دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

ارزیابی پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات رشد و بازدهی مصرف خوراک در گوسفندان نژاد مغانی

فرهاد غفوری کسبی[۱]، پویا زمانی[۲] و احمد احمدی[۳]

۱- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، (نویسنده مسوول: farhad_ghy@yahoo.com)
۲ و ۳- دانشیار و استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان
تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۰/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱/۲۶

چکیده

هدف از پژوهش پیش رو بررسی تأثیر هم‌خونی بر صفات مرتبط با رشد شامل وزن تولد (BW)، وزن شیرگیری (WW) و متوسط افزایش وزن بدن (ADG) و صفات مرتبط با بازدهی مصرف خوراک شامل ضریب کلیبر (KR) و نرخ رشد نسبی (RGR) در گوسفندان نژاد مغانی بود. به این منظور پس از ویرایش اطلاعات و آماده‌سازی فایل شجره، ضرایب هم‌خونی بره‌ها توسط نرم‌افزار CFC برآورد شد و بر اساس آن بره‌ها در سه گروه با هم‌خونی صفر (F=۰/۰۰)، هم‌خونی بین صفر تا ۵ درصد (۰/۰۰<F<۵٪) و هم‌خونی بالاتر از ۵ درصد (F>۵٪) گروه‌بندی شده و عملکرد رشد و بازدهی مصرف خوراک آنها با استفاده از میانگین صفات مورد مطالعه در سه گروه مذکور با هم مقایسه شد. به جای استفاده از ضرایب هم‌خونی خام افراد، پسروی ناشی از هم‌خونی از طریق رگرسیون نمودن صفات مورد مطالعه بر روی ضرایب انفرادی افزایش در هم‌خونی افراد (ΔF_i) در قالب یک مدل دام که شامل اثرات ثابت و تصادفی و همچنین ضرایب افزایش در هم‌خونی افراد به‌عنوان متغیر کمکی همراه بود بررسی گردید. هر صفت با استفاده از ٦ مدل توسط نرم‌افزار WOMBAT تجزیه و تحلیل شد و بهترین مدل توسط شاخص AIC انتخاب و در ادامه میزان پسروی ناشی از هم‌خونی از بهترین مدل استخراج شد. میانگین هم‌خونی در کل جمعیت ۰/۳ درصد و در جمعیت حیوانات همخون ۱/۹۹ درصد بود. روند افزایش هم‌خونی در هر سال به میزان ۰/۰۷ برآورد شد که از نظر آماری معنی‌دار نبود. تعداد مؤثر جمعیت[۱] (N_e) به میزان ۱۰۷ رأس برآورد شد که بالاتر از آستانه بحرانی مورد نیاز (۱۰۰ رأس) جهت انجام انتخاب قرار داشت. افراد هم‌خون در مقایسه با افراد غیر هم‌خون وزن تولد و شیرگیری کمتری داشته، متوسط افزایش وزن بدن آنها کمتر بود و همچنین از نظر بازده خوراک که توسط ضریب کلیبر و نرخ رشد نسبی اندازه‌گیری شده بود در سطح پایین‌تری قرار داشتند، اگرچه از نظر آماری تفاوت بین افراد هم‌خون و غیر هم‌خون معنی‌دار نبود (p>۰/۰۵). تجزیه رگرسیونی نشان داد که به ازاء یک درصد افزایش در هم‌خونی وزن تولد، وزن شیرگیری و متوسط افزایش وزن بدن به ترتیب به میزان ۱۸، ۳۱ و ۰/۳۱ گرم کاهش پیدا کرده است. این کاهش برای صفات ضریب کلیبر و نرخ رشد نسبی برابر ۰/۲٤ و ۰/۰۳ واحد بود. هم‌خونی پایین در جمعیت و برآورد بالاتر از حد بحرانی N_e نشان داد که تنوع ژنتیکی در جمعیت در حد قابل قبولی قرار دارد. پیشنهاد می‌شود که استراتژی های اعمال شده برای مهار نرخ هم‌خونی ادامه یابند تا از افزایش هم‌خونی در آینده جلوگیری شود.

واژه‌های کلیدی: گوسفند، هم‌خونی، پسروی ناشی از هم‌خونی، تعداد مؤثر جمعیت

مقدمه

مطالعه تنوع ژنتیکی نژادهای بومی برای حفاظت از منابع ژنتیکی لازم و ضروری است (۲۰،۲۱). بالغ بر ۲۶ نژاد گوسفند در ایران وجود دارد که با مناطق و اقلیم‌های مختلف سازگار شده‌اند و مخزن ژنی حاوی تنوع ژنتیکی عظیمی را به وجود آورده‌اند (۱۶). هدف از اصلاح نژاد گوسفند سودآوری از طریق بهبود یک یا چند صفت اقتصادی است. این بهبود می تواند از طریق انتخاب گوسفندان برتر به‌عنوان والدین نسل آینده بر اساس شایستگی ژنتیکی آنها برای صفات مورد نظر صورت گیرد (۱۳،۱۶). همگام با ایجاد بهبود ژنتیکی، حفظ تنوع ژنتیکی یک جمعیت برای اطمینان از پاسخ به انتخاب بلند مدت یک وظیفه مهم برنامه‌های اصلاح نژادی است (۱۴) چرا که برای انجام انتخاب وجود تنوع ژنتیکی شرط اولیه می‌باشد. زمانی که تعداد اندکی از حیوانات به‌عنوان والـدین نسل بعد انتخاب و در فـرآیند تولید مثل وارد شوند، تنوع ژنتیکی در جمعیت کاهش خواهد یافت و مخزن ژنتیکی جمعیت کوچک خواهد شد. آگاهی از وضعیت تنوع ژنتیکی در جمعیت برای برنامه‌ریزی طرح‌های اصلاح نژادی، که هم بهبود ژنتیکی در صفات و هم حداقل نزول تنوع ژنتیکی را تضمین نماید، ضروری است (۶). جهت مطالعه و بررسی تنوع ژنتیکی در یک جمعیت، روش‌های ژنتیک مولکولی و ژنتیک کمی کاربرد دارند. روش‌های کمی مورد استفاده، بیشتر مبتنی بر تجزیه و تحلیل اطلاعات شجره‌ای می‌باشند که در طی یک قرن گذشته توسط دانشمندان ژنتیک کمی و به رهبری سِوال رایت[۲] توسعه یافته‌اند (۳). آمیزش بین حیوانات خویشاوند هم‌خونی نامیده می‌شود که کاهش تنوع ژنتیکی (هتروزیگوسیتی) پیامد مستقیم آن است. بنا به تعریف دیگر، هم‌خونی عبارت است از احتمال این که دو آلل در یک جایگاه از یک جد مشترک دریافت شده باشند و میزان آن بین صفر تا ۱۰۰ درصد در تغییر است (۸). برنامه‌های اصلاح نژادی مدرن که از برآوردهای دقیق ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای صفات مختلف و همچنین روش‌های تولیدمثلی پیشرفته استفاده می‌کنند، منجر به پیشرفت ژنتیکی سریع می‌شوند اما همزمان به دلیل انتخاب افراد با خویشاوندی نزدیک افزایش در میزان هم‌خونی را نیز در پی دارند (۳۰). گزارشات حاکی از اثر مخرب هم‌خونی بر صفات عملکردی حیوانات اهلی است (۲۲،۲۳،۲۴،۴،۱۱) به گونه‌ای که در حیوانات هم‌خون در مقایسه با حیوانات دیگر کاهش قابل توجهی در عملکرد تولیدی و تولیدمثلی و همچنین بقاء حیوان مشاهده می‌شود. این مسأله پسروی ناشی از هم‌خونی[۳] نامیده می‌شود (۸). بنابراین یکی از وظایف مهم اصلاح‌گران ایجاد یک توازن بین میزان افزایش پیشرفت ژنتیکی و میزان

1- Effective Population Size 2- Swall Wright (1889-1988) 3- Inbreeding Depression

کاهش در تنوع ژنتیکی می‌باشد. اگر چه اثر هم‌خونی بر صفات عملکردی برخی نژادهای داخلی مورد بررسی قرار گرفته و نتایج آنها منتشر شده است (۲۴،۲۳،۲۲،۲،۴،۱۱)، پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات عملکردی گوسفندان نژاد مغانی خصوصاً صفات مربوط به بازدهی مصرف خوراک مانند ضریب کلیبر[1] (۱۳) و نرخ رشد نسبی[2] (۵) مورد مطالعه قرار نگرفته است. لذا، هدف از این پژوهش بررسی هم‌خونی و اثرات آن بر صفات مرتبط با عملکرد رشد و بازدهی مصرف خوراک گوسفندان مغانی ایستگاه جعفرآباد مغان بوده است.

مواد و روش‌ها

اطلاعات مورد نیاز این پژوهش از ایستگاه اصلاح نژاد گوسفندان نژاد مغانی واقع در جعفر آباد مغان در استان اردبیل اخذ گردید. اطلاعات مذکور بین سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۹۳ جمع‌آوری شده و شامل اطلاعات شجره‌ای و عملکردی گوسفندان نژاد مغانی بود. در این گله فصل جفت‌گیری از اوایل شهریور شروع شده و تا اواسط مهر ادامه می‌یابد. میش‌ها برای اولین بار در سن ۱۸ تا ۲۴ ماهگی با قوچ‌ها جفت گیری می‌نمایند. با استفاده از اطلاعات شجره‌ای موجود در ایستگاه، سعی می‌شود تا از آمیزش بین خویشاوندان نزدیک جلوگیری شود. نسبت جفت‌گیری ۱۵ تا ۲۰ میش به ازاء ۱ قوچ می باشد. فصل زایش از اوایل اسفند آغاز شده و تا اواخر فروردین ادامه می‌یابد. در هنگام زایش، وزن تولد بره، اطلاعات شجره‌ای و سایر اطلاعات ضروری دیگر در دفاتر مخصوص ثبت می‌شود. بره‌ها به‌طور متوسط در سن ۱۰۰ روزگی از شیر گرفته می‌شوند. هر قوچ فقط برای یک سال در فرایند جفت‌گیری وارد می‌شود که این استراتژی برای جلوگیری از افزایش هم‌خونی در گله انجام می‌شود. اما میش‌ها با توجه به وضعیت جسمانی آنها تا سن ۸ سالگی در گله نگهداری می‌شوند و برخی تا ۶ بار زایش می‌کنند. اطلاعات دریافت شده از ایستگاه در کامپیوتر ذخیره شده و مورد بازبینی و ویرایش قرار گرفت و نواقص آن برطرف شد. نواقص برطرف شده عبارت بودند از ۱) حیواناتی که شماره آنها چند بار در شجره تکرار شده بود، ۲) حیواناتی که هم به عنوان پدر و هم به‌عنوان مادر ثبت شده بودند و ۳) حیواناتی که به‌عنوان والد یکی از والدین خویش ثبت شده بودند (وقوع Loop در شجره). صفات مورد بررسی در این پژوهش صفات مرتبط با رشد شامل وزن تولد (BW) و وزن شیرگیری (WW) و متوسط افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری (ADG) و صفات مرتبط با بازدهی مصرف خوراک شامل ضریب کلیبر در سن شیرگیری (KR) و نرخ رشد نسبی در هنگام شیرگیری (RGR) بود. از آنجا که بره‌ها همگی در یک سن ثابت شیرگیری نشده بودند، اوزان بدن در سن شیرگیری برای سن استاندارد ۱۰۰ روزگی تصحیح شد. متوسط افزایش وزن روزانه از طریق رابطه ADG=WW-BW/100 به دست آمد. ضریب کلیبر از طریق تقسیم کردن متوسط افزایش وزن روزانه بر وزن متابولیک بدن در زمان شیرگیری محاسبه شد ($ADG/WW^{0.75}$) و نرخ رشد نسبی حیوانات (RGR) در جمعیت نیز با استفاده از لگاریتم‌های طبیعی وزن بدن در هنگام تولد و شیرگیری و با استفاده از رابطه $RGR=Log_eBW-Log_eWW/100$ برآورد شد. پس از آماده سازی شجره از نرم‌افزار CFC (۲۵) برای برآورد ضرایب هم‌خونی افراد حاضر در شجره استفاده شد. الگوریتم به کار رفته در این نرم‌افزار برای محاسبه هم‌خونی، الگوریتم پیشنهاد شده توسط میوسن و لو (۱۳) می‌باشد. کیفیت شجره با محاسبه تعداد نسل‌های کامل متعادل[3] برای هر فرد مورد بررسی قرار گرفت که شاخصی از عمق شجره نیز می‌باشد (۶، ۲۴،۲۲). این پارامتر برای هر فرد در جمعیت بر طبق رابطه $E_q = \sum(\frac{1}{2})^n$ به دست آمد (۷). در رابطه مذکور n تعداد نسلی است که فرد را به هر کدام از اجداد مشخص مربوط می‌کند. برای هر فرد مجموع $(\frac{1}{2})^n$ محاسبه می‌شود. از آنجا که برای برآورد این پارامتر فقط اجداد مشخص در نظر گرفته می‌شوند میزان کیفیت شجره (عمق شجره) برای هر فرد را نشان می‌دهد. هر چه مقدار عددی این پارامتر بزرگتر باشد، نشان‌دهنده این مطلب است که شجره افراد کاملتر است و به عبارتی والدین و اجداد افراد حاظر در جمعیت مشخص می‌باشند. تعداد نسل‌های کامل متعادل برای محاسبه ضریب افزایش هم‌خونی (ΔF_i) برای تمامی افراد حاضر در جمعیت بر طبق روش گوتیرز و همکاران (۷) و با استفاده از رابطه $\Delta F_i = 1 - \sqrt[E_q-1]{1-F_i}$ استفاده شد که در آن F_i ضریب هم‌خونی فرد و E_qG_i تعداد نسل‌های کامل متعادل می‌باشد. با استفاده از میانگین ΔF_i های برآورد شده، تعداد مؤثر جمعیت (Ne) با استفاده از رابطه $N_e = \frac{1}{\Delta F_t}$ به دست آمد. افراد حاظر در شجره بر اساس میزان هم‌خونی به سه گروه افراد با هم‌خونی برابر ۰/۰۰، افراد با هم‌خونی بین ۰/۰۰ تا ۵٪ و افراد با هم‌خونی بیشتر از ۵٪ تقسیم شده و عملکرد رشد و بازدهی مصرف خوراک آنها با استفاده از میانگین صفات مورد مطالعه در سه گروه مذکور با هم مقایسه شد. برای بررسی اثرات ثابت سال تولد، سن میش در هنگام زایش، جنس بره، تیپ تولد و اثرات متقابل بین آنها بر صفات مورد نظر از نرم‌افزار SAS (۲۵) استفاده گردید. بجز اثرات متقابل، بقیه عوامل روی صفات مورد بررسی معنی‌دار بودند ($p<5\%$) و در قسمت اثرات ثابت مدل دام گنجانیده شدند. پسروی ناشی از هم‌خونی از طریق رگرسیون نمودن صفات مورد مطالعه بر روی ضرایب انفرادی افزایش در هم‌خونی افراد (ΔF_i) در

1- Kleiber Ratio
2- Relative Growth Rate
3- Equivalent Complete Generations

قالب شش مدل دام (جدول ۱) با در نظرگرفتن ΔF_i به‌عنوان متغیرکمکی همراه استفاده شد. استفاده از ΔF_i به این دلیل است که بر خلاف ضرایب هم‌خونی (F)، ΔF_i تحت تأثیر عمق شجره قرار نمی‌گیرد و رابطه آن با عملکرد حیوان کاملاً به صورت خطی است و در ضمن ΔF_i با سال تولد افراد هم خطی نشان نمی‌دهد (۱۱). بنابراین، هر صفت توسط ۶ مدل حیوانی که حاوی ترکیبات مختلف از اثرات مستقیم و مادری بودند تجزیه شد. این مدل‌ها فقط در بخش عوامل تصادفی (R_j در مدل زیر) با یکدیگر متفاوت بودند و در مورد سایر اجزاء (عوامل ثابت و متغیر کمکی همراه) مشابه بودند. اجزاء واریانس–کوواریانس استفاده شده در شش مدل استفاده شده در جدول ۱ آورده شده است. مدل ۱ شامل اثرات ثابت، اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، متغیر کمکی همراه ΔF_i و اثرات باقی‌مانده بود. مدل ۲، همان مدل ۱ بود بعلاوه اثر محیطی دائمی مادری. مدل ۳ نیز همان مدل ۱ بود بعلاوه اثر ژنتیکی افزایشی مادری. در مدل‌های بعدی نیز به ترتیب اثرات دیگری گنجانیده شده‌اند به نحوی که در مدل ۶ (کامل‌ترین مدل) اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، اثر محیطی دائمی مادری، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، متغیر کمکی همراه ΔF_i) و اثرات باقی‌مانده لحاظ شده بود. استفاده از شش مدل مذکور یک روش استاندارد برای تجزیه و تحلیل صفات رشد است (۲۴،۲۲). در کل مدل خطی استفاده شده به صورت زیر بود:

$$y_{ijk} = \mu + F_i + R_j + b(\Delta F)_k + e_{ijk}$$

که در آن y_{ijk}: مشاهده مربوط به هر صفت، μ: میانگین جمعیت، F_i: بخش مربوط به عوامل ثابت، R_j: بخش مربوط به اثرات تصادفی، b ضریب رگرسیون صفت روی ضرایب افزایش در هم‌خونی افراد و e_{ijk} اثرات باقی‌مانده می‌باشند. هر صفت با استفاده از ۶ مدل تجزیه و تحلیل شد و با استفاده از شاخص اطلاعات آکائیک[1] (AIC، ۱) از بین ۶ مدل استفاده شده، مدل مناسب برای هر صفت انتخاب گردید. شاخص AIC به صورت AIC=-2Logl+2p محاسبه می‌شود که در آن Logl مقدار لگاریتم درست نمایی مدل و p تعداد پارامتر مدل می‌باشد. هر مدلی که AIC آن حداقل باشد به‌عنوان مدل مناسب انتخاب می‌شود. با توجه به مقادیر شاخص AIC، برای صفات وزن تولد مدل ۵، برای صفات وزن شیرگیری و متوسط افزایش وزن روزانه مدل ۴، برای صفات ضریب کلیبر مدل ۶ و برای صفت نرخ رشد نسبی مدل ۳ به‌عنوان مدل مناسب انتخاب شد و ضریب رگرسیون (پسروی ناشی از هم‌خونی) صفات مورد مطالعه از هم‌خونی از مدل‌های مذکور استخراج شد.

جدول ۱– اجزاء واریانس–کوواریانس در ۶ مدل استفاده شده

Table 1. (Co)variance components used in the 6 models

مدل	اثرات تصادفی				
	σ_a^2	σ_c^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_e^2
۱	✓				✓
۲	✓	✓			✓
۳	✓		✓		✓
۴	✓		✓	✓	✓
۵	✓	✓	✓		✓
۶	✓	✓	✓	✓	✓

σ_a^2: واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم؛ σ_c^2: واریانس محیطی دائمی مادری؛ σ_m^2: واریانس ژنتیکی افزایشی مادری؛ σ_{am}: کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری؛ σ_e^2: واریانس باقی‌مانده.

نتایج و بحث

شجره مطالعه شده حاوی اطلاعات شجره‌ای ۱۲۷۸۷ بره مغانی بود که از این تعداد ۱۸۵۲ بره هم‌خون بودند. میانگین هم‌خونی کل جمعیت ۰/۳ درصد و برای جمعیت همخون ۱/۹۹ درصد بود. همچنین حداقل و حداکثر ضریب هم‌خونی بره‌ها به ترتیب صفر و ۲۶ درصد بود. تعداد افراد و تعداد نسل‌های کامل متعادل (E_q) در طی سال‌های مختلف در شکل ۱ نشان داده شده است. تعداد افراد به تدریج از ابتدای تشکیل گله افزایش یافته و در سال‌های پایانی در حدود ۴۵۰ رأس ثابت شده است. تعداد نسل‌های کامل متعادل نیز در طول سال‌های مورد بررسی روند افزایشی داشته و در سال ۱۳۹۳ به عدد ۲ رسیده است. روند افزایشی مشاهده شده برای E_q با سایر گزارشات در تطابق است (۱۱). جدول ۲ آماره توصیفی صفات مورد بررسی را نشان می‌دهد. برای کلیه صفات مورد بررسی، بیشتر حیوانات دارای ضریب همخونی صفر بودند. اکثر حیوانات همخون نیز دارای ضریب همخونی بین صفر تا ۵ درصد بودند. میانگین صفات مورد بررسی به گزارشات ساورسفلی و همکاران (۲۷) در گوسفندان مغانی نزدیک است. این محققین میانگین وزن بدن در هنگام تولد و شیرگیری را به ترتیب ۴/۶۱ و ۲۵/۱۰ کیلوگرم، متوسط افزایش وزن روزانه از هنگام تولد تا شیرگیری را ۲۲۳ گرم و ضریب کلیبر در هنگام شیرگیری را ۱۴/۱۷ گزارش نمودند. تفاوت‌های مشاهده شده نیز ممکن است ناشی از تفاوت در حجم اطلاعات استفاده شده در دو پژوهش باشد.

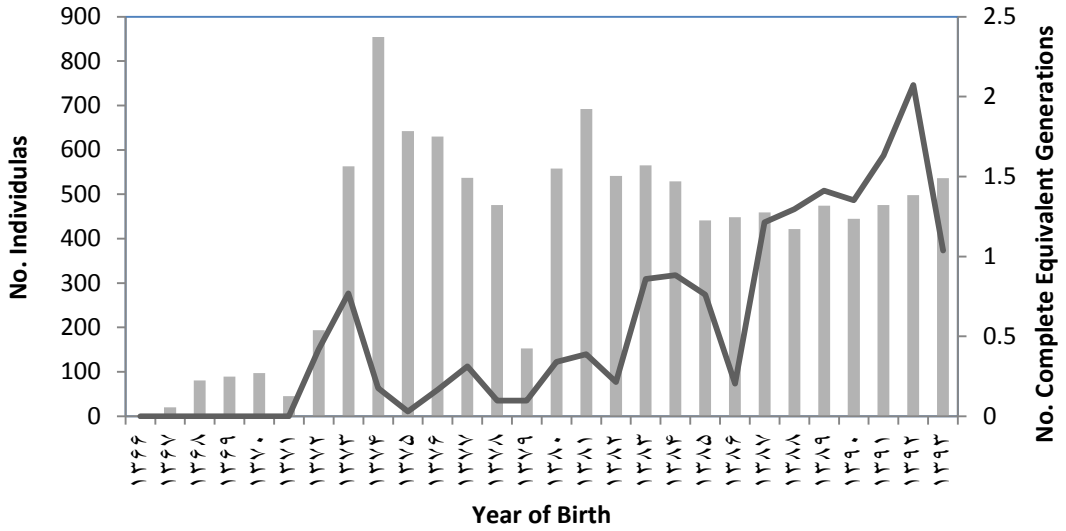
1- Akaike Information Criterion

جدول ۲- آماره توصیفی صفات مورد بررسی

Table 2. Descriptive statistics of studied traits

	BW(kg)	WW(kg)	ADG(gr)	KR	RGR
تعداد رکورد	۵۹۱۰	۴۳۰۵	۴۳۰۵	۴۳۰۵	۴۸۰۵
میانگین	۴/۶۴	۲۵/۲۴	۲۰۵/۷۵	۱۸/۰۹	۱/۶۸
انحراف استاندارد	۰/۷۶	۵/۲۹	۵۱/۳۱	۱/۶۶	۰/۲۰۵
ضریب تغییرات (٪)	۱۶/۳	۲۰/۱	۲۴/۹۰	۹/۱۰	۱۱/۹
F=0.00	۵۱۱۵	۴۲۲۷	۴۲۲۷	۴۲۲۷	۴۲۲۷
0<F≤5%	۷۰۰	۴۹۸	۴۹۸	۴۹۸	۴۹۸
F≥5%	۹۵	۸۰	۸۰	۸۰	۸۰

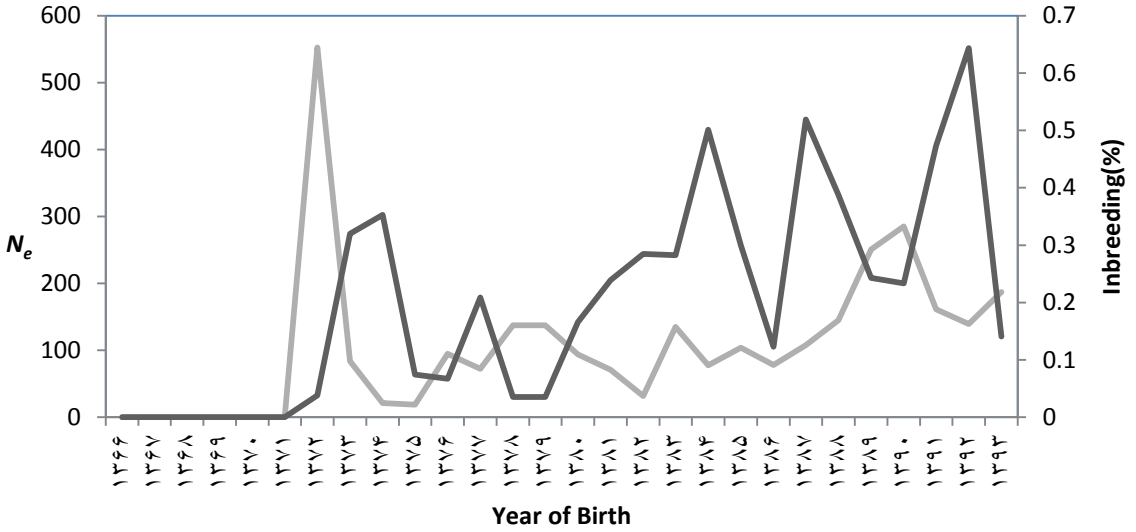
BW: وزن تولد؛ WW: وزن شیرگیری؛ ADG: متوسط افزایش وزن روزانه؛ KR: ضریب کلیبر؛ RGR: نرخ رشد نسبی



شکل ۱- تعداد افراد (ستون‌های خاکستری) و تعداد نسل‌های کامل متعادل (خط سیاه) در سال‌های مختلف

Figure 1. Number of individuals (gray bars) and number of equivalent complete generations (black line) in different years

روند تغییرات همخونی و تعداد مؤثر جمعیت (N_e) در شکل ۲ نشان داده شده است. همان‌طورکه مشاهده می‌شود همخونی بین سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۷۱ صفر می‌باشد. علت این مسئله این است که در سال‌های ابتدایی، سطح تکامل شجره دام‌ها پایین می‌باشد و اجداد مشترکی که باعث بوجود آمدن همخونی می‌شوند هنوز در شجره ظاهر نشده‌اند. ولی با گذشت زمان و افزایش سطح تکامل شجره دام‌ها، اجداد مشترک در شجره ظاهر شده و در نتیجه افراد همخون نیز در شجره مشاهده می‌شوند. به مرور با افزایش فراوانی اجداد مشترک در جمعیت میزان همخونی نیز افزایش می‌یابد. از سال ۱۳۷۲ به بعد همخونی نواساناتی داشته و در کل روند افزایشی را تا پایان دوره مورد مطالعه نشان می‌دهد. با رگرسیون خطی همخونی بر سال، روند افزایش همخونی در هر سال به میزان ۰/۰۷ برآورد گردید که از نظر آماری معنی‌دار نبود (p>٪۵). شیخلو و همکاران (۲۸) این مقدار را برای گوسفندان نژاد بلوچی به میزان ۰/۱۵ درصد برآورد نمودند. همچنین طهمورث پور و شیخلو (۲۹) در گوسفندان بلوچی نرخ سالانه افزایش در همخونی را به میزان ۰/۲ درصد گزارش نمودند. مقادیر گزارش شده در دو مطالعه فوق از مقدار برآورد شده در این پژوهش بیشتر است. نوسانات مشاهده شده در ضریب همخونی در این پژوهش و پژوهش‌های انجام شده روی نژادهای مختلف، می‌تواند ناشی از عوامل مختلفی چون، نسبت قوچ‌های مولد به میش‌های مولد، درصد جابجایی قوچ‌ها در گله و سطح تکامل شجره والدین استفاده شده باشند. همخونی پایین مطلوب است و می‌تواند نشان‌دهنده موفقیت‌آمیز بودن استراتژی‌های اعمال شده برای جلوگیری از افزایش نرخ همخونی در گله باشد اگر چه میزان همخونی تحت تأثیر پارامترهای دیگری مانند کیفیت شجره نیز قرار می‌گیرد (۶).



شکل ۲- روند تغییرات هم‌خونی (خط سیاه) و تعداد موثر جمعیت (خط خاکستری) در جمعیت مطالعه شده از گوسفند مغانی
Figure 2.Trends of inbreeding (black line) and effective population size (gray line) in the studied population of Moghani sheep

تعداد مؤثر جمعیت (N_e) در سال ۱۳۷۲ با تعداد ۵۴۲ رأس حداکثر بوده و پس از آن به سرعت کاهش یافته و در سال ۱۳۷۴ به ۲۴ رأس رسید و پس از آن تا پایان دوره مورد بررسی به صورت افزایشی نوسان نموده و در سال ۱۳۹۳ به ۱۸۶ رأس رسید. به‌طور میانگین، N_e برای جمعیت مطالعه شده ۱۰۷ رأس بود. غفوری کسبی (۶) با مطالعه جمعیت گوسفندان نژاد زندی روند کاهشی برای N_e از ۲۶۳ رأس در سال ۱۳۷۲ تا ۹۸ رأس در سال ۱۳۸۴ را گزارش نمود. مختاری و همکاران (۲۲) نیز تعداد مؤثر جمعیت برای گوسفندان نژاد ایران بلک را ۲۸ رأس گزارش نمودند که کمتر از برآورد پژوهش حاضر است. از طرف دیگر طهمورث پور و شیخلو (۲۹) با مطالعه جمعیت گوسفندان نژاد بلوچی، تعداد مؤثر جمعیت را به مقدار ۱۳۴ رأس برآورد کردند که از برآورد پژوهش حاضر بیشتر است. فائو (۱۰) حد بحرانی تعداد مؤثر جمعیت را ۵۰ رأس اعلام نموده و مقادیر کمتر از آن را نشان‌دهنده کاهش قابل توجه در تنوع ژنتیکی و فرسایش ژنتیکی جمعیت اعلام نمود. در ضمن برای حصول یک برنامه انتخاب موفقیت آمیز که در آن حداکثر پیشرفت ژنتیکی تضمین شده باشد، به یک تعداد مؤثر جمعیت به میزان ۱۰۰ رأس نیاز است (۹). برآورد مطالعه حاضر بالاتر از آستانه بحرانی اعلام شده توسط فائو (۹) و فائو (۱۰) قرار دارد و نشان می‌دهد که در حال حاضر تنوع ژنتیکی در جمعیت در سطح قابل قبولی قرار دارد. به هر حال تعداد مؤثر جمعیت ثابت نبوده و با تغییر در سطح هم‌خونی جمعیت تغییر می‌کند. بنابراین ممکن است در آینده و در صورتی‌که سطح هم‌خونی جمعیت افزایش پیدا کند، N_e به پایین‌تر از آستانه بحرانی مورد نیاز کاهش پیدا کند.

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات (± خطای استاندارد) برای صفات مورد بررسی در افراد با هم‌خونی برابر ۰/۰۰، افراد با هم‌خونی بین ۰/۰۰ تا ۵٪ و افراد با هم‌خونی بیشتر از ۵٪

Table 3. Lest square means (±standard error) for studied traits in individuals with inbreeding equals to 0.00, inbreeding between 0.00 and 5% and in individuals with inbreeding higher than 5%

RGR	KR	ADG(gr)	WW(kg)	BW(kg)	
۱/۸۸±۰/۰۰۴[a]	۱۸/۶۲±۰/۰۳۱[a]	۲۰۳/۵۷±۰/۹۰۳[a]	۲۴/۹۱±۰/۰۸۸[a]	۴/۶۷ ±۰/۰۱۱[a]	F=0.00
۱/۶۶±۰/۰۰۹[a]	۱۷/۸۸±۰/۰۶۵[a]	۱۹۹/۳۵± ۲/۰۳۰[a]	۲۴/۵۱±۰/۱۹۹[a]	۴/۵۱±۰/۰۲۵[a]	0<F≤5%
۱/۶۵±۰/۰۲۱[a]	۱۷/۸۲±۰/۱۵۹[a]	۱۹۵/۱۶± ۴/۶۵۹[a]	۲۴/۳۹±۰/۴۵۶[a]	۴/۵۶±۰/۰۶۱[a]	F≥5%

BW: وزن تولد، WW: وزن شیرگیری، ADG: متوسط افزایش وزن روزانه، KR: ضریب کلیبر، RGR: نرخ رشد نسبی

میانگین حداقل مربعات صفات مطالعه شده برای افراد با هم‌خونی برابر ۰/۰۰، افراد با هم‌خونی بین ۰/۰۰ تا ۵٪ و افراد با هم‌خونی بیشتر از ۵٪ در جدول ۳ نشان داده شده است. آنچه در نگاه اول از این جدول استنتاج می‌شود این است که اگرچه از نظر آماری تفاوت‌ها غیرمعنی‌دار هستند اما افراد هم‌خون در مقایسه با افراد غیر هم‌خون وزن تولد و شیرگیری کمتری داشته، متوسط افزایش وزن بدن آنها کمتر است و همچنین از نظر بازده خوراک که توسط ضریب کلیبر و نرخ رشد نسبی اندازه‌گیری شده است در سطح پایین‌تری قرار گرفته‌اند ($p>$۵٪). نتیجه اخیر با سطح پایین هم‌خونی در گله قابل توجیه است. به عبارت دیگر اگرچه هم‌خونی منجر به کاهش صفات مورد بررسی شده است اما به دلیل پایین بودن میزان هم‌خونی، صفات رشد و بازدهی مصرف خوراک آنقدر کاهش نیافته‌اند تا تفاوت‌ها از نظر آماری معنی‌دار شود.

قلیزاده و غفوری کسبی (۱۱) نیز با مطالعه هم‌خونی در جمعیت گوسفندان بلوچی گزارش نمودند که بره‌های هم‌خون در مقایسه با بره‌های غیر هم‌خون به‌طور غیرمعنی‌داری (p>٪۵) وزن تولد و شیرگیری کمتری داشته و همچنین از متوسط افزایش وزن کمتری برخوردار بودند. در گوسفندان لری بختیاری، یگانه پور و همکاران (۳۳) نیز کاهش غیرمعنی‌دار را در صفات وزن شیرگیری و وزن نه ماهگی بره‌های هم‌خون گزارش نمودند. در مقابل یاوری فرد و همکاران (۳۲) در گوسفندان نژاد مهربان تفاوت معنی‌دار (p<٪۵) را در صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی بره‌های هم‌خون در مقایسه با بره‌های غیر هم‌خون را گزارش نمودند. کاهش در صفات مورد مطالعه (پسروی ناشی از هم‌خونی) به ازای یک درصد افزایش در هم‌خونی حیوانات در جدول ۴ نشان داده شده است. ضریب رگرسیونی برای صفت وزن تولد ۰/۰۱۸-، برای وزن شیرگیری ۰/۰۳۱-، برای متوسط افزایش وزن روزانه ۰/۳۶-، برای ضریب کلیبر ۰/۲۴- و برای نرخ رشد نسبی ۰/۰۳- برآورد شد. این ضرایب نشان می‌دهند که به ازای یک درصد افزایش در هم‌خونی وزن تولد، وزن شیرگیری و متوسط افزایش وزن بدن به ترتیب به میزان ۱۸، ۳۱ و ۰/۳۱ گرم کاهش پیدا کرده است. این کاهش برای صفات ضریب کلیبر و نرخ رشد نسبی برابر ۰/۲۴ و ۰/۰۳ است (ضریب کلیبر و نرخ رشد نسبی فاقد واحد هستند). بنابراین با وقوع هم‌خونی در گله نه تنها عملکرد رشد بره‌ها کاهش می‌یابد بلکه بازدهی مصرف خوراک آنها نیز به‌طور منفی تحت تأثیر قرار گرفته است. به بیان دیگر بره‌های هم‌خون خوراک را با راندمان کمتری مورد استفاده قرار می‌دهند که در جای خود منجر به افزایش هزینه خوراک واحد تولیدی می‌شود. در اکثر پژوهش‌های انجام شده در نژادهای مختلف گوسفند، کاهش در صفات اقتصادی در نتیجه هم‌خونی گزارش شده است که میزان آن بر حسب نژاد و صفات مورد مطالعه متفاوت است. قلیزاده و غفوری کسبی (۱۱) کاهشی به میزان ۱، ۱۶ و ۰/۶ گرم را به ازای یک درصد افزایش در هم‌خونی را برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و متوسط افزایش وزن بدن گزارش نمودند که کمتر از نتایج این پژوهش است. ون ویک و همکاران (۳۰) در مطالعه‌ای که روی گوسفندان نژاد دورمر انجام دادند، ضرایب تابعیت وزن تولد و وزن شیرگیری از ضریب هم‌خونی را به ترتیب ۶۴- و ۹۲- گرم گزارش نمودند. یگانه پور و همکاران (۳۳) گزارش کردند که وزن شیرگیری، شش ماهگی و نه ماهگی گوسفندان نژاد لری به ازای یک درصد افزایش در هم‌خونی به میزان ۱۰، ۷۶ و ۷۷ گرم کاهش پیدا کرد. در پژوهش اخیر ضریب تابعیت وزن تولد از هم‌خونی مثبت و به میزان ۴ گرم گزارش شد. برای پسروی ناشی از هم‌خونی تئوری‌های ژنتیکی متعددی بیان شده است که به‌طور جامع توسط چارلزورث و ویلیس (۲) مورد بحث قرار گرفته است. این محققین بیان نمودند افزایش هموزیگوسیتی در افراد هم‌خون منجر به کاهش عملکرد این حیوانات می‌شود که علت آن هموزیگوت شدن آلل‌های با اثر نامطلوب بر صفت می‌باشد. همچنین افزایش هموزیگوسیتی در این افراد منجر به کاهش تنوع آلل‌های یک جایگاه شده که در نتیجه آن احتمال بروز غلبه ماورایی که فقط در زمان هتروزیگوت بودن ژنوتیپ‌ها اتفاق می‌افتد کاهش یافته و در نتیجه عملکرد تولیدی و تولید مثلی و بقاء حیوانات هم‌خون کاهش می‌یابد.

جدول ۴- ضریب رگرسیون (±خطای استاندارد) صفات مورد بررسی روی ضریب هم‌خونی بره‌های مغانی

Table 4. Regression coefficient (±standard error) of studied traits on inbreeding coefficient of Moghani lambs

RGR	KR	ADG(gr)	WW(kg)	BW(kg)
-۰/۰۳ ±۰/۰۰۲^{ns}	-۰/۲۴ ±۰/۰۱۶^{ns}	-۰/۳۶ ±۰/۴۲۸^{ns}	-۰/۰۳۱ ±۰/۰۰۹^{ns}	-۰/۰۱۸ ±۰/۰۰۶^{ns}

BW: وزن تولد، WW: وزن شیرگیری، ADG: متوسط افزایش وزن روزانه، KR: ضریب کلیبر، RGR: نرخ رشد نسبی
ns: غیرمعنی‌دار (p<۰/۰۵).

به‌طورکلی نتایج این پژوهش سطوح پایین از هم‌خونی در گله را در طی سال‌های مورد بررسی نشان داد که در نتیجه آن تعداد مؤثر جمعیت نیز بالاتر از آستانه بحرانی قراد داشت. صفات مورد بررسی تحت تأثیر هم‌خونی قرار گرفته بودند به نحوی که حیوانات هم‌خون وزن تولد و شیرگیری کمتری داشته و سرعت رشد آنها نیز کمتر بود. همچنین این حیوانات بازدهی مصرف خوراک کمتری نیز داشتند. پایین بودن سطح هم‌خونی درجمعیت نشان می‌دهد که در حال حاضر هم‌خونی نمی‌تواند به‌عنوان عامل محدودکننده برنامه‌های انتخاب مطرح باشد. به هر حال لازم است جهت جلوگیری از افزایش نرخ هم‌خونی یک برنامه دقیق کنترل شده برای تلاقی بره‌های مغانی ایستگاه مزبور در نظر گرفته شود تا از آمیزش خویشاوندی جلوگیری گردد. باز نگه داشتن گله مولد و ورود مولد نر کافی به گله می‌تواند در کنترل هم‌خونی به شرط وجود اطلاعات شجره کامل والدین مؤثر باشد.

منابع

1. Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. IEEETrans. Automat. Control, 19: 716-723.
2. Charlesworth, D. and J.H. Willis. 2009. The genetics of inbreeding depression. Nature Reviews Genetics, 10: 783-796.
3. Crow, J. 1988. Swall Wright (1889-1988). Genetics, 119: 1-4.
4. Eteghadi, B., N. Ghavi Hossein-Zadeh and A. Shadparvar. 2014. Population structure and inbreeding effects on body weighttraits of Guilan sheep in Iran. Small Ruminant Research, 119: 45-51.
5. Fitzhugh, H.A. and C.S. Taylor. 1971. Genetic analysis of degree of maturity. Journal of Animal Science, 33: 717-725.
6. Ghafouri-Kesbi, F. 2010. Change in genetic size of small-closed populations: lessons from a domestic mammal population. Genetics and Molecular Biology, 33: 657-662.
7. Gutierrez, J.P., I. Cervantes and F. Goyache. 2009 Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. Journal of Animal Breeding and Genetics, 126: 327-332.
8. Falconer, D.S. and T.F.C. MacKay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th Ed. Longman Group, LTD., Harlow, Essex, UK, 464 pp.
9. FAO. 1992. The Management of Global Animal Genetic Resource. FAO, Rome, 263 pp.
10. FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy, 210 pp.
11. Golizadeh, M. and F. Ghafouri-Kesbi. 2016. Inbreeding depression in growth traits of Baluchi sheep. Small Ruminant Research, 144: 184-190.
12. Gonzalez-Recio, O., E. Lopez de Maturana and J.P. Gutierrez. 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. Journal of Dairy Science, 90: 5744-5752.
13. Khodabakhshzadeh, R., MR. Mohammadabadi, A. EsmailizadehKoshkoieh, H. Moradi-Shahrebabak and S. Ansari Namin. 2015. Study of mutations available in first-halfexon 2 of GDF9 gene in crossbred sheep born from crossing of Romanov rams with Kermani ewes. Iranian Journal of Animal Science Research, 6: 395-403.
14. Khodabakhshzadeh, R., M.R. Mohammadabadi, H. Moradi, A.K. Esmailizadeh and NS. Ansari. 2015. Identify of A point mutation at positions 477 and 721 in exon 2 of GDF9 gene in Kermani sheep. Modern Genetics, 10: 261-268.
15. Khodabakhshzadeh, R., M.R. Mohammadabadi, H. Moradi-Shahrebabak and A. Esmailizadeh Koshkoieh. 2016. Identification of available mutations in the first-half (from 5' end) of exon 2 of GDF9 gene in crossbred sheep from crossing of Romanov and Lori-Bakhtiari breeds. Animal Production Research, 4: 15-26.
16. Khodabakhshzadeh, R., M.R. Mohammadabadi, A. Esmailizadeh Koshkoieh, H. Moradi-Shahrebabak, F. Bordbar and S. Ansari Namin. 2016. Identification of point mutations in exon 2 of GDF9 gene in Kermani sheep. Polish Journal of Veterinary Sciences, 19: 281-289.
17. Kleiber, M. 1947. Body size and metabolic rate. Physiology Review, 27: 511-541.
18. 18-Meuwissen, T.H.E. and Z. Luo. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genetics Selection Evolution, 24: 305-313
19. Meyer, K. 2007. Wombat – a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User guide. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, Australia, 120 pp.
20. Mohammadabadi, M.R. and R. Sattayimokhtai. 2013. Estimation of (co) variance components of ewe productivity traits in kermani sheep. Slovak Journal of Animal Science, 46: 45-51.
21. Mohammadi, A., M.R. Nassiry, J. Mosafer, M,R. Mohammadabadi and G.E. Sulimova. 2009. Distribution of BoLA-DRB3 allelic frequencies and identification of a new allele in the Iranian cattle breed Sistani (Bos indicus). Russian Journal of Genetics, 45: 198-202.
22. Mokhtari, M.S., A.K. Esmailizadeh, H. Moradi Shahrebabak and G.P. Gutierrez. 2014. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. Small Ruminant Research, 116: 14-20.
23. Rashedi Dehsahraei, A., J. Fayazi and M. Vatankhah. 2013. Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. Journal of Ruminant Research, 1: 65-78.
24. Rashidi, A., M.S. Mokhtari and J.P. Gutierrez. 2015. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. Small Ruminant Research, 124: 1-8.
25. Sargolzaei, M., H. Iwaisaki and J.J. Colleau. 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity", Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-Rom comm, 27-28.
26. SAS Institute. 2003. SAS/STAT 9.1.3 User's Guide. SASInst. Inc., Cary, NC.
27. Savar-Sofla, S., A. Nejati-Javaremi., M.A. Abbasi, R. Vaez-Torshizi and M. Chamani. 2011. Investigation on direct and maternal effects on growth traits and the Kleiber ratio in Moghani sheep. World Applied Science Journal, 14: 1313-1319.
28. Sheikhloo, M.R., M. Tahmoorespur and A.A. Eslaminejad. 2012. Evaluation of the inbreeding for Baluchi sheep at Abbasabad breeding station, Mashhad. Iranian Journal of Animal Science Research, 3: 453-458.
29. Tahmoorespour, M. and M. Sheikhloo. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. Small Ruminant Research, 99: 1-6.
30. Van Wyk, J.B., M.D. Fair and S.W.P. Clorte. 2006. The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg dormer sheep stud. Livestock Science, 120: 21-28.
31. Weigel, K.A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. Journal of Dairy Science, 84: 177-184.
32. Yavarifard, R., N. Ghavi Hossein-Zadeh and A.A. Shadparvar. 2014. Population genetic structure analysis and effect of inbreeding on body weights at different ages in Irania Mehraban sheep. Journal of Animal Science and Technology, 56: 31-40.
33. Yeganehpur, Z., H. Roshanfekr, J. Fayazi and M. Beyranvand. 2016. Inbreeding depression on growth traits of Iranian Lori sheep. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 4: 264-273.

Assessing Inbreeding Depression in Growth Traits and Efficiency of Feed Utilization of Moghani Sheep

Farhad Ghafouri-Kesbi[1], Pouya Zamani[2] and Ahmad Ahmadi[3]

1- Assistant Professor, Department of Animal Science, Collage of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, (Corresponding author: farhad_ghy@yahoo.com)
2 and 3- Associate Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, Collage of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan
Received: January 6, 2017 Accepted: April 15, 2017

Abstract

The aim of the current study was to assessing the effect of inbreeding on growth-related traits including birth weight (BW), weaning weight (WW) and average daily gain (ADG) as well as efficiency-related traits such as Kleiber ratio (KR) and relative growth rate (RGR) of Moghani sheep. To this end, after editing data and preparing pedigree file, coefficients of inbreeding were estimated and according to them, lambs were grouped in three classes of non-inbred animals (F = 0), animals with inbreeding between 0 and 5% (0 < F ≤ 5%) and animals with inbreeding higher than 5% (F>5%), and then their growth and efficiency of feed utilization were compared using mean of traits in three mentioned groups. Instead of using raw inbreeding coefficients, inbreeding depression was studied by regressing traits on coefficients of individual increase in inbreeding (ΔF_i) in an animal model framework in which ΔF_i was fitted as auxiliary variable. The average inbreeding of the whole population was 0.3% and for the inbred animals was 1.99%. Inbreeding trend over years was non-significant (0.07 per year). Estimated value of the effective population size (N_e) was 107. Inbred animals had lower birth weight, weaning weight and average daily gain compared to non-inbred animals and also regarding efficiency of feed utilization which was measured by Kleiber ratio and relative growth rate were at the lower level, although the differences between inbred and non-inbred animals were non-significant (p>5%). Regression analysis showed that with 1% increase in inbreeding, BW, WW and ADG decreased by 18, 31 and 0.31 gr, respectively. This was 0.24 and 0.03 for KR and RGR. Low level of inbreeding in the population and higher than critical threshold estimate of N_e showed that genetic diversity in the population was at the acceptable level. However, it was suggested that applied strategies for avoiding inbreeding should be continued to prevent the increase in inbreeding rate in the future.

Keywords: Effective population Size, Inbreeding, Inbreeding depression, Sheep