr)
Record no.	54011	56774	52808	26226	26918	26149	24324	24091
Mean	33.35	455.18	794.24	171.79	1362.34	36.62	38.66	45.64
SD	4.16	127.76	210.33	18.09	190.81	17.75	6.88	4.76
Min	20	150	300	105	800	1	20.30	25
Max	55.62	990	1600	248	2380	79	88.30	83.75
CV (%)	12.46	28.07	26.48	10.53	14.01	48.48	17.80	10.44

BW1: وزن بدن در روز تولد، BW8 و BW12: وزن بدن در هفته ۸ و ۱۲، ASM: سن در زمان بلوغ جنسی، WSM: وزن در زمان بلوغ جنسی، EN: تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تولید، EW1: وزن اولین تخم مرغ، AEW: میانگین وزن تخم مرغ در هفته ۲۸، ۳۰ و ۳۲ تولید.

BW1: Body weight at hatch, 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 in the first 12 weeks of production, EW1: Egg weight at the first day of laying, AEW: Average egg weight at weeks of 28, 30 and 32 in laying period.

برآورد هم‌خونی و روند آن

نتایج تجزیه و تحلیل شجره نشان داد که از ۵۷۴۰۰ پرنده تعداد ۴۵۳۵۱ (۷۹ درصد) هم‌خون و میانگین هم‌خونی آنها ۳

درصد بود. میانگین هم‌خونی فردی طی ۱۵ نسل در جدول ۳ ارائه شده است.

جدول ۳: میانگین هم‌خونی فردی در نسل‌های مختلف

Table 3. Average of individual inbreeding in different generations

نسل Generation	تعداد حیوانات Animals No.	میانگین هم‌خونی فردی Mean of individual ID
1	1022	0.000
2	1029	0.000
3	3756	0.005
4	3340	0.009
5	5659	0.010
6	3431	0.005
7	8065	0.024
8	7517	0.015
9	2645	0.023
10	2395	0.030
11	2977	0.040
12	2881	0.049
13	2038	0.053
14	2926	0.058
15	8740	0.067

میزان هم‌خونی در دو نسل ابتدایی صفر بود که به دلیل پایین بودن سطح اطلاعات شجره پرنده‌گان و نامعلوم بودن اجداد مشترک آن‌ها است. با گذشت زمان و افزایش تعداد اجداد مشترک می‌توان ظهور افراد هم‌خون در شجره را شاهد بود. پایین بودن ضریب هم‌خونی در نسل‌های اولیه در مطالعات دیگر نیز برای ۵ نسل اول مرغ‌های بومی مازندران و اصفهان (Ghorbani and Emrani, 2019؛ and Jelokhani-Niaraki *et al.*, 2021) و ۳ نسل اولیه مرغ‌های فارس و آذربایجان (Ghorbani *et al.*, 2007؛ Ghorbani and Zakizadeh, 2021) گزارش شده است. در بررسی شجره ۸ نسل مرغ بومی فارس، مشخص شد که میانگین ضریب هم‌خونی کل پرنده‌گان، پرنده‌گان ماده و نر و پرنده‌گان هم‌خون، به ترتیب ۰/۰۴۸، ۰/۰۵۵، ۰/۰۴۷ و ۰/۶۷۳ درصد بود و از تعداد ۲۱۲۴۵ پرنده فقط ۱۶۶۳ پرنده هم‌خون بودند (Ghorbani *et al.*, 2007). در پژوهشی که Ghazi khani Shad و Mansouri zalan (۲۰۱۴) روی اثرات نامطلوب هم‌خونی بر صفات تولیدمثلی شجره مرغ بومی فارس متشکل از ۳۰۸۵۵ پرنده انجام دادند، مشخص شد که تنها حدود ۱۴ درصد پرنده‌گان هم‌خون بودند و میانگین هم‌خونی جمعیت هم‌خون نیز ۰/۱۹ درصد برآورد شد. در مطالعه حاضر، میانگین هم‌خونی در کل پرنده‌گان و پرنده‌گان هم‌خون به ترتیب ۳ و ۴ درصد برآورد گردید که بیشترین و کمترین میزان هم‌خونی در پرنده‌گان هم‌خون به ترتیب برابر با ۳۰ و ۰/۲ درصد بود.

فراوانی پرنده‌گان به تفکیک گروه‌های هم‌خونی مختلف در جمعیت مرغ‌های بومی یزد در جدول ۴ آورده شده است. در جمعیت مورد بررسی ۲۰/۹۹ درصد از پرنده‌گان غیرهم‌خون، ۵۰/۳۵ درصد از پرنده‌گان دارای هم‌خونی بین صفر تا ۵ درصد (بیشترین درصد جمعیت) و تنها ۰/۰۷ درصد از پرنده‌گان دارای هم‌خونی بین ۲۵ و ۳۰ درصد بودند. صفر بودن ضریب هم‌خونی می‌تواند به علت نامعلوم بودن برخی از والدین پرنده‌ها و بیشتر بودن آن از ۲۵ درصد و می‌تواند به علت آمیزش‌های خویشاوندی نزدیک باشد.

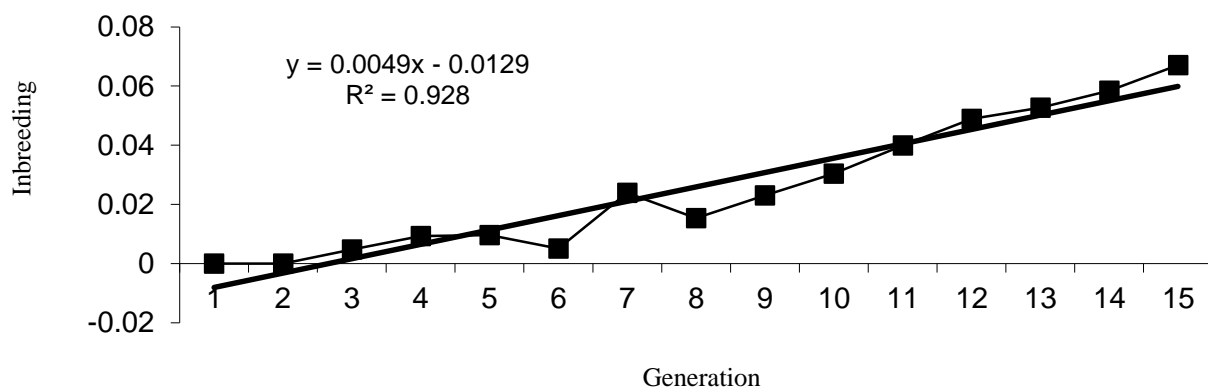
روند تغییرات میزان هم‌خونی فردی در ۱۵ نسل مورد بررسی در شکل ۱ ارائه شده است. به دلیل انتخاب‌هایی که در طول نسل‌های متمادی در گله انجام شده است، روند هم‌خونی با شیبی معادل ۰/۵ درصد در هر نسل افزایش یافته است. در بررسی نتایج سایر ایستگاه‌های مرغ بومی نیز این روند افزایشی قابل مشاهده است، به طوری که در طی ۲۶ نسل در مرغ بومی مازندران و ۲۱ نسل مرغ بومی آذربایجان غربی، روند هم‌خونی فردی و مادری به ترتیب ۴/۳ و ۳/۶ درصد و ۰/۶ و ۰/۵ درصد برآورد شد (Ghorbani and Emrani, 2019؛ Ghorbani and Zakizadeh, 2021). این مقادیر برای ۲۱ نسل مرغ بومی اصفهان ۰/۰۵۸ و ۰/۰۵۱ (Jelokhani-Niaraki *et al.*, 2021) است، به ترتیب برای هم‌خونی فردی و مادری، به ازای هر سال برآورد شد. در مطالعه‌ای که برای مرغ بومی فارس در ۸ نسل انجام شد، میانگین ضریب هم‌خونی گله ۰/۰۴۸ برآورد شد (Ghorbani *et al.*, 2007). نوساناتی که در ضریب هم‌خونی مشاهده می‌شود می‌تواند به دلیل عواملی مانند تغییر نسبت خروس به مرغ و یا کامل بودن شجره والدین باشد.

در اصلاح نژاد دام و طیور، اجرای هر برنامه انتخاب موثر، بستگی به ساختار جمعیت در جمعیت دارد (Gowane *et al.*, 2013). به همین علت، وجود شجره کامل برای محاسبه دقیق هم‌خونی، اندازه جمعیت موثر، فاصله نسل، تنوع ژنتیکی و سایر پارامترهای مهم جمعیت ضروری است (Martínez *et al.*, 2008). نبود اطلاعات تعیین هویت، شجره ناقص و یا معرفی حیوانات جدید به جمعیت می‌تواند منجر به برآورد نادرست ضریب هم‌خونی شود (Goyache *et al.*, 2013). لذا، حفظ تنوع ژنتیکی و پایین بودن هم‌خونی در تمام برنامه‌های اصلاح نژاد مطلوب بوده و حکایت از موفقیت آمیز بودن استراتژی‌های انجام شده در جهت جلوگیری از افزایش میزان هم‌خونی دارد، اگرچه این میزان می‌تواند تحت تاثیر کیفیت شجره نیز باشد. نتایج این پژوهش نیز مؤید پایین بودن میزان هم‌خونی در گله اصلاحی مذکور است.

جدول ۴: توزیع پرندگان به تفکیک گروه‌های مختلف هم‌خونی (F)

Table 4. Distribution of birds in different classes of inbreeding (F)

کلاس‌های هم‌خونی (%)	تعداد حیوانات	فراوانی (%)
Inbreeding classes (%)	Animal No.	Frequency (%)
0=F	12049	21.00
0<F≤5	28901	50.35
5<F≤10	15760	27.46
10<F≤15	596	1.04
15<F≤20	32	0.06
20<F≤25	24	0.04
25<F≤30	38	0.07



شکل ۱: روند تغییرات هم‌خونی فردی در کل جمعیت طی ۱۵ نسل

Fig. 1. Trend of individual inbreeding in whole populations during 15 generations

صفات مهم اقتصادی

یکی از آثار مهم هم‌خونی، پسروی ناشی از آن و به عبارتی کاهش ارزش فنوتیپی به خصوص در مورد صفات تولیدمثلی و شایستگی است. از نتایج هم‌خونی بر صفاتی که فقط تحت کنترل یک جایگاه ژنی هستند، ظهور آلل‌های زیان‌آور کشنده یا نیمه کشنده می‌باشد. اگرچه اثرات این ژن‌های زیان‌آور به تنهایی روی صفات کمی که تحت کنترل تعداد زیاد ژن قرار دارند کم است، ولی عملکرد این نوع صفات را به طور محسوسی کاهش می‌دهند. این کاهش عملکرد به عنوان پسروی هم‌خونی

شناخته شده است (Bourdon, 2000). به طور کلی، میزان کاهش در عملکرد به درجه هم‌خونی بستگی دارد و با بزرگ‌تر شدن درجه هم‌خونی، بیشتر می‌شود. مطالعات متعددی به بررسی تاثیر هم‌خونی روی صفات اقتصادی نژادهای مرغ بومی انجام شده است (Ghorbani and Jelokhani, 2019; Jelokhani-Niaraki et al., 2021; Ghorbani and Zakizadeh, 2021).
(Emamgholi Begli et al., 2009; Kamali et al., 2007; Niknafs et al., 2013).

تجزیه و تحلیل در اکثر این مطالعات بر اساس مدل‌های مختلف رگرسیون خطی و روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۲ انجام شده و ضریب هم‌خونی به عنوان متغیر کمکی وارد مدل شده است، اما تاکنون مطالعه‌ای بر اساس تابعیت چندکی در مرغ گزارش نشده است. در رگرسیون خطی تنها یک ضریب تابعیت برآورد می‌شود که بیانگر متوسط تغییرات صفت به ازای ۱٪ افزایش ضریب هم‌خونی است در حالی که ممکن است هم‌خونی تاثیر یکسانی روی بخش‌های مختلف توزیع فراوانی یک صفت نداشته باشد (Vahedi Darmian et al., 2020). ضرایب تابعیت هم‌خونی به روش تابعیت چندکی برای صفات رشد، تولید و تولیدمثل در جدول ۵ آورده شده است. برای صفات وزن بدن در یک روزگی، سن بلوغ جنسی و وزن اولین تخم مرغ روش تابعیت چندکی به تقارب نرسید و برآورد ضرایب تابعیت تنها به روش رگرسیون خطی انجام شد.

جدول ۵: ضرایب رگرسیون برآورد شده برای چارک‌های مختلف ضرایب هم‌خونی فردی صفات مورد بررسی

Table 5- Estimated different quantiles of regression coefficients for studied traits on individual inbreeding coefficient

صفت Trait *	تابعیت چندکی Quantile regression			رگرسیون خطی Linear regression	
	چارک Quarter	ضریب رگرسیون (±SE) Regression Coefficient (±SE)	P value [‡]	ضریب رگرسیون (±SE) Regression Coefficient (±SE)	P value
BW8	25	-0.50±0.25	*	-0.51±0.18	**
	50	-0.54±0.20	**		
	75	-0.71±0.21	**		
BW12	25	-1.81±0.42	**	-1.19±0.30	**
	50	-0.64±0.35	**		
	75	-1.09±0.42	**		
WSM	25	-0.41±0.22	ns	-2.62±0.62	**
	50	-1.60±0.36	**		
	75	-2.40±0.39	**		
AEW	25	-0.037±0.01	**	0.058±0.02	**
	50	-0.021±0.01	**		
	75	-0.015±0.02	**		
EN	25	-0.008±0.01	ns	-0.056±0.05	ns
	50	-0.031±0.04	**		
	75	-0.024±0.01	**		
BW1	--	--	--	0.001±0.01	ns
ASM	--	--	--	0.050±0.04	ns
EW1	--	--	--	-0.063±0.03	*

BW1 وزن بدن در روز هج، BW8 و BW12 وزن بدن در هفته ۸ و ۱۲، ASM سن در زمان بلوغ جنسی، WSM وزن در زمان بلوغ جنسی، EN تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تولید، EW1 وزن بدن هنگام گذاشتن اولین تخم مرغ، AEW میانگین وزن تخم مرغ در هفته ۲۸، ۳۰ و ۳۲ تولید.

ns: غیر معنی‌دار، * معنی دار در سطح ۵٪، ** معنی دار در سطح ۱٪.

BW8: body weight at 8 weeks of age, BW12: body weight at 12 weeks of age, WSM: weight at sexual maturity, AEW: average egg weight at weeks of 28, 30 and 32 in laying period, EN: egg number in the first 12 weeks of production, ASM: age at sexual maturity, EW1: egg weight at the first day of laying.

‡ : ns non-significant, * significant at 5%, ** significant at 1%

در صفات مورد بررسی، بیشترین کاهش ناشی از هم‌خونی در چارک‌های ۲۵ یا ۷۵ درصد به ترتیب در صفات WSM، وزن بدن BW12، BW8 و AEW دیده شد. در مورد صفت تعداد تخم در ۸۴ روز ابتدای تولید، اگرچه ضرایب به دست آمده معنی‌دار نبودند اما بیشترین و کمترین کاهش پس‌روی هم‌خونی مربوط به چارک‌های ۵۰ و ۲۵ درصد بود (جدول ۵). با توجه به تفاوت ضرایب رگرسیون مقدار هم‌خونی، می‌توان نتیجه‌گیری نمود که اثر منفی هم‌خونی بر تمام صفات، یکسان نیست و بر مقادیر مختلف توزیع مشاهدات صفت مزبور، اثر متفاوتی را دارد؛ به نحوی که در چارک‌های انتهایی از صفت، کاهش بیشتری در تولید دیده می‌شود. یکنواخت نبودن ضرایب تابعیت در تابعیت چندکی در سایر صفات و گونه‌ها نیز گزارش شده است، به طوری که در گاو شیری گزارش شده است که ارتباط توان ژنتیکی گاوها برای تولید شیر وابسته به شکل توزیع فنوتیپی سن نخستین زایش است (Farhangfar *et al.*, 2021).

مقالات متعددی به اثرات نامطلوب تاثیر پس‌روی ناشی از هم‌خونی در مرغ‌های بومی اشاره کرده‌اند. در مطالعه حاضر، وزن بدن در یک روزگی، هفته ۸ و ۱۲ و وزن هنگام بلوغ جنسی تحت تاثیر مقادیر هم‌خونی قرار گرفت که با مطالعه سایر مرغان بومی مطابقت دارد به طوری که در ایستگاه مرغ بومی آذربایجان غربی گزارش شده است که به ازای ۱٪ افزایش هم‌خونی پرنده‌گان برای صفات وزن بدن در ۱ روزگی، ۸ و ۱۲ هفته‌گی و وزن بلوغ جنسی به ترتیب ۰/۰۴، -۱/۵۲، -۲/۴۹، ۱/۲۲ کاهش مشاهده شد (Ghorbani and Zakizadeh, 2021). مقدار کاهش وزن صفات فوق الذکر برای مرغ بومی اصفهان به ترتیب ۰/۰۰۸، ۲/۵۲، ۳/۵۱، ۳/۹۷ گرم و برای مرغ بومی مازندران ۰/۰۲، ۱/۳۲، ۲/۰۴، ۰/۱۱ گزارش شده است (Jelokhani-*et al.*, 2021؛ Niaraki *et al.*, 2019؛ Ghorbani and Emrani, 2019).

صفات تولیدمثلی و تولید تخم مرغ نیز از جمله صفاتی هستند که تحت تاثیر اثرات نامطلوب افزایش هم‌خونی قرار می‌گیرند و دچار کاهش تولید تخم مرغ هم از جهت کاهش وزن و هم از نظر کاهش تعداد در نسل‌های مختلف می‌شوند. در مطالعه روی مرغ بومی آذربایجان غربی تاثیر منفی افزایش هم‌خونی در افزایش سن بلوغ جنسی و کاهش تعداد تخم مرغ (در ۱۲ هفته اول تولید)، میانگین وزن تخم مرغ (در هفته ۲۸، ۳۰ و ۳۲) و وزن اولین تخم مرغ به ازای افزایش ۱٪ هم‌خونی به ترتیب ۰/۱۲ روز، ۰/۰۱ تعداد، ۰/۰۲ گرم و ۰/۰۱ گرم گزارش شده است (Ghorbani and Zakizadeh, 2021). مرغ بومی اصفهان و مازندران نیز از این قاعده مستثنی نبودند. در مرغ بومی اصفهان با افزایش هر ۱٪ میزان هم‌خونی، به مقدار ۰/۲۳ روز، ۰/۱۳ تعداد، ۰/۰۲ گرم و ۰/۰۶ تغییرات و در مرغ مازندرانی به ترتیب ۰/۳۱ روز افزایش و ۰/۱۸ تعداد، ۰/۰۳ و ۰/۰۳ گرم کاهش مشاهده شد (Jelokhani-Niaraki *et al.*, 2021؛ Ghorbani and Emrani, 2019). در مطالعه دیگری روی مرغ بومی مازندران، وزن بدن در یک‌روزگی، هفته هشتم و دوازدهم، وزن تخم مرغ در اولین تخم‌گذاری و میانگین وزن تخم مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ تولید، به ترتیب به میزان ۰/۱۱، ۳/۱، ۱/۳، ۰/۰۵ و ۰/۰۳ گرم کاهش یافت (Rahmanian *et al.*, 2021).

2015). در مرغ بومی مازندران نیز میزان کاهش تعداد تخم مرغ و وزن بدن در ۱۲ هفتگی را با افزایش ۰.۱٪ هم‌خونی گزارش شده است (Kamali et al., 2007).

معنی‌دار بودن افت هم‌خونی در صفات وزن یک روزگی و وزن تخم مرغ در اکثر تحقیقات مرتبط گزارش شده است (Alipour, 2000; Niknafet et al., 2013)، به طوری که به ازای هر ده درصد افزایش هم‌خونی، ۰/۳۶ گرم کاهش در میانگین وزن تخم مرغ گزارش شده است (Alipour, 2000). در یک خط مرغ تخمگذار لگهورن با افزایش هر ۱ درصد هم‌خونی فردی ۴ گرم وزن بدن کاهش یافت (Szwaczkowski et al., 2003). در مرغ بومی تایلند نیز افزایش ۰.۱٪ هم‌خونی منجر به کاهش وزن بدن در یک روزگی به میزان ۰/۰۹ گرم شد (Tongsiri et al., 2019).

برخی تحقیقات نیز وجود دارند که هیچ افت هم‌خونی برای صفات وزن یک روزگی، تعداد و وزن تخم مرغ (Ghazi khani Shad and Mansouri zalani, 2014; Gowe et al., 1993) و وزن‌های بدن در ۴، ۸، ۱۲، ۱۶، ۲۰ و ۲۴ هفتگی گزارش نکرده‌اند (Tongsiri et al., 2019) و یا حتی حاکی از مختصر افزایشی در وزن بدن در هفته دوازدهم (۳ گرم) بوده‌اند (Tongsiri et al., 2019). علت عدم تاثیر افزایش سطوح هم‌خونی بر صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغ بومی فارس طی ۸ و ۱۱ نسل بررسی شده، به کم بودن تعداد پرندگان هم‌خون در جمعیت نسبت داده شده است (Ghorbani et al., 2007; Ghazi khani Shad and Mansouri zalani, 2014).

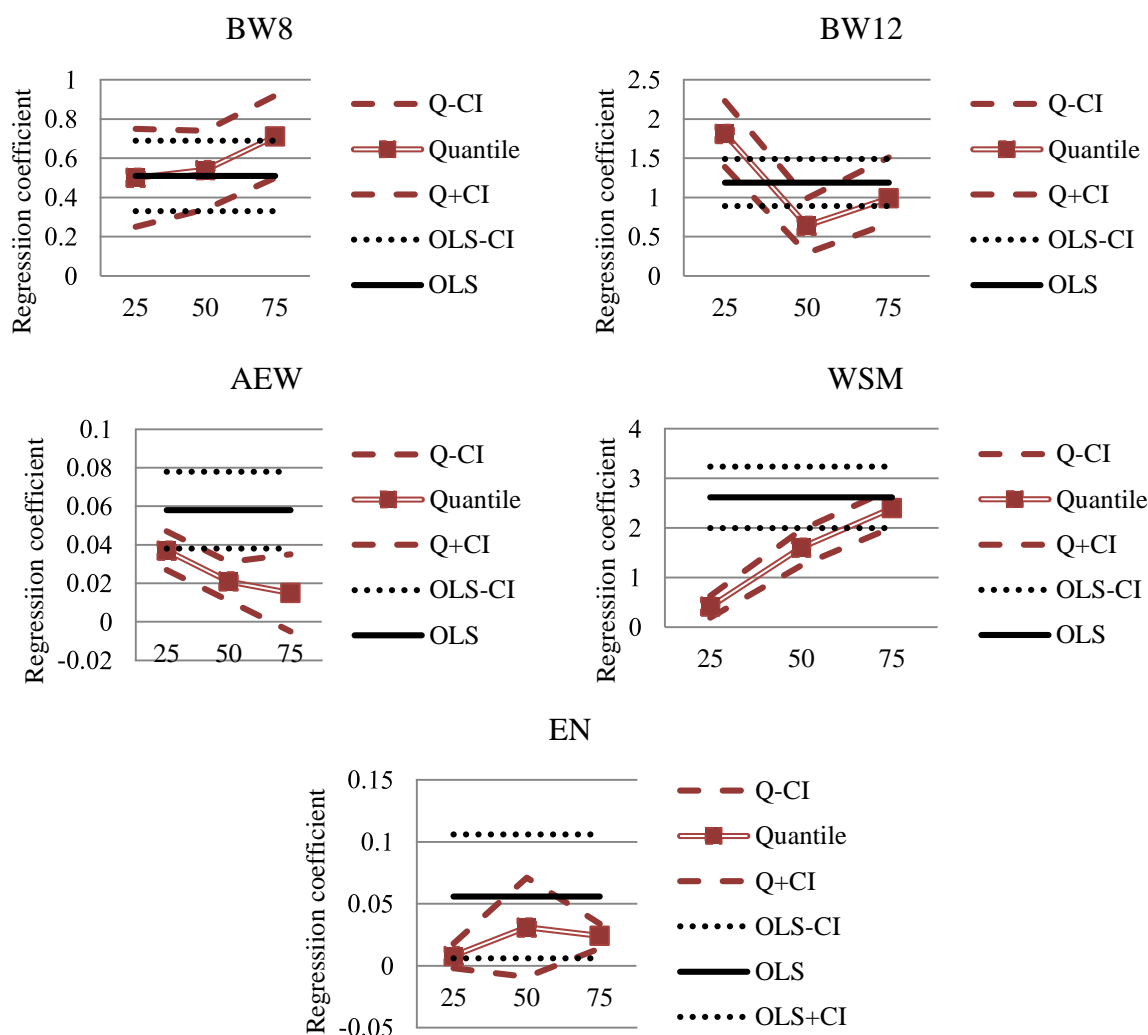
با توجه به نتایج به دست آمده در این پژوهش مشخص شد که در جمعیت مورد بررسی نسبت زیادی از پرندگان و مادران هم‌خون هستند، اما هم‌خونی اکثر آنها کمتر از ۱۵ درصد است. از آنجایی که افزایش میزان هم‌خونی در چارک‌های مختلف هرچند به میزان اندک باعث کاهش صفات وزن ۸ و ۱۲ هفتگی و وزن هنگام بلوغ و کاهش میانگین تولید تخم مرغ شد، باید برای جلوگیری از افزایش آن در نسل‌های بعدی طراحی برنامه آمیزش با دقت انجام شود.

مقایسه ضرایب هم‌خونی به روش رگرسیون خطی و چندکی

مقادیر ضرایب رگرسیون و فاصله اطمینان افت ناشی از هم‌خونی در صفات مختلف به دو روش رگرسیون خطی و تابعیت چندکی در سطح ۰.۹۵٪ در شکل ۲ آورده شده است. قرار گرفتن نقاط چندک‌های ۰.۲۵، ۰.۵۰ و ۰.۷۵ درصد در فضای فاصله اطمینان OLS حاکی از نداشتن تفاوت معنی‌دار بین این دو رگرسیون است. تفاوت بین روش رگرسیون خطی با چندکی برای صفات مختلف در شکل ۳ آورده شده است. همانگونه که در شکل مشاهده می‌شود، بین رگرسیون خطی و چندکی در صفات BW12 (چندک ۰.۲۵ و ۰.۵۰)، AEW (چندک ۰.۵۰ و ۰.۷۵) و WSM (چندک ۰.۲۵) اختلاف معنی‌دار وجود دارد.

ضریب تابعیت از نظر آماری به تغییرات متغیر وابسته به ازاء یک واحد تغییر در متغیر مستقل گفته می‌شود. در بررسی ضرایب تابعیت چندکی می‌توان دریافت که تاثیر متغیر مستقل در چندک‌ها و نحوه توزیع صفت وابسته با هم متفاوت است. به

عبارتی در صفات وزن بدن در ۱۲ هفتگی اثر کاهشی هم‌خونی در توزیع چندک سوم یا ۷۵٪ کمتر از چندک اول و ۲۵٪ بوده است (۱/۰۹- در مقابل ۱/۸۱-).



شکل ۲: رگرسیون خطی و چندکی صفات اقتصادی در مرغ بومی یزد: وزن ۸-هفتگی، ۱۲ هفتگی، میانگین وزن تخم مرغ، وزن همگام بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ

Fig 2. Linear and quantile regression (\pm CI) economical traits in Yazd fowls: BW8, BW12, AEW, WSM, EN.

نتیجه‌گیری

در این پژوهش مشخص شد که انتخاب در گله بسته ایستگاه مرغ بومی یزد باعث بروز هم‌خونی و افت عملکرد ناشی از آن در صفات تولیدی و تولیدمثلی مورد بررسی شد، که البته در صفات مختلف، میزان افت متفاوت بود. همچنین، بر اساس تابعیت چندکی مشخص شد که اثرگذاری افزایش هم‌خونی بر قسمت‌های مختلف توزیع صفات یکسان نیست که دیدگاه بهتری از تاثیرات هم‌خونی بر صفات مورد مطالعه را ارائه می‌نماید.

تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری معاونت محترم بهبود تولیدات دامی استان یزد و همچنین کارکنان ایستگاه

مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی یزد که در اجرای پروژه نهایت همکاری را داشتند، صمیمانه قدردانی نمایند.

منابع

- Badereh, S., Sheikhlou, M. R., Karimi, A. (2021). Heterogeneity in the effect of partial inbreeding of founder animals on birth weight and weaning weight of Baluchi lambs. *Animal Production Research*. 10(2):11-23. (In Persian)
- Bahri- Binabaj, F., Farhangfar, S. H. and Jafari, M. (2021). Inbreeding affected differently on observations distribution of a growth trait in Iranian Baluchi sheep. *Animal Bioscience*. 34(4):506-515.
- Bourdon, R.M. (2000). *Understanding animal breeding* (2nd edition). Prentice-Hall Inc., New Jersey .
- Emamgholi-Begli, H., Zerehdaran, S., Hasani, S. and Abbasi, M.A. (2009). Genetic parameter estimation of economic traits in Yazd native fowls. *Iranian journal of Animal Science*. 4:63-70. (in Persian)
- Farhangfar, S.H., Jafari, M., Montazar-Torbati, M. B., Sayyadnezhad, M. B. (2021). Genetic analysis for the trait of first lactation milk production and evaluation of the impact of selection for it on the phenotypic value of age at first calving of Iranian Holsteins using quantile regression. *Animal Production Research*. 10(4):61-72. (In Persian)
- Ghafouri-Kesbi, F., Zamani, P., and Ahmadi, A. (2018). Assessing inbreeding depression in growth traits and efficiency of feed utilization of Moghani sheep. *Research on Animal Production*. 9(19):63-70. (In Persian)
- Gharechahi, M. (2014). *Quantile regression for longitudinal data using the asymmetric Laplace distribution*. Msc dissertation. Yasuj University. Yasuj. (In Persian)
- Ghazi-khani Shad, A., and Mansouri-zalani, A. (2014). Estimation of genetic parameters of production and reproduction traits, inbreeding trend and its effects on economic traits of native fowls in Fars Province. *Scientific Research Journal of Animal Environment*. 6(1):71-77. (In Persian)
- Ghorbani, Sh., Moradi, M., Zamiri, M.J. and Kamali, M.A. (2007). Estimates genetic parameters of economic traits and inbreeding coefficient in Fars native fowl. *Pajoudeh & Sazandegi*. 75:25-32. (In Persian)
- Ghorbani, Sh. and Emrani, H. (2019). Estimation of inbreeding rate and its depression on the economic traits of genetically improved native chickens of north of Iran. *Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*. 128: 109-124. (In Persian)
- Ghorbani, Sh. and Jelokhani-Niaraki, S. (2019). Estimation of genetic trends and parameters for some economic traits using different linear models in Mazandaran native chickens. *Animal Science Papers and Reports*. 37:179–193.
- Ghorbani, Sh. 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(3):21-32. (In Persian)
- Gowane, G.R., Prakash, V., Chopra, A. and Prince, L.L.L. (2013). Population structure and effect of inbreeding on lamb growth in Bharat Merino sheep. *Small Ruminant Research*. 114:72-79.
- Gowe, R.S., Fairfull, R.W., Mcmillan, I. and Schmidt, G.S. (1993). A strategy for maintaining high fertility and hatchability in a multiple-trait egg stock selection program. *Poultry Science*, 72 (8): 1433–1448.
- Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomes, E., Alvarez, I., Díez, J. and Royo, L.J. (2003). Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 120, 95-105.
- Jelokhani-Niaraki, S., Ghorbani, SH, Esmailkhanian, S. (2021). Estimation of inbreeding depression for economic traits in Isfahan improved native chicken population. *Animal Production*. 23(3):413-424. (In Persian)
- Kamali, M.A., Ghorbani, SH., Moradi-Sharbabak, M. and Zamiri, M.J. (2007). Heritabilities and

genetic correlations of economic traits in Iranian native fowl and estimated genetic trend and inbreeding coefficients. *British Poultry Science*. 48:443–448.

Koenker, R., Portnoy, S., Ng, P.T., Zeileis, A., Grosjean, P. and Ripley B.D. (2018). Package 'quantreg'. Reference manual available at R-CRAN: <https://cran.rproject.org/web/packages/quantreg/quantreg.pdf>

Lariviere, J.M., Detilleux, J. and Leroy, P. (2011). Estimates of inbreeding rates in forty traditional Belgian chicken breed populations. *Archive fur Geflugelkunde*. 75: 1-6.

Martínez, R.A., García, D., Gallego, J.L., Onofre, G., Pérez, J. and Cañón, J. (2008). Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science*. 86:545-552.

Nazari, M., Salabi, F., Radpoor S. (2020). Investigation of heat shock protein 70 gene polymorphism in Khuzestan native chickens. *Agricultural Biotechnology Journal*, 12(1): 81-100.

Niknafs, S., Abdi, H., Fatemi, S.A., Zandi, M.B. and Baneh, H. (2013). Genetic trend and inbreeding coefficients effects for growth and reproductive traits in Mazandaran indigenous chicken. *Research Journal of Biology*. 3:25–31.

Rahmanian, A., Hafezian, H., Rahimi, G. H., 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, J.J. (2006). A tool for monitoring genetic diversity. In proceeding of the 8th World Congress Genetics Applied Livestock. ProBelo Horizonte, Brazil. p. 13-18.

Sheikhlou, M.R., Abdi, Ghezeljeh, E., Safari, 1 R., Nemati, Z. (2018). Estimating the Effective Population Size of Sangsari Sheep Using Different Methods Based on Pedigree Analysis. *Iranian Journal of Animal Science Research*. 10(2):237-247. (In Persian)

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.

Tongsiri, S., Jeyaruban, G. M., Hermesch, S., van der Werf, J. H. J., Li L., and Chormai, T. (2019). Genetic parameters and inbreeding effects for production traits of Thai native chickens. *Asian-Australia Journal of Animal Science*. 32: 930-938.

Vahedi-Darmian, R., Farhangfar, S.H. and Sayyadnezhad, MB. (2020). Evaluation of the impact of inbreeding coefficient on milk production, lactation length and first calving age of Iranian dairy cows using Quantile regression. *Journal of Animal Science*. 30(2):25-39. (In Persian)