



توليدات دامی

دوره ۲۳ ■ شماره ۳ ■ پاییز ۱۴۰۰

صفحه‌های ۳۲۴-۳۱۳

DOI: 10.22059/jap.2021.314496.623576

مقاله پژوهشی

برآورد پس‌روی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان

صابر جلوخانی نیارکی^۱، شعله قربانی^{۱*}، سعید اسماعیل‌خانیان^۲

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.

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۹/۰۹/۲۳ تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۰/۰۵/۰۹

چکیده

پایش میزان هم‌خونی مرغ‌های بومی در ایستگاه‌های اصلاح نژادی، به دلیل انجام انتخاب ژنتیکی و عدم وجود جریان ژنی در جمعیت بسیار حایز اهمیت می‌باشد. هدف از انجام این پژوهش برآورد ضریب هم‌خونی، بررسی روند تغییرات هم‌خونی و ارزیابی اثرات پس‌روی ناشی از آن بر صفات اقتصادی در جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان بود. صفات مطالعه‌شده شامل وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، میانگین وزن تخم‌مرغ و وزن اولین تخم‌مرغ بودند. در این پژوهش، داده‌های جمع‌آوری‌شده ۹۷۲۷۲ پرنده رکوردبرداری‌شده در طی ۲۱ نسل مورد استفاده قرار گرفتند. در مطالعه حاضر، جهت برآورد ضریب هم‌خونی هر پرنده و اثر هم‌خونی بر صفات به ترتیب از نرم‌افزارهای CFC و WOMBAT استفاده شد. تجزیه و تحلیل شجره نشان داد که ۷۹/۴۸ درصد جمعیت هم‌خون بودند. میانگین ضرایب هم‌خونی فردی و مادری برآوردشده به ترتیب برابر با ۴/۳ و ۳/۵ درصد بودند. نتایج نشان داد، به‌ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی، میزان پس‌روی ناشی از آن برای صفات وزن بدن در یک روزگی، هشت هفتگی، ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، میانگین وزن تخم‌مرغ و وزن اولین تخم‌مرغ به ترتیب برابر با ۰/۰۰۸، -۲/۵۲، -۳/۵۱، ۰/۲۳، -۳/۹۷، -۰/۱۳، -۰/۰۲ و ۰/۰۶ بود. با توجه به نتایج پژوهش حاضر، با وجود این‌که در جمعیت‌های بسته تحت انتخاب ژنتیکی، نبود پرنده غیرهم‌خون تقریباً غیرممکن است، اما می‌توان با کنترل آمیزش‌ها در جهت کاهش هم‌خونی، از پیدایش اثرات نامطلوب آن در جمعیت جلوگیری کرد.

کلیدواژه‌ها: روند، شجره، صفات اقتصادی، مرغ بومی، هم‌خونی.

Estimation of inbreeding depression for economic traits in Isfahan improved native chicken population

Saber Jelokhani-Niaraki¹, Sholeh Ghorbani^{1*}, Saeid Esmailkhanian²

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

Received: December 13, 2020 Accepted: July 31, 2021

Abstract

Monitoring the inbreeding rate of native chickens in breeding stations is of significant importance because of planned matings and lack of gene flow in the population. This study was undertaken to estimate the inbreeding coefficient, investigate the trend of inbreeding changes and evaluate the effects of inbreeding depression on the economic traits in Isfahan improved native chicken population. The studied traits were body weight, age at sexual maturity, weight at sexual maturity, egg number, mean egg weight and egg weight at first day. In the present study, data of 97272 birds recorded during 21 generations were included. In order to estimate the inbreeding coefficient of each bird and the effect of inbreeding on the traits, CFC and WOMBAT software were used, respectively. Pedigree analysis indicated that 79.48 percent of population were inbred. The estimated average individual and maternal inbreeding coefficients were 4.3 and 3.5 percent, respectively. According to results, for every one percent increase in inbreeding, rate of inbreeding depression for the traits including the body weight in 1 day, 8 weeks and 12 weeks, age at sexual maturity, weight at sexual maturity, egg number, average weight of eggs and egg weight at first day was -0.008, -2.52, -3.51, 0.23, -3/97, -0.13, 0/02 and 0.06, respectively. Based on the results of the present study, although in closed populations under genetic selection, the absence of inbred bird is almost impossible, but, the reduction of inbreeding can be achieved by controlling the matings, which prevents the adverse effects of inbreeding in the population.

Keywords: Economic traits, Inbreeding, Native chicken, Pedigree, Trend

مقدمه

نژادهای مختلف مرغ بومی نقش مهمی را در اقتصاد روستایی بیش‌تر کشورهای در حال توسعه و توسعه نیافته ایفا می‌کنند. با پرورش آن‌ها در بخش‌های فقیرنشین و حاشیه‌نشین روستایی، پرورش‌دهندگان می‌توانند درآمد کمکی کسب کرده و گوشت و تخم مرغ مغذی آن‌ها را برای مصرف خود مورداستفاده قرار دهند [۱۸].

عملکرد مرغ‌های بومی را می‌توان با تغییر در نحوه پرورش، تغذیه و پوشش بهداشتی بهتر بهبود بخشید. با این‌حال، بهبود ژنتیکی ممکن است فقط از طریق روش انتخاب و یا آمیخته‌گری به تنهایی و یا این‌که با استفاده از هر دو روش انجام شود. بهبود از طریق انتخاب ممکن است زمان‌بر باشد اما این پیشرفت دائمی خواهد بود [۱۸]. با توجه به اهمیت پرورش، توسعه و افزایش بهره‌وری نژادهای مختلف مرغ بومی در کشور، برنامه تکثیر این نژادها در قالب تأسیس ایستگاه‌های اصلاح نژادی در شش استان شامل اصفهان، خراسان‌رضوی، فارس، یزد، آذربایجان غربی و مازندران اجرایی شد. هم‌چنین در جهت بهبود این نژادها، اصلاح نژاد صفات اقتصادی مهم در این ایستگاه‌ها از سال‌ها قبل آغاز شده است.

حفظ سطح بالای تنوع ژنتیکی و سطح پایین هم‌خونی یک هدف اصلی در برنامه‌های حفاظتی به‌شمار می‌رود. برای جلوگیری از اثرات سوء هم‌خونی بر صفات مرتبط با شایستگی، که می‌تواند بقای جمعیت‌ها را به خطر اندازد، باید سطح هم‌خونی را تا حد ممکن پایین نگه داشت [۹]. اصطلاح پس‌روی ناشی از هم‌خونی که توسط Dickerson [۸] مطرح شد، به افت میانگین عملکرد صفات رشد، تولیدی، تولیدمثلی، بقا و سلامت حیوانات جامعه به‌ازای افزایش سطحی از هم‌خونی در جمعیت اطلاق می‌شود. اثر منفی هم‌خونی در گله که سبب کاهش شاخص‌های تولیدی و تولیدمثلی می‌شود، مربوط به این

واقعیت است که افراد هم‌خون اغلب سازگاری کم‌تری برای مواجهه با تغییرات محیطی دارند، که سبب می‌شود حساس‌تر و ضعیف‌تر گردند [۳].

ایستگاه‌های اصلاح نژادی مرغ بومی در کشور عملیات اصلاح نژاد (انتخاب) و برنامه‌های آمیزشی هدف‌مند را به‌طور عمده براساس اطلاعات شجره‌ای پیش برده‌اند. به‌منظور ارزیابی کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی و هم‌چنین طراحی برنامه آمیزش پرندگان ایستگاه ضروری است تا مطالعات جامع در خصوص هم‌خونی جمعیت ایستگاه انجام شود. هدف از انجام پژوهش حاضر محاسبه ضریب هم‌خونی، بررسی روند تغییرات هم‌خونی و ارزیابی اثرات پس‌روی ناشی از آن بر برخی از صفات اقتصادی با استفاده از داده‌های شجره‌ای جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان در طی ۲۱ نسل بود.

مواد و روش‌ها

مرکز پشتیبانی و اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان به‌عنوان یکی از مراکز مهم پرورش مرغ بومی کشور در سال ۱۳۵۹ آغاز به کار نمود و در سال ۱۳۶۵ به مرکز کنونی انتقال یافت که در ۲۵ کیلومتری جنوب شرقی شهر اصفهان در نزدیکی روستای کبوترآباد واقع شده است. در این ایستگاه که یکی از مهم‌ترین اهداف آن بهبود صفات اقتصادی مرغ‌های بومی اصفهان می‌باشد، انتخاب پرندگان براساس ارزش‌های اصلاحی برآوردشده برخی از صفات اقتصادی پراهمیت در هر نسل از طریق تجزیه و تحلیل چهار صفتی بر پایه مدل حیوانی انجام می‌شود. به‌دنبال انتخاب پرندگان هر نسل به تعداد ۸۰ خروس و ۸۰ مرغ، برنامه آمیزشی مناسبی با استفاده از نرم‌افزار CFC (نسخه یک) [۲۱] طراحی می‌شود. سپس به‌منظور جلوگیری از افزایش هم‌خونی در جمعیت ایستگاه، برنامه آمیزشی طراحی‌شده بر مبنای حداقل رابطه خویشاوندی در پرندگان منتخب اجرا می‌شود.

تولیدات دامی

برآورد پس‌روی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان

در مرغ‌های بومی ایستگاه می‌باشد. در این پژوهش، هشت صفت در جمعیت ایستگاه مورد مطالعه قرار می‌گیرند، که شامل وزن بدن (یک روزگی، هشت هفتگی و ۱۲ هفتگی)، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ (در ۱۲ هفته اول تولید)، میانگین وزن تخم‌مرغ (در هفته ۲۸، ۳۰ و ۳۲) و وزن اولین تخم‌مرغ می‌باشند. آماره‌های توصیفی صفات تولیدی و تولیدمثلی در جمعیت ایستگاه مرغ بومی اصفهان در جدول (۲) آورده شده است.

در پژوهش حاضر، ابتدا داده‌های شجره ایستگاه از طریق نرم‌افزارهای Foxpro (نسخه ۲.۶) و Excel (نسخه ۲۰۱۰) بررسی و ویرایش شدند و سپس فایل‌های لازم جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها آماده‌سازی شد. از آنجایی که وجود اسلاف مشترک و شجره کامل پرندگان در محاسبه ضریب هم‌خونی از اهمیت بالایی برخوردار است، لذا از تمام داده‌ها و روابط خویشاوندی ثبت شده در شجره برای برآورد هم‌خونی فردی استفاده شد. با استفاده از نرم‌افزار CFC، ضریب هم‌خونی فردی و مادری تمام پرندگان موجود در شجره برآورد شد و آماره‌های توصیفی این ضرایب بر مبنای جمعیت پرندگان هم‌خون در تمام دوره، درصد در کل جمعیت و نسل برآورد شد. به‌دنبال آن، توزیع فراوانی جمعیت مرغ‌های ایستگاه به تفکیک گروه‌های مختلف هم‌خونی انجام شد (جدول ۴).

در این سیستم آمیزشی، به‌ازای هر ۱۱ مرغ یک خروس در نظر گرفته می‌شود. سیستم آمیزشی ایستگاه به‌صورت تلقیح مصنوعی می‌باشد و تمام جوجه‌های هر نسل در همان نسل نگه‌داری و پرورش می‌یابند. در پژوهش حاضر، داده‌های ۹۷۲۷۲ پرنده که در طی ۲۱ نسل در ایستگاه مرغ بومی اصفهان جمع‌آوری شده بودند مورد استفاده قرار گرفتند. اطلاعات ساختار شجره در طی ۲۱ نسل به‌طور خلاصه در جدول (۱) ارائه شده است.

جدول ۱. اطلاعات شجره‌ای جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد

مرغ بومی اصفهان

شجره	تعداد
تعداد کل پرندگان	۹۷۲۷۲
تعداد پرندگان هم‌خون	۷۷۳۱۳
تعداد کل پدرها	۱۹۱۱
تعداد کل مادرها	۱۱۵۱۲
تعداد کل پرندگان دارای نتاج	۱۳۴۲۳
تعداد کل پرندگان بدون نتاج	۸۴۶۴۱
متوسط تعداد معادل‌های نسلی مجزا (۲۱ نسل)	۸/۷۷۶

با توجه به این‌که اهداف اصلاح نژادی ایستگاه در جهت تولید مرغ دومنظوره (تخم‌گذار و گوشتی) با هدف پرورش آن‌ها در شرایط روستایی و نیمه‌صنعتی متمرکز شده است، معیار انتخاب نیز بهبود عملکرد صفات رشد و تخم‌گذاری

جدول ۲. آماره‌های توصیفی صفات تولیدی و تولیدمثلی در جمعیت ایستگاه مرغ بومی اصفهان

آماره‌های توصیفی	وزن بدن در یک‌روزگی (گرم)	وزن بدن در ۸ هفتگی (گرم)	وزن بدن در ۱۲ هفتگی (گرم)	سن بلوغ جنسی (روز)	وزن بلوغ جنسی (گرم)	تعداد تخم‌مرغ (تعداد)	وزن اولین تخم‌مرغ (گرم)	میانگین وزن تخم‌مرغ (گرم)
تعداد رکوردها	۸۷۴۱۹	۸۴۳۲۲	۸۲۴۲۲	۳۵۴۶۷	۳۵۹۳۲	۳۵۵۰۴	۳۲۳۸۳	۳۴۷۶۸
میانگین	۳۷/۷۹	۸۶۳/۵۹	۱۳۹۸/۳۴	۱۷۱/۳۵	۱۹۵۷/۴۱	۴۷/۵۰	۴۱/۴۵	۵۰/۱۶
انحراف معیار	۳/۴۳	۱۵۸/۷۲	۲۴۴/۸۶	۲۰/۰۴	۲۳۱/۵۵	۱۶/۳۸	۵/۰۷	۳/۹۹
حداقل	۲۰/۵۰	۳۰۰	۶۰۰	۱۲۱	۱۰۰۰	۱	۲۰	۳۰
حداکثر	۵۹	۱۵۰۰	۲۵۰۰	۲۷۰	۲۷۶۰	۹۸	۷۸	۸۴/۸۴
ضریب تغییرات (درصد)	۹/۰۸	۱۸/۳۸	۱۷/۵۱	۱۱/۷۰	۱۱/۸۳	۳۴/۴۸	۱۲/۲۴	۷/۹۶

تولیدات دامی

دوره ۲۳ ■ شماره ۳ ■ پاییز ۱۴۰۰

در این رابطه‌ها، y بردار مشاهدات؛ b بردار اثرات ثابت و متغیرهای همراه حاوی اثر ثابت نسل نوبت جوجه‌کشی (GH) مؤثر بر کل صفات و اثر جنس مؤثر بر صفات وزن بدن در یک روزگی، وزن بدن در هشت و ۱۲ هفتگی و متغیر کمکی تعداد روزهای رکوردگیری مؤثر بر صفت تعداد تخم‌مرغ؛ a بردار اثرات ژنتیکی مستقیم؛ m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و c بردار اثرات محیطی مشترک مادری می‌باشد. همچنین X ماتریس ضرایب که اثرات ثابت را به مشاهدات مربوط می‌کند؛ Z_1 ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم را به مشاهدات مربوط می‌کند؛ Z_2 ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را به مشاهدات مربوط می‌کند؛ Z_3 ماتریس ضرایب که اثرات محیطی مشترک مادری را به مشاهدات مربوط می‌کند؛ e بردار اثرات باقیمانده و $Cov(a,m)$ کواریانس اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری است.

نتایج و بحث

در این پژوهش، ضریب هم‌خونی و اثرات پس‌روی ناشی از آن بر صفات اقتصادی مهم در مرغ بومی اصفهان با استفاده از داده‌های شجره‌ای ۹۷۲۷۲ پرند شامل ۴۴۷۰۶ پرنده نر (۴۵/۹۶ درصد از کل جمعیت) و ۵۲۵۶۶ پرنده ماده (۵۴/۰۴ درصد از کل جمعیت) برآورد شدند. براساس نتایج به‌دست‌آمده، ۷۹/۴۸ درصد پرندگان جمعیت مورد مطالعه هم‌خون بودند. میانگین‌های هم‌خونی به تفکیک نسل در جدول (۳) ارائه شده است. در جمعیت مورد مطالعه، شمار پرندگان هم‌خون زیاد بود، اما مقدار هم‌خونی بیش‌تر آن‌ها کم‌تر از ۱۰ درصد برآورد شد به‌جز نسل ۲۱ که میانگین هم‌خونی فردی در آن برابر ۰/۱۱۳۶ بود. اما همین مقدار کم هم‌خونی نیز، ممکن است سبب کاهش عملکرد برخی از صفات شود. بنابراین، به‌منظور جلوگیری از افزایش هم‌خونی

در این پژوهش، مقدار تابعیت صفات از هم‌خونی فردی و مادری از طریق روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده براساس شش مدل مختلف حیوانی، با لحاظ نمودن متغیر کمکی در مدل (ضریب هم‌خونی فردی و مادری)، با استفاده از نرم‌افزار Wombat (نسخه یک) [۱۴] برآورد شد. شش مدل آماری در نظر گرفته شد که در نهایت مدل مناسب از طریق آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) انتخاب شد. در آزمون LRT، هر مدلی که بیش‌ترین مقدار لگاریتم درست‌نمایی را داشته باشد، به‌عنوان مدل مبنای نظر گرفته شد. سپس χ^2 با استفاده از تفاوت لگاریتم درست‌نمایی با استفاده از رابطه (۱) محاسبه شد [۱۲]:

$$\chi^2 = \text{رابطه (۱)}$$

$$-2(\text{Log likelihood} - \text{مدل موردنظر} - \text{Log likelihood})$$

مقدار این تفاوت برای تمام مدل‌ها محاسبه و با χ^2 جدول مقایسه شد. در هر صورت، مدلی که بیش‌ترین مقدار لگاریتم درست‌نمایی را نشان دهد، مناسب‌ترین مدل می‌باشد، اما در حالتی که آزمون χ^2 آن معنی‌دار است بر سایر مدل‌ها به لحاظ آماری برتری دارد. در حالتی که تفاوت بین مدل‌ها به لحاظ آماری معنی‌دار نباشد ($P < 0/05$)، می‌توان ساده‌ترین مدل را به‌عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب کرد. همچنین در این پژوهش براساس نتایج مدل مناسب، میزان تابعیت از هم‌خونی فردی و مادری برای هر صفت برآورد شد. رابطه‌های (۲) تا (۷) در این پژوهش مطالعه شدند:

$$y = Xb + Z_1a + e \quad \text{رابطه (۲)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3c + e \quad \text{رابطه (۳)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{Cov}(a,m) = 0 \quad \text{رابطه (۴)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{Cov}(a,m) \neq 0 \quad \text{رابطه (۵)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{رابطه (۶)}$$

$$\text{Cov}(a,m) = 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{رابطه (۷)}$$

$$\text{Cov}(a,m) \neq 0$$

برآورد پس‌روی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان

در پژوهش حاضر، میانگین هم‌خونی فردی پرندگان نر و ماده به میزان چهار درصد برآورد شد. در برآورد مقدار صحیح هم‌خونی در یک جمعیت، دو عامل یعنی نحوه ثبت شجره (کامل و ناقص) و هم‌چنین کنترل دقیق آمیزش‌ها اثر مستقیم بر مقادیر برآورد شده دارند. گزارش شده است که مقدار اطلاعات شجره که از آن هم‌خونی برآورد می‌شود، بر برآوردهای پس‌روی ناشی از هم‌خونی اثر می‌گذارد. هم‌چنین براساس گزارش‌های پژوهش‌گران، شجره ناقص سبب کاهش میانگین برآورد هم‌خونی و واریانس این برآوردها در گروه‌هایی از گاوها می‌شود [6]. علاوه بر کیفیت شجره، عمق شجره نیز عامل مهم دیگری در برآورد دقیق‌تر ضریب هم‌خونی در جمعیت به‌شمار می‌آید. عمق شجره را می‌توان از طریق محاسبه متوسط تعداد معادل‌های نسلی مجزا به‌عنوان یکی از پارامترهای بیان عمق شجره بررسی نمود. این پارامتر برای هر نسل از شجره پرندگان ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان برآورد گردید (جدول ۳). با توجه به نتایج پژوهش حاضر می‌توان دریافت که شجره جمعیت ایستگاه کامل است و آمیزش‌ها به‌طور تصادفی انجام نمی‌شود.

از آنجایی که ضرایب هم‌خونی برآوردشده برای پرندگان ایستگاه متفاوت می‌باشند، در هشت گروه متمایز دسته‌بندی شدند (جدول ۴)، فراوانی پرندگان ایستگاه را با توجه به ضرایب هم‌خونی‌شان در دسته‌های مختلف نمایش می‌دهد.

همان‌طورکه در جدول (۴) نشان داده شده است، ۲۰/۵۲ درصد از پرندگان دارای ضریب هم‌خونی صفر می‌باشند. علت وجود این تعداد پرنده غیرهم‌خون در ایستگاه ممکن است با نبود داده‌های برخی از والدین و یا انجام آمیزش‌های کنترل‌شده در جمعیت مرتبط باشد.

در جمعیت ایستگاه، ضروری است که برنامه آمیزشی جمعیت در نسل‌های بعدی با دقت بیش‌تری طراحی و اجرا شود. همان‌طورکه نتایج نشان داد، میانگین هم‌خونی مادری کم‌تر از هم‌خونی فردی بود. کم‌ترین و بیش‌ترین میزان هم‌خونی در کل جمعیت به‌ترتیب برابر با صفر و ۳۰ درصد و در پرندگان هم‌خون این مقدار به‌ترتیب برابر با ۰/۲ و ۳۰ درصد برآورد شد.

جدول ۳. تغییرات میانگین هم‌خونی فردی و مادری طی

نسل پرندگان	نسل‌های مختلف		
	تعداد کل	میانگین هم‌خونی فردی	میانگین هم‌خونی مادری
۱	۱۰۶۹	۰	۰/۵
۲	۴۰۶	۰	۰/۶۱
۳	۲۱۹۵	۰	۰/۸۲
۴	۲۰۵۷	۰	۰/۵۳
۵	۱۸۴۶	۰	۱/۰۵
۶	۲۲۸۱	۰/۰۰۰۶	۲/۰۶
۷	۵۵۷۷	۰/۰۰۴۶	۳/۰۶
۸	۶۰۹۵	۰/۰۰۲۴	۴/۰۷
۹	۹۰۷۸	۰/۰۱۱۸	۵/۰۷
۱۰	۷۴۲۵	۰/۰۱۸۷	۶/۰۷
۱۱	۷۱۲۶	۰/۰۲۹۰	۷/۰۸
۱۲	۸۴۹۹	۰/۰۳۰۵	۸/۰۷
۱۳	۶۰۵۴	۰/۰۳۹۳	۹
۱۴	۲۴۷۳	۰/۰۴۵۳	۱۰/۰۴
۱۵	۲۸۳۵	۰/۰۵۴۹	۱۱/۰۷
۱۶	۳۶۰۰	۰/۰۶۳۷	۱۲/۰۷
۱۷	۳۴۰۰	۰/۰۷۴۷	۱۳/۰۷
۱۸	۳۶۰۰	۰/۰۸۱۱	۱۴/۰۷
۱۹	۶۵۳۳	۰/۰۹۲۶	۱۵/۰۷
۲۰	۷۶۰۱	۰/۰۹۸۲	۱۶/۰۷
۲۱	۷۵۲۱	۰/۱۱۳۶	۱۷/۰۷

جدول ۴. فراوانی جمعیت پرندگان ایستگاه براساس

گروه‌های مختلف هم‌خونی

فراوانی نسبی (درصد)	تعداد پرندگان	گروه‌های ضرایب هم‌خونی (درصد)
۲۰/۵۲	۱۹۹۵۹	F=۰
۴۱/۸۰	۴۰۶۶۳	۰<F≤۵
۲۶/۶۶	۲۵۹۳۲	۵<F≤۱۰
۱۰/۷۷	۱۰۴۸۱	۱۰<F≤۱۵
۰/۲۱	۲۰۰	۱۵<F≤۲۰
۰	۰	۲۰<F≤۲۵
۰/۰۳	۲۹	۲۵<F≤۳۰
۰/۰۰۸	۸	۳۰<F≤۳۵

هم‌خونی فردی و مادری در کل جمعیت به ترتیب برابر با ۴/۴ و ۳/۵ درصد و میانگین هم‌خونی فردی و مادری در جمعیت هم‌خون به ترتیب برابر با ۵/۵ و ۵/۴ درصد بود. شباهت تقریبی این میانگین‌ها ناشی از کم بودن تعداد پرندگان هم‌خون با هم‌خونی بالا در جمعیت می‌باشد.

ارزیابی روند تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در جمعیت ایستگاه (طی ۲۱ نسل) نشان داد که یک روند افزایشی برای متوسط ضریب هم‌خونی فردی پرندگان در جمعیت وجود دارد، به طوری که میزان تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در سال برای کل جمعیت از طریق برازش رگرسیون خطی هم‌خونی بر نسل به ترتیب $0/05 \pm 0/006$ و $0/04 \pm 0/005$ محاسبه شدند (شکل ۱).

همان‌طور که در شکل (۱) مشخص است، در پنج نسل ابتدایی هم‌خونی جمعیت صفر بود. ناشناخته بودن اطلاعات شجره به‌عنوان مهم‌ترین عامل بین افراد غیرخویشاوند در پنج نسل اول از دلایل احتمالی صفر بودن هم‌خونی می‌باشد.

پژوهش انجام‌شده روی رکوردهای عملکردی دو سویه مرغ تخم‌گذار (لگهورن سفید و نیوهمشایر) در طی نه نسل (سال) نشان داد که در نسل‌های اول مقدار میانگین هم‌خونی جمعیت صفر می‌باشد و سپس در نسل‌های بالاتر افزایش می‌یابد. این روند به این دلیل نمایان شد که سطوح هم‌خونی صفر در دو نسل اول، تحت تأثیر اطلاعات شجره موجود قرار گرفتند [۲۳]. در پژوهشی دیگر بر روی مرغ‌های بومی مازندران در طی ۲۶ نسل، پژوهش‌گران میزان هم‌خونی جمعیت را در پنج نسل اول برابر با صفر برآورد کردند [۱۱] که با نتایج پژوهش حاضر و پژوهش قبلی مطابقت می‌کند.

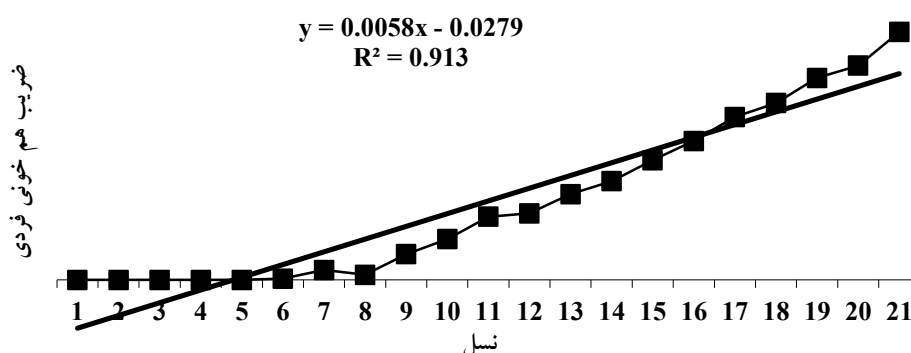
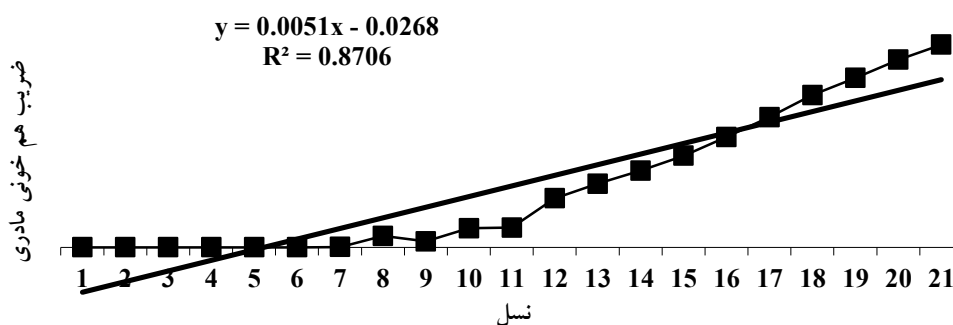
در پژوهش حاضر، ۵۷۳۴ پرنده در جمعیت، یک یا دو والد ناشناخته دارند.

هم‌چنین سایر پرندگان که هم‌خون هستند و ضرایب هم‌خونی متفاوتی را نشان می‌دهند در هفت گروه قرار گرفتند، به طوری که فراوانی پرندگان هم‌خون در گروه هم‌خونی بین صفر تا پنج درصد برابر ۴۱/۸۰ درصد، بین پنج تا ۱۰ درصد برابر ۲۶/۶۶ درصد، بین ۱۰ تا ۱۵ درصد برابر ۱۰/۷۷ درصد، بین ۱۵ تا ۲۰ درصد برابر ۰/۲۱ درصد، بین ۲۰ تا ۲۵ درصد برابر ۰/۰۳ درصد و بین ۲۵ تا ۳۰ درصد برابر ۰/۰۰۸ درصد بود. پرندگانی که ضرایب هم‌خونی آن‌ها بین صفر تا پنج درصد بود، بیش‌ترین جمعیت پرندگان هم‌خون را تشکیل می‌دهند. نتایج نشان داد که گروه هم‌خونی بیش از ۳۰ درصد، کم‌ترین تعداد پرندگان هم‌خون (۰/۰۰۸ درصد از جمعیت) را شامل می‌شود، که آمیزش‌های خویشاوندی نزدیک را می‌توان به‌عنوان دلیل احتمالی برای این پدیده عنوان کرد.

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که با وجود بالا بودن شمار پرندگان هم‌خون جمعیت، میانگین هم‌خونی بسیار پایین است. این نتیجه به دلیل پایین بودن مقدار هم‌خونی پرندگان هم‌خون حاصل شده است. میانگین

تولیدات دامی

برآورد پس روی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان



شکل ۱. روند تغییرات هم‌خونی فردی و مادری در کل جمعیت در طی ۲۱ نسل

نسل‌ها تقریباً مشابه هم بود. با اجرای آمیزش‌های کنترل‌شده در ایستگاه، مقادیر میانگین هم‌خونی برآوردشده در طی نسل‌ها کاملاً مورد انتظار بود. نتایج تجزیه و تحلیل شجره نشان می‌دهد که با توجه به پیشرفت ژنتیکی به‌دست‌آمده در صفات اقتصادی پرندگان ایستگاه، مقدار هم‌خونی در جمعیت پرندگان ایستگاه به شکل مناسبی کنترل شده است. هم‌چنین در این مطالعه، میزان ضریب تابعیت میانگین هم‌خونی در سال برابر با ۰/۰۰۶ برآورد شد که این مقدار در مقایسه با نتایج مطالعه دیگر [۲۲] بسیار پایین‌تر بود. پژوهش‌گران میزان افزایش میانگین هم‌خونی در هر نسل را برای چهار خطوط مختلف ۱/۲۴، ۱/۱۴، و ۰/۱۸ درصد برآورد کردند. پیشنهاد شده است که میزان هم‌خونی تا سطح ۰/۵ درصد در سال، باید در برنامه‌های اصلاح نژاد دام قابل قبول باشد، زیرا این مقدار منجر به یک ضریب تغییرات کم‌تر از ۱۰ درصد در پاسخ

در مفهومی دیگر، شجره‌ای با این تعداد والد ناشناخته، تعدادی جد مشترک ناشناخته دارد که ناشناختگی اجداد مشترک ممکن است به معنی حذف آن‌ها از شجره تعبیر شود. پس از نسل پنجم، به‌تدریج میزان هم‌خونی جمعیت افزایش یافت. بیش‌ترین میانگین هم‌خونی در نسل ۲۱ قابل مشاهده است. مطالعات مختلف نشان داده‌اند که ارزیابی‌های ژنتیکی از طریق مدل حیوانی BLUP با استفاده از اطلاعات شجره، سبب انتخاب حیواناتی می‌شود که به لحاظ ژنتیکی شباهت بیش‌تری به هم دارند و آمیزش تصادفی آن‌ها میزان هم‌خونی را افزایش می‌دهد. افزایش هم‌خونی ناشی از این است که احتمال خویشاوندبودن حیوانات با ارزش اصلاحی مشابه بیش از حیواناتی است که ارزش اصلاحی متفاوتی دارند [۱۵ و ۲۰].

همان‌طور که در شکل (۱) مشخص است، ساختار هم‌خونی فردی و مادری در جمعیت پرندگان ایستگاه طی

تولیدات دامی

دوره ۲۳ ■ شماره ۳ ■ پاییز ۱۴۰۰

۲/۵۲ گرم، ۳/۵۱ گرم و ۳/۹۷ گرم کاهش یافت. نکته قابل توجه این که هم‌خونی تأثیر معنی‌داری بر وزن یک روزگی پرندگان نداشت. با افزایش هر یک درصد هم‌خونی مادری، وزن بدن در ۱۲ هفتگی به میزان ۰/۰۶۸ گرم افزایش داشت. با توجه به این نتیجه می‌توان استنباط کرد که تأثیر هم‌خونی مادری در این صفت نسبتاً بالاتر است. براساس پژوهش انجام‌شده در مورد سویه مرغ تخم‌گذار لگهورن سفید، نشان داده شد که به‌ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی، وزن بدن به مقدار چهار گرم کاهش می‌یابد [۲۳]. هم‌چنین نتایج پژوهش‌های دیگر [۱ و ۵] در خصوص اثرات منفی هم‌خونی بر صفات وزن بدن به‌ترتیب بر روی یک خط گوشتی و بوقلمون با نتایج پژوهش حاضر نسبتاً مطابقت داشت.

نتایج مطالعه حاضر نشان داد که سن بلوغ جنسی به‌ازای افزایش هم‌خونی فردی به‌طور نامطلوبی افزایش می‌یابد (۰/۲۳) روز به‌ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی) که با نتایج مطالعه‌ای بر روی خطوط مختلف لگهورن سفید نسبتاً مطابقت می‌کند. در این مطالعه به‌طور متوسط در تمام خطوط، هر ۱۰ درصد افزایش در هم‌خونی مرغ منجر به تأخیر یک روزه در بلوغ جنسی شد [۱۹].

انتخاب در طی یک دوره ده ساله انتخاب می‌شود [۱۶]. بنابراین با توجه به این مقدار، مقدار هم‌خونی برآوردشده در جمعیت ایستگاه در سطح مطلوبی قرار دارد.

یکی از پیامدهای منفی هم‌خونی در نژادهای مختلف طیور، کاهش میانگین صفات مختلف تولیدی و تولیدمثلی می‌باشد. براساس پژوهش انجام‌شده بر خطوط لگهورن سفید، افزایش هم‌خونی در طی نسل‌ها به میزان قابل‌توجهی مشاهده شد و تمام خطوط در برابر هم‌خونی واکنش متفاوتی نشان دادند. به‌طوری‌که، در برخی از آن‌ها با بالا رفتن میزان هم‌خونی جمعیت، صفات تعداد تخم‌مرغ، درصد باروری و درصد جوجه‌دهی تخم‌های بارور کاهش معنی‌داری را نشان می‌دهند. هم‌چنین در این پژوهش نشان داده شد که با افزایش هم‌خونی، سن بلوغ جنسی افزایش می‌یابد. به‌طورکلی، تمام خطوط در برابر هم‌خونی واکنش متفاوتی نشان دادند [۲۲]. در جدول (۵)، براساس بهترین مدل برای هر صفت، ضریب تابعیت صفات از ضریب هم‌خونی فردی و مادری آورده شده است.

همان‌طور که در جدول (۵) نشان داده شده است، با افزایش هر یک درصد هم‌خونی فردی، وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی و هم‌چنین وزن بلوغ جنسی به‌ترتیب به میزان

جدول ۵. ضریب تابعیت صفات مورد مطالعه از ضریب هم‌خونی فردی و مادری

هم‌خونی مادری	هم‌خونی فردی	صفات
۰/۰۰۰۱±۰/۰۱	-۰/۰۰۸±۰/۰۰۰۱	وزن بدن در یک روزگی
۰/۰۰۰۰۲±۰/۰۳	-۲/۵۲±۰/۰۰۰۱	وزن بدن در ۸ هفتگی
۰/۰۰۰۳±۰/۶۸	-۳/۵۱±۰/۰۰۰۱	وزن بدن در ۱۲ هفتگی
۰/۰۰۰۱±۰/۰۵	۰/۲۳±۰/۰۰۰۱	سن بلوغ جنسی
۰/۰۰۰۱±۱/۳۸	-۳/۹۷±۰/۰۰۰۱	وزن بلوغ جنسی
۰/۰۰۰۰۱±۰/۰۵	-۰/۱۳±۰/۰۰۰۰۱	تعداد تخم‌مرغ در ۸۴ روز اول تولید
۰/۰۰۰۰۲±۰/۰۷	۰/۰۶±۰/۰۰۰۰۲	وزن اولین تخم‌مرغ
۰/۰۰۰۰۱±۰/۰۴	۰/۰۲±۰/۰۰۰۰۱	میانگین وزن تخم‌مرغ در ۲۸-۳۰-۳۲ هفتگی

شد [۲۴]. پژوهش‌گران گزارش کردند که هر ده درصد افزایش هم‌خونی، سبب کاهش میانگین وزن تخم‌مرغ به مقدار ۰/۳۶ گرم می‌شود [۱]، اما در پژوهشی دیگر [۱۷] به‌ازای همین مقدار هم‌خونی، کاهش میانگین وزن تخم‌مرغ به مقدار ۰/۶ گرم گزارش شد. هم‌چنین در مطالعاتی که روی وزن تخم بوقلمون تجاری [۵] انجام شد، کاهش وزن تخم ناشی از افزایش هم‌خونی گزارش شد. هم‌چنین، در پژوهشی دیگر که در مورد مرغ‌های تخم‌گذار خالص و هیبرید انجام شد، گزارش شد که تأثیر هم‌خونی بر صفت وزن تخم‌مرغ نزدیک به صفر می‌باشد [۴].

در پژوهش حاضر، مدل شش به‌عنوان مناسب‌ترین مدل برای صفات وزن بدن در هشت هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ انتخاب شد. هم‌چنین مدل‌های یک، دو و پنج به‌ترتیب به‌عنوان مناسب‌ترین مدل برای صفات وزن اولین تخم‌مرغ، وزن بدن در ۱۲ هفتگی و وزن بدن در یک روزگی انتخاب شدند. در این مطالعه، لگاریتم درست‌نمایی، وراثت‌پذیری مستقیم، وراثت‌پذیری مادری و نسبت واریانس محیط دائمی مادر به واریانس فنوتیپی برای جمعیت ایستگاه با هدف برآزش مناسب‌ترین مدل برای هر صفت برآورد شدند. برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم برای صفات وزن بدن در یک روزگی، وزن بدن در هشت و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، میانگین وزن تخم‌مرغ و وزن اولین تخم‌مرغ براساس مناسب‌ترین مدل به‌ترتیب ۰/۳۴، ۰/۲۷، ۰/۴۰، ۰/۴۲، ۰/۱۱، ۰/۴۵ و ۰/۲ می‌باشند (جدول ۶).

نتایج برآوردهای وراثت‌پذیری در مطالعه حاضر، با نتایج مطالعات انجام‌شده در مرغ‌های بومی ایران تقریباً مطابقت دارند [۱۰ و ۱۱].

در مطالعه‌ای دیگر در خصوص افزایش سن بلوغ جنسی ناشی از پس‌روی هم‌خونی بر روی دو سویه مرغ تخم‌گذار (لگهورن سفید و نیوهمشایر)، برای هر یک از سویه‌ها نتایج متفاوتی نشان داده شد، به‌طوری‌که در مورد سویه لگهورن سن اولین تخم‌گذاری ۰/۱۵۹ روز افزایش و در سویه نیوهمشایر ۰/۱۲۸ کاهش می‌یابد [۲۳].

در پژوهش حاضر، برآورد اثر هم‌خونی بر صفت وزن بلوغ جنسی نشان داد که به‌ازای هر یک درصد افزایش هم‌خونی فردی و مادری، وزن بلوغ جنسی به‌ترتیب ۳/۹۷ و ۱/۳۸ گرم کاهش می‌یابد. همان‌طور‌که مشخص است اثر هم‌خونی فردی بر روی این صفت بیش از دو برابر اثر هم‌خونی مادری می‌باشد (جدول ۵). تأثیر هم‌خونی فردی و مادری بر صفات وزن بدن در یک روزگی، میانگین وزن تخم‌مرغ و وزن اولین تخم‌مرغ به‌ترتیب (۰/۰۰۸- و ۰/۰۱-)، (۰/۰۲ و ۰/۰۴-) و (۰/۰۶ و ۰/۰۷-) گرم برآورد شد، که بیان‌گر آن است اثر هم‌خونی بر این صفات در جمعیت ایستگاه ناچیز می‌باشد. در پژوهشی دیگر، پارامترهای ژنتیکی، میزان هم‌خونی و اثرات هم‌خونی برای صفات تولیدی تخم‌مرغ و رشد در جوجه‌های بومی تایلند برآورد شدند. براساس گزارش آن‌ها، ضریب هم‌خونی در طی سال‌ها به میزان ۰/۰۹ درصد در هر سال افزایش پیدا کرد. این مقدار هم‌خونی (۰/۰۹ درصد) در هر نسل در سطح پذیرفته‌شده عمومی قرار دارد که اغلب در حدود یک درصد در هر نسل در نظر گرفته می‌شود. پژوهش‌گران نشان دادند که هم‌خونی بر صفت وزن بدن در یک روزگی اثر منفی دارد. به‌طورکلی، هم‌خونی تأثیری بر صفات وزن بدن نداشت، به‌جز صفت وزن بدن در یک روزگی. افزایش ضریب هم‌خونی به میزان یک درصد باعث کاهش صفت وزن بدن در یک روزگی به میزان ۰/۰۹ گرم (۰/۲۹ درصد از میانگین)

جدول ۶. پارامترهای ژنتیکی برآورد شده براساس بهترین مدل برای صفات مورد بررسی

صفات	مدل	$h^2_a \pm SE$	$C^2 \pm SE$	$h^2_m \pm SE$
وزن بدن در یک روزگی	۵	۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۲۵±۰/۰۱	۰/۳۱±۰/۰۲
وزن بدن در هشت هفتگی	۶	۰/۳۴±۰/۰۲	۰/۰۴±۰/۰۰۳	۰/۰۳±۰/۰۰۵
وزن بدن در ۱۲ هفتگی	۲	۰/۲۷±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۰۳	-
سن بلوغ جنسی	۶	۰/۴۰±۰/۰۳	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱
وزن بلوغ جنسی	۶	۰/۴۲±۰/۰۲	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۲±۰/۰۱
تعداد تخم مرغ در ۸۴ روز اول تولید	۶	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۰۱±۰/۰۰۵	۰/۰۰۲±۰/۰۰۵
وزن اولین تخم مرغ	۱	۰/۱۳±۰/۰۱	-	-
میانگین وزن تخم مرغ در ۲۸-۳۰-۳۲ هفتگی	۴	۰/۴۵±۰/۰۲	-	۰/۰۴±۰/۰۱

h^2_a : وراثت پذیری مستقیم، h^2_m : وراثت پذیری مادری و C^2 : نسبت واریانس محیط دائمی مادر به واریانس فنوتیپی

تأثیر این اثر قرار دارند از مدل حذف شود، وراثت پذیری مستقیم به طور چشم گیری افزایش می یابد [۱۹].
نتایج پژوهش حاضر نشان داد که با وجود این که در ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان پرندگان به شکل بسته پرورش می یابند و تحت انتخاب ژنتیکی می باشند و احتمال پیدایش هم خونی در جمعیت بالا است، میزان هم خونی پرندگان ایستگاه در هر نسل با شیب نسبتاً ملایمی افزایش یافته است. لذا با وجود این که در جمعیت های بسته تحت انتخاب ژنتیکی، نبود پرنده غیرهم خون تقریباً غیرممکن است، اما می توان با کنترل آمیزش ها در جهت کاهش هم خونی، از پیدایش اثرات نامطلوب آن در جمعیت جلوگیری کرد. هم چنین به منظور برآورد دقیق تر هم خونی پیشنهاد می شود این پژوهش یک بار دیگر با رویکرد مولکولی مورد بررسی قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

از همکاری معاونت محترم بهبود تولیدات دامی استان اصفهان و هم چنین کارکنان ایستگاه مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی اصفهان که در اجرای پروژه نهایت همکاری را داشتند، تشکر و قدردانی می گردد.

هم چنین گزارش برآوردهای وراثت پذیری در جمعیت مرغ بومی برخی از کشورها نشان می دهد که برآوردهای مطالعه حاضر برای برخی از صفات در محدوده تقریبی برآوردهای آنها می باشد [۲۴]. مدلی که اثرات محیطی و ژنتیکی مادری را شامل شود، معمولاً به عنوان مناسب ترین مدل جهت تجزیه و تحلیل صفات رشد در نظر گرفته می شود. در پژوهشی که روی بوقلمون انجام شده است، گزارش گردید که برآورد وراثت پذیری در مراحل اولیه رشد به شدت تحت تأثیر اثرات مادری قرار گرفت [۲].
نتایج مطالعه ای دیگر روی جوجه ها نشان داد که صفات وزن بدن علاوه بر اثرات ژنتیکی، از اثرات محیطی مادری یا مشترک نیز تأثیر می پذیرند [۱۳]. در پژوهشی دیگر نشان داده شد در صورتی که اثرات ژنتیکی مادری وجود داشته باشد و در مدل صرف نظر شود، وراثت پذیری مستقیم بیش از حد برآورد می شود. بعضی اوقات نادیده گرفتن اثرات ژنتیکی مادری سبب می شود که وراثت پذیری مستقیم بیش از دو برابر وراثت پذیری مستقیم واقعی برآورد شود [۷]. در مطالعه ای دیگر بر روی جوجه های گوشتی، گزارش شد زمانی که اثرات ژنتیکی مادری برای صفاتی که به طور قابل توجهی تحت

10. Gharahdaghi AA, Ghorbani S, Kamali MA and Abbasi MA (2014) Estimation of parameters and genetic trend of economic traits in native chickens of West Azerbaijan Province. *Animal Science Journal*, 27(104): 243-254. (In Persian)
11. 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 Sciences Journal*, 33(128): 109-124. (In Persian)
12. 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.
13. Liu G, Dunnington EA and Siegel PB (1993) Maternal effects and heterosis for growth in reciprocal cross population of chickens. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 110: 423-428.
14. Meyer K (2007) WOMBAT, A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science-B*, 8:815-821.
15. Miglior F, Burnside EB and Dekkers J (1995) Nonadditive genetic effects and inbreeding depression for somatic cell counts of Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 78(5): 1168-1173.
16. Nicholas FW (1989) Incorporation of new reproductive technology in genetic improvement programmes. In: Hill WG and Mackay TFC (Eds.), *Evolution and Animal Breeding*. CAB International, Wallingford. pp. 203-209.
17. Nordskog AW, Tolman HS, Casey DW and Lin CY (1974) Selection in small populations of chickens. *Poultry Science*, 53: 1188-1219.
18. Padhi MK (2016) Importance of indigenous breeds of chicken for rural economy and their improvements for higher production performance. *Scientifica*, 2016: 2604685.
19. Pakdel A, Van Arendonk JA, Vereijken AL and Bovenhuis H (2002) Direct and maternal genetic effects for ascites-related traits in broilers. *Poultry science*, 81: 1273-1279.
20. Quinton M, Smith C and Goddard ME (1992) Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *Journal of Animal Science*, 70(4): 1060-1067.
21. 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.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

منابع مورد استفاده

1. Alipour AA (2000) Estimation of inbreeding and its effect on production and reproduction traits in a commercial broiler line. Msc. Thesis, Imam Khomeini Higher Education Center, Tehran.
2. Aslam ML, Bastiaansen JW, Crooijmans RP, Ducro BJ, Vereijken A and Groenen MA (2011) Genetic variances, heritabilities and maternal effects on body weight, breast meat yield, meat quality traits and the shape of the growth curve in turkey birds. *BMC Genetics*, 25:12-14.
3. Barros EA, Brasil LHA, Tejero JP, Delgado-Bermejo JV and Ribeiro MN (2017) Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. *Small Ruminant Research*, 149:128-133.
4. Besbes B and Gibson JP (1999) Genetic variation of egg production traits in purebred and crossbred laying hens. *Animal Science*, 68(3): 433-439.
5. Cahaner A, Abplanalp H and Shultz FT (1980) Effects of inbreeding on production traits in turkeys. *Poultry Science*, 59: 1353-1362.
6. 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.
7. Clement V, Bibe B, Verrier E., Elsen JM., Manfredi E, Bouix J and Hanocq E (2001) Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genetics Selection Evolution*, 33:369-395.
8. Dickerson GE (1963) Experimental evaluation of selection theory in poultry. *Genetics Today*. Int. Congress of Genetics, vol. 11. Proceedings, The Hague, The Netherland, 747-761.
9. Fernandez J, Villanueva B, Pong-Wong R and Toro MA (2005) Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. *Genetics*, 170: 1313-1321.

22. 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.
23. 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(2):121-129.
24. 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(7): 930-938.