

بررسی ساختار جمعیت و هم‌خونی در گوسفندان ایران بلک

محمد رضا بحرینی بهزادی^{۱*}، محمد کشاورزپور^۲

شماره صفحات

۲۷-۴۱

^{۱*} دانشیار، دانشگاه یاسوج، ایران.

^۲ دانش‌آموخته‌ی کارشناسی ارشد، دانشگاه یاسوج، ایران.

*نویسنده مسئول: bahreini@yu.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۲/۱۰

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۳/۱۰

چکیده

هدف از انجام پژوهش حاضر بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت با استفاده از تحلیل شجره و همچنین پسروری ناشی از هم‌خونی صفات رشد در گوسفندان ایران بلک بود. از اطلاعات شجره و رکوردهای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی و وزن یک‌سالگی مربوط به ۵۴۸۱ رأس دام که طی سال‌های ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه اصلاح‌نژاد عباس‌آباد مشهد جمع‌آوری شده بود استفاده شد. برای برآورد ضرایب هم‌خونی از نرم‌افزار CFC و برای سایر تحلیل‌های شجره از نرم‌افزار Endog (نسخه ۴/۸) و برای بررسی اثر هم‌خونی بر صفات رشد از نرم‌افزار WOMBAT استفاده شد. تعداد حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار به ترتیب ۱۶۷، ۲۲، ۱۷، ۱۱ و ۲۲ رأس بود. متوسط هم‌تباری، متوسط رابطه خویشاوندی و متوسط ضریب هم‌خونی به ترتیب ۴/۷۱، ۹/۴۲ و ۴/۸۰ درصد برآورد شد. فاصله نسل ۴/۸۵ سال و اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش افزایش هم‌خونی فردی ۲۶ رأس محاسبه شد. میانگین فاصله نسل در مسیر تولیدمثلی پدر- نتاج بیشتر از مسیرهای مادر- نتاج بود. همچنین نیمی از تنوع ژنتیکی جمعیت از ۶ رأس از اجداد منشأ گرفته است. پسروری ناشی از هم‌خونی صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی و وزن یک‌سالگی به ترتیب ۱۰/۳، ۱۳۰/۶، ۴۹۱/۸، ۵۲۵/۵ و ۴۱۴/۷ گرم به‌دست آمد. نتایج نشان دهنده‌ی کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه در مقایسه با حیوانات بنیان‌گذار بود و پسروری ناشی از هم‌خونی مشاهده شده نیز تأییدکننده‌ی آن است.

کلمات کلیدی: اندازه مؤثر جمعیت، تنوع ژنتیکی و صفات رشد.

مقدمه

تولید گوشت قرمز از جنبه تأمین پروتئین مورد نیاز و امنیت غذایی جمعیت رو به افزایش ایران، جایگاه ویژه‌ای در بخش کشاورزی دارد. مقدار گوشت تولید شده در ایران پاسخگوی نیاز جمعیت رو به افزایش آن نبوده و سبب واردات گوشت قرمز شده است. لذا افزایش بازدهی در تولید گوشت گوسفند از اهمیت خاصی برخوردار است (Amiri Roudbar *et al.*, 2017). بهبود در عملکرد صفات تولیدی در گله‌های گوسفند می‌تواند از طریق بهبود در مدیریت، تغذیه و بهبود ژنتیکی حاصل شود. ولی بهبود عملکرد از طریق استفاده از حیواناتی که از نظر ژنتیکی برتری دارند، راه مناسب و پایداری برای افزایش بازدهی در تولید حیوانات اهلی می‌باشد (Kosgey, 2004).

به دلیل انجام برنامه‌های بهبود ژنتیکی در جوامع حیوانات اهلی، معمولاً کاهش تنوع ژنتیکی ایجاد می‌شود. این کاهش خصوصاً به دلیل افزایش آمیزش‌های خویشاوندی و کاهش آل‌های حیوانات بنیان‌گذار و پدیده رانش ژنتیکی است (Vozzi *et al.*, 2007). کاهش تنوع ژنتیکی در بین افراد یک جمعیت سبب کاهش سازگاری آنها در مقابل تغییرات محیطی می‌شود (Lacy, 1995). نکته قابل تأمل این است که افزایش هموزیگوسیتی در جامعه نیز به کاهش باروری و زنده‌مانی منجر می‌شود که می‌تواند موفقیت برنامه‌های بهبود ژنتیکی را محدود کند (Gutiérrez *et al.*, 2009). چنانچه تعداد کمی از حیوانات برتر به عنوان والدین نسل آینده انتخاب و در خزانه‌ی ژنی نسل بعد مشارکت کنند، می‌تواند تنگه‌ی ژنتیکی را به جمعیت تحمیل کند که نتیجه آن محدود کردن پاسخ به انتخاب است (Allendorf, 1986). باید بر این نکته تأکید شود که اساس و مبنای اجرای برنامه‌های انتخاب و رسیدن به پیشرفت ژنتیکی در جوامع دامی، وجود تنوع ژنتیکی بین افراد می‌باشد. بنابراین نیاز است که در جوامع دامی توجه جدی به نرخ هم‌خونی شود زیرا می‌تواند سبب ایجاد اثرات زیان‌بار بر واریانس ژنتیکی و همچنین ارزش‌های فنوتیپی گردد (Falconer and Mackay, 1996). تنوع ژنتیکی را می‌توان به صورت توانایی پاسخ به تغییرات محیطی تعریف کرد (Rochambeau *et al.*, 2000). از این رو ضروری به نظر می‌رسد که به منظور جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های دامی، مدیریتی مناسب بر روش‌های جفتگیری اعمال شود. برای بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی جمعیت گوسفندان ایران از روش تحلیل شجره در پژوهش‌های مختلف استفاده شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2010; Ghafouri-Kesbi, 2012; Sheikhloo *et al.*, 2013; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011). عواملی مانند اندازه مؤثر جمعیت، فاصله نسل و میزان هم‌خونی که وابسته به مدیریت گله می‌باشند دارای نقشی اساسی در تنوع ژنتیکی هستند. کاهش اندازه مؤثر جمعیت یکی از پیامدهای کاهش تنوع ژنتیکی می‌باشد که ایجاد نتیجه نامطلوب دیگری مانند پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات مرتبط با شایستگی نیز می‌کند (Falconer and Mackay, 1996). در بین عوامل مؤثر بر بررسی تنوع ژنتیکی، فراسنجه‌های حاصل از احتمال منشأ ژن می‌تواند اطلاعات ارزشمندی در مورد جوامع تحت انتخاب در اختیار متخصصین قرار دهند (Boichard *et al.*, 1997).

کاهش میانگین صفات اقتصادی حاصل از افزایش هم‌خونی در جمعیت‌های دامی، یک پیامد منفی جفتگیری‌های کنترل نشده در گله می‌باشد. افزایش هم‌خونی ناشی از انجام آمیزش‌های خویشاوندی می‌تواند ایجاد ناهنجاری‌های ژنتیکی و افزایش مرگ و میر بره‌ها را در پی داشته باشد (Falconer and Mackay, 1996). گوسفند ایران‌بلک اولین نژاد سنتز شده در ایران می‌باشد که از تلاقی بین نژادهای گوسفند بلوچی ایران و کیوسی یونان ایجاد شده است. این نژاد از سال ۱۳۵۴ و به منظور بهبود صفات اقتصادی گوسفند بلوچی در مرکز پرورش و اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد پرورش یافته است و در سال ۱۳۶۳ به عنوان یک نژاد جدید سنتز شده در ایران معرفی گردید (Mirzamohammadi *et al.*, 2012). هدف اصلی پرورش گوسفند در ایران تولید گوشت است و صفات رشد نیز از مهم‌ترین صفات مرتبط با تولید گوشت می‌باشند (Ghotbaldini *et al.*, 2019). از طرفی گزارش‌ها نشان داده است که بیشتر صفات مرتبط با رشد در گوسفندان ایران شامل صفات وزن بدن در سنین مختلف، تحت تأثیر هم‌خونی هستند (Adeli Khah *et al.*, 2008; Bahri Binabaj *et al.*, 2015; Dorostkar *et al.*, 2012; Rashedi Dehsahraei *et al.*, 2013). در پژوهشی، ضریب تابعیت صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی و وزن یک‌سالگی از هم‌خونی در گوسفندان لری بختیاری به ترتیب +۰/۵، -۱۰۹/۸، -۲۸۳/۶، -۱۹۳/۱ و -۲۳۴- گزارش گردید (Rashedi Dehsahraei *et al.*, 2013). میزان پسروری ناشی از هم‌خونی در صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفندان ایران‌بلک به ترتیب ۹- و ۲۹- گرم گزارش شده است (Mirzamohammadi *et al.*, 2012). گزارش شده است که هم‌خونی اثر معنی‌دار آماری بر صفات وزن شیرگیری، شش، نه و دوازده‌ماهگی در بره‌های نر دوقلو و تأثیر معنی‌دار آماری بر صفات وزن تولد و نه‌ماهگی در بره‌های ماده دوقلوی ایران‌بلک داشته است (Mottaghinia *et al.*, 2012). در گوسفندان قره‌گل نیز برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی، وزن یک‌سالگی، افزایش وزن قبل از شیرگیری و افزایش وزن بعد از شیرگیری میزان پسروری ناشی از هم‌خونی به ترتیب ۵-، ۳۹-، ۱۱۷-، ۱۶۸-، ۱۷۰-، ۰/۴- و ۰/۵- گرم گزارش شده است (Bahri Binabaj *et al.*, 2015).

با تحلیل شجره و محاسبه فراسنجه‌های مؤثر بر تنوع ژنتیکی شامل فراسنجه‌های حاصل از احتمال منشأ ژن می‌توان راهکارهای مناسبی برای کنترل هم‌خونی و جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد مطالعه ارائه نمود. بنابراین، هدف از پژوهش حاضر بررسی ساختار جمعیت و تنوع ژنتیکی با استفاده از روش تحلیل شجره و همچنین تعیین میزان پسروری ناشی از هم‌خونی صفات رشد در گوسفندان نژاد ایران‌بلک بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از اطلاعات مربوط به ۵۴۸۱ رأس گوسفند نژاد ایران‌بلک شامل ۲۱۲۰ رأس بره نر و ۳۳۶۱ رأس بره ماده برای انجام تحلیل شجره استفاده شد. این اطلاعات در طی سال‌های ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد (ایران) جمع‌آوری شده بودند. برای آماده‌سازی فایل‌های مورد استفاده و بر طرف نمودن خطاهای احتمالی از نرم‌افزار

Excel استفاده شد. برای محاسبه ضرایب هم‌خونی، نرم‌افزار CFC و برای انجام تحلیل‌های شجره، نرم‌افزار ENDOG (V4.8) مورد استفاده قرار گرفت (Gutiérrez and Goyache, 2005; Sargolzaei *et al.*, 2006). روش محاسبه فراسنجه‌های مرتبط با تحلیل شجره که توسط نرم‌افزار ENDOG به دست می‌آیند در ادامه آورده شده است. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش افزایش هم‌خونی فردی محاسبه شد. در این روش ابتدا برای هر حیوان موجود در جمعیت، افزایش هم‌خونی فردی از فرمول $\Delta F_i = 1 - t^{-1} \sqrt{1 - F_i}$ به دست می‌آید که در آن t تعداد نسل‌های معادل کامل برای آن حیوان و F_i میزان هم‌خونی حیوان می‌باشد. سپس اندازه مؤثر جمعیت از فرمول $N_e = \frac{1}{2\Delta F_i}$ محاسبه شد (Gutiérrez *et al.*, 2009). تعداد حیوانات بنیان‌گذار، یکی از فراسنجه‌های مهم در تحلیل شجره است که با بازگشت مسیر شجره به عقب تا سال‌های ابتدایی ثبت شجره، قابل محاسبه است. تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با استفاده از رابطه $f_e = \frac{1}{\sum p_i^2}$ محاسبه شد (Caballero and Toro, 2000). برای این کار ابتدا میزان مشارکت مورد انتظار هر یک از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع (p_i) محاسبه شد. سطح کامل بودن شجره نیز با تعیین حیوانات دارای پدر و مادر معلوم بررسی می‌شود. برای اینکار حیوانات دارای والدین معلوم به صورت درصدی از کل حیوانات شجره بررسی شدند.

تعداد مؤثر اجداد با استفاده از رابطه $f_a = \frac{1}{\sum p_k^2}$ تعیین شد. ابتدا اجداد اصلی تعیین‌کننده تنوع ژنتیکی جمعیت شناسایی و سپس میزان مشارکت تصحیح شده مورد انتظار هریک از آنها (p_k) در ایجاد مخزن ژنتیکی جمعیت مرجع، محاسبه شد (Boichard *et al.*, 1997). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N_g) برابر با معکوس دو برابر متوسط هم‌تباری افراد در جمعیت مرجع (f_g) است که با فرمول $N_g = \frac{1}{2f_g}$ برآورد می‌شود (Caballero and Toro, 2000). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار (f_{ne}) که اثر رانش ژنی در نسل‌های غیر بنیان‌گذار را محاسبه می‌کند، طبق فرمول $f_{ne} = \frac{1}{\frac{1}{N_g} - \frac{1}{f_e}}$ محاسبه می‌گردد (Caballero and Toro, 2000). فاصله نسل به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بره به دنیا آمده محاسبه می‌شود. این فراسنجه در چهار مسیر توارثی پدر-بره نر (L_{mm})، پدر-بره ماده (L_{mf})، مادر-بره نر (L_{fm}) و مادر-بره ماده (L_{ff}) محاسبه و سپس با معدل‌گیری از این چهار فاصله نسل، متوسط فاصله نسل کل حاصل شد (Gutiérrez *et al.*, 2005).

افزایش آمیزش‌های خویشاوندی در جمعیت می‌تواند پسروری ناشی از هم‌خونی در صفات مختلف ایجاد کند. میزان پسروری ناشی از هم‌خونی در صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن

شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی و وزن یک‌سالگی محاسبه شد. برای این منظور از تعداد ۵۳۱۵ رکورد وزن تولد، ۵۲۷۳ رکورد وزن شیرگیری، ۴۵۴۴ رکورد وزن شش‌ماهگی، ۱۹۸۳ رکورد وزن نه‌ماهگی و ۱۸۴۴ رکورد وزن یک‌سالگی استفاده گردید. این

اطلاعات نیز در طی سال‌های ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد عباس‌آباد مشهد جمع‌آوری شده بود. آمار توصیفی داده‌های مربوط به صفات رشد مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- آمار توصیفی مربوط به صفات رشد مورد مطالعه در گوسفند ایران‌بلک

Table 1- Summary of descriptive statistics for the studied growth traits in Iran-Black sheep					
ضریب تغییرات (درصد)	انحراف معیار	میانگین (کیلوگرم)	تعداد رکورد	صفت	
CV (%)	(کیلوگرم)	Mean (kg)	No. of records	Trait	
22.76	0.83	3.66	5315	Birth weight	وزن تولد
25.05	5.17	20.63	5273	Weaning weight	وزن شیرگیری
19.93	5.97	30.00	4544	Six months	وزن شش‌ماهگی
17.03	5.71	33.55	1983	nine months	وزن نه‌ماهگی
17.76	6.83	39.59	1844	Yearling weight	وزن یک‌سالگی

برای برازش ۱۲ مدل دام مختلف و همچنین محاسبه تابعیت صفات رشد از هم‌خونی، از نرم‌افزار WOMBAT در قالب روش

حداکثر درست‌نمایی محدود شده و الگوریتم میانگین اطلاعات استفاده شد (Meyer, 2007).

$$y = Xb + Z_a a + e \quad (1)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e \quad (2)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (3)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (4)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (5)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (6)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e \quad (7)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e \quad (8)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (9)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (10)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (11)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (12)$$

در این مدل‌ها، y بردار مشاهدات هر صفت، b بردار اثرات عوامل ثابت شامل سال تولد (۱۳۶۲ تا ۱۳۹۰)، جنسیت بره (نر و

ماده)، تیپ تولد (یک قلو، دوقلو و سه قلو) و سن مادر هنگام تولد (۲ تا ۱۰ سال)، a بردار اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم حیوان،

m بردار اثر ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثر محیط دائم مادری، l بردار اثر محیط مشترک، σ_{am} کواریانس بین اثر ژنتیکی

مستقیم و مادری و e بردار اثرات باقیمانده یا خطا می‌باشد. ماتریس‌های X ، Z_a ، Z_m ، Z_c و Z_l ماتریس‌های طرحی هستند که

ارتباط عوامل ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیط دائم مادری و اثرات محیط

مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند.

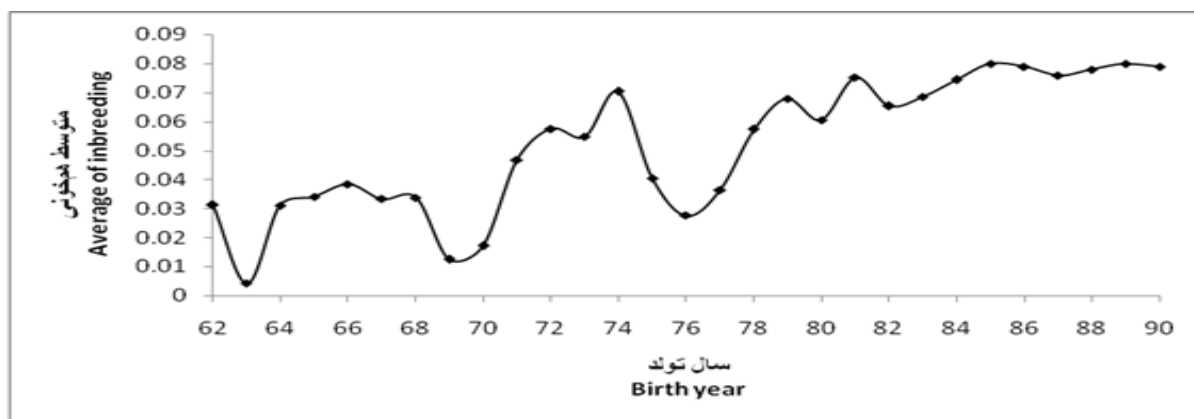
این مدل‌ها اهمیت وجود یا عدم وجود اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، محیط دائم مادری و محیط مشترک را تعیین می‌کنند.

قبل از انجام آنالیزهای مدل‌های دام یک‌متغیره، ابتدا تجزیه واریانس عوامل ثابت مؤثر بر صفات مورد مطالعه با استفاده از رویه

GLM برنامه آماری SAS انجام شد. اثر عوامل ثابت سال تولد، سن مادر، تیپ تولد و جنس بره برای همه صفات معنی‌دار ($p < 0.05$) بودند. تمام اثرات معنی‌دار وارد مدل ژنتیکی مربوط به صفات مختلف شدند. با توجه به اینکه وزن کشتی بره‌ها در ایستگاه هم‌زمان انجام نمی‌شود، اثر سن بره در زمان وزن‌کشی نیز به صورت متغیر همراه وارد مدل‌های مربوط به صفات وزن شیرگیری، وزن شش‌ماهگی، وزن نه‌ماهگی و وزن یک‌سالگی شد. مناسب‌ترین مدل دام بر اساس شاخص معیار آکائیک، $AIC = -2\log L + 2p$ انتخاب گردید (Akaike, 1974). در این فرمول، AIC شاخص معیار آکائیک، $\log L$ حداکثر لگاریتم درست‌نمایی و p تعداد پارامترهای برآورد شده موجود در مدل است. مدلی که کمترین شاخص معیار آکائیک را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد. سپس با در نظر گرفتن ضریب هم‌خونی به عنوان متغیر همراه در مناسب‌ترین مدل دام، میزان تابعیت صفات از هم‌خونی محاسبه گردید.

نتایج و بحث

از ۵۴۸۱ حیوان مورد بررسی در شجره، ۵۰۸۶ رأس آن (۱۹۹۹ حیوان نر و ۳۰۸۷ حیوان ماده) دارای پدر و مادر معلوم بودند که معادل ۹۲ درصد حیوانات مورد بررسی بود. درصد حیوانات دارای والدین معلوم در پژوهش حاضر از گزارش‌های موجود در گوسفند کرمانی ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد شهربابک و گوسفند بلوچی ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد عباس‌آباد مشهد به ترتیب به میزان ۵۶ و ۸۸ درصد بیش‌تر است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011). می‌توان چنین نتیجه گرفت که عمل ثبت مشخصات و شجره گوسفندان ایران‌بلک دارای کیفیت بالاتری نسبت به این دو نژاد دیگر است. تعداد افراد جمعیت پایه با یک یا دو والد ناشناخته، ۳۹۶ حیوان و تعداد افراد جمعیت پایه فقط با یک والد ناشناخته، ۲۸۱ حیوان تعیین شد. از تعداد کل گوسفندان نر و ماده مورد بررسی ۱۳۸۵ حیوان دارای نتاج و ۴۰۹۷ حیوان بدون نتاج بودند. روند تغییرات میزان هم‌خونی در گوسفندان ایران‌بلک در طی سال‌های مورد مطالعه دارای روندی صعودی بود (شکل ۱).



شکل ۱ - روند تغییرات متوسط هم‌خونی در طی سال‌های مختلف در گوسفند ایران‌بلک

Figure 1- Trends in average inbreeding through the studied period in Iran-Black sheep

این روند افزایش هم‌خونی طی سال‌های مورد مطالعه در گوسفندان بلوچی نیز گزارش شده است (Sheikhloo *et al.*, 2012). در واقع ضریب هم‌خونی شاخصی از میزان هموزیگوسیتی است و در اثر خویشاوند بودن والدین ایجاد می‌شود. افزایش هم‌خونی در جمعیت می‌تواند نشان‌دهنده کاهش اندازه مؤثر جمعیت و در نتیجه کاهش تنوع ژنتیکی باشد و با افزایش ضریب هم‌خونی در گله، میانگین صفات اقتصادی کاهش می‌یابد (Falconer and Mackay, 1996). به‌طور کلی متوسط ضریب هم‌خونی دام‌ها در سال‌های مورد مطالعه دارای روند تغییرات افزایشی منظم نبوده و دارای نوسانات زیادی بود. این نوسانات می‌تواند ناشی از عوامل مختلفی چون نسبت قوچ‌ها به میش‌های مولد و سطح تکامل شجره والدین باشد. ۶۱/۵۳ درصد افراد گله هم‌خون بودند که از این تعداد ۳۷/۵۱ درصد افراد دارای ضریب هم‌خونی کمتر از ۵ درصد و ۳/۶ درصد افراد دارای ضریب هم‌خونی بیشتر از ۲۰ درصد بودند. متوسط ضریب هم‌خونی در کل جمعیت و در بین افراد هم‌خون به ترتیب ۴/۸ و ۷/۸ درصد بود که از گزارش‌های موجود در سایر نژادهای گوسفند ایرانی بالاتر است. در گوسفندان قره‌گل، مغانی و لری‌بختیاری متوسط ضریب هم‌خونی کل جمعیت به ترتیب ۱/۵۲، ۰/۵۱ و ۰/۹۴ درصد و متوسط ضریب هم‌خونی افراد هم‌خون به ترتیب ۴/۱۵، ۱/۷۴ و ۲/۴ درصد گزارش شده است (Bahri Binabaj *et al.*, 2015; Gholambabaeian *et al.*, 2012; Rashedi *et al.*, 2013). در دو پژوهش دیگر که در گوسفندان ایران‌بلک ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد انجام شده است، متوسط ضریب هم‌خونی کل جمعیت به ترتیب ۴/۱۹ و ۸/۷۸ درصد و متوسط ضریب هم‌خونی افراد هم‌خون به ترتیب ۷/۵۹ و ۹/۳۳ درصد گزارش شده است که با نتایج پژوهش حاضر متفاوت است (Mirzamohammadi *et al.*, 2012; Mottaghinia *et al.*, 2012). این تفاوت می‌تواند ناشی از ویرایش متفاوت اطلاعات و در نتیجه یکسان نبودن ساختار داده مورد استفاده در این پژوهش‌ها باشد.

هم‌تباری یکی دیگر از فراسنجه‌های حاصل از تحلیل شجره است که از آمیزش بین حیوانات خویشاوند ناشی می‌شود. احتمال شبیه بودن ژنی تصادفی در یک جایگاه ژنی در دو فرد را ضریب هم‌تباری نامند. در این روش بررسی ارتباط بین افراد، بر میزان رابطه خویشاوندی بین والدین تأکید می‌شود (Falconer and Mackay, 1996). متوسط هم‌تباری در جمعیت مورد مطالعه ۴/۷۱ درصد برآورد شد که بیشتر از میزان هم‌تباری گزارش شده در سایر گوسفندان ایران است. متوسط هم‌تباری در گوسفندان نژاد افشاری، زندی، لری‌بختیاری و کرمانی به ترتیب ۲/۱، ۱/۲۱، ۰/۷۶ و ۰/۳۵ درصد گزارش شده است (Bahreini Behzadi *et al.*, 2017; Ghafouri-Kesbi, 2010; Ghafouri-Kesbi, 2012; Keshavarzpour *et al.*, 2015). به‌طور کلی متوسط هم‌تباری در طی سال‌های مورد مطالعه دارای روندی صعودی بود. افزایش هم‌تباری سبب کاهش تنوع ژنتیکی و در نتیجه کاهش پاسخ به انتخاب در یک جمعیت می‌شود و همچنین آثار زیان‌باری بر اکثر صفات تولیدی و تولیدمثلی دارد. همچنین افزایش هم‌تباری در یک جمعیت، منجر به کاهش واریانس ژنتیکی در داخل یک خانواده و افزایش واریانس ژنتیکی بین خانواده‌ها می‌شود (Falconer and Mackay, 1996). از ضریب هم‌تباری می‌توان برای محاسبه اندازه مؤثر جمعیت نیز

استفاده کرد. به همین دلیل اندازه مؤثر جمعیت علاوه بر نشان دادن میزان رانش ژنی، بیانگر قابلیت زنده‌مانی یک جمعیت نیز می‌باشد (Frankham *et al.*, 2002).

اندازه مؤثر جمعیت گوسفندان ایران‌بلک، ۲۶ رأس برآورد شد که کمتر از گزارش‌های حاصل در سایر نژادهای گوسفند ایرانی بود. این موضوع نشان از این واقعیت دارد که در نتیجه انجام آمیزش‌های خویشاوندی در این جمعیت متوسط رابطه خویشاوندی بین مولدها نیز افزایش یافته است و این افزایش منجر به کاهش اندازه مؤثر جمعیت و در نتیجه افزایش متوسط هم‌خونی در جمعیت شده است. اندازه مؤثر جمعیت در نژادهای گوسفند کرمانی، بلوچی، افشاری، زندی و ماکویی به ترتیب ۲۸۴، ۱۳۴، ۵۰ و ۷۱ و ۲۱۶ رأس گزارش شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2010;) (Ghafouri-Kesbi, 2012; Sheikhloo *et al.*, 2013; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011). به منظور جلوگیری از کاهش شایستگی حیوانات در نسل آینده، حداقل اندازه مؤثر جمعیت برابر با ۱۰۰ و سطح بحرانی ۵۰ رأس توسط سازمان خواربار جهانی توصیه شده است (FAO, 1998). اندازه مؤثر جمعیت در گوسفندان ایران‌بلک مورد مطالعه کمتر از مقدار بحرانی اعلام شده توسط سازمان خواربار جهانی قرار دارد.

فراسنجه‌های به‌دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن در جدول ۲ ارائه شده است. برای بررسی میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در نسل کنونی جمعیت و همچنین بررسی کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار می‌توان از فراسنجه تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار استفاده کرد. در واقع تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار عبارت است از تعداد حیوانات بنیان‌گذار مورد نیاز برای تولید جمعیتی با تنوع ژنتیکی جمعیت موجود، به شرطی که مشارکت همه حیوانات بنیان‌گذار با هم یکسان باشد (Boichard *et al.*, 1997; Lacy, 1989). در صورتی که حیوانات بنیان‌گذار مشارکت یکسان در تولید نتاج نداشته باشند، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار برابر نخواهد بود. تعداد حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۱۶۷ و ۲۲ رأس برآورد شد که اختلاف زیادی با هم دارد. تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار کمتر، نشان‌دهنده مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار و شدت انتخاب نسبتاً بالاتر در این جمعیت است. این اختلاف بین تعداد حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار در بیشتر گزارش‌های موجود در گوسفندان ایران وجود دارد. این دو فراسنجه در گوسفندان نژاد بلوچی، لری‌بختیاری، ماکویی و کرمانی به ترتیب ۳۴۷، ۸۰ و ۵۰۶، ۱۰۶ و ۲۲۸، ۴۶ و ۴۰۶، ۲۰۹ رأس گزارش شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Keshavarzpour *et al.*, 2017; Sheikhloo *et al.*, 2013; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011). همچنین نسبت تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار کمتر نیز نشان‌دهنده مشارکت نامتعادل تر حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت کنونی و استفاده بیشتر از برخی افراد نسبت به بقیه در فرایند تولیدمثل است. این نسبت در پژوهش حاضر ۰/۱۳ محاسبه شد که از همه گزارش‌های موجود کوچکتر است. در گوسفندان زندی، افشاری، بلوچی، زلدا و کرمانی این نسبت به ترتیب ۰/۱۴، ۰/۱۶، ۰/۲۳، ۰/۲۴ و ۰/۵۱ گزارش شده

است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2010; Ghafouri-Kesbi, 2012; Goyache *et al.*, 2003; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011).

جدول ۲- فراسنجه‌های به دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن در گوسفند ایران‌بلک

Table 2- Parameters calculated from the probability of gene origin in Iran-Black sheep

تعداد Number	پارامتر Parameter	
167	(Total number of founder animals)	تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار (f)
22	(Effective number of founder animals)	تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار (f _e)
17	(Effective number of ancestors)	تعداد مؤثر اجداد (f _a)
11	(Effective number of founder genomes)	تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N _g)
22	(Effective number of non founder animals)	تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار (f _{ne})
0.13	($\frac{f_e}{f}$ Ratio)	نسبت $\frac{f_e}{f}$
1.29	($\frac{f_e}{f_a}$ Ratio)	نسبت $\frac{f_e}{f_a}$
0.07	($\frac{N_g}{f}$ Ratio)	نسبت $\frac{N_g}{f}$

کمتر بودن تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار می‌تواند نشان‌دهنده کاهش تنوع آلی در اثر رانش ژنتیکی تصادفی باشد و هرچه اندازه مؤثر جمعیت کوچکتر باشد، کاهش تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در طی زمان، بیشتر خواهد بود (Boichard *et al.*, 1997). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت گوسفندان ایران‌بلک مورد مطالعه ۱۱ رأس محاسبه شد که از همه گزارش‌های موجود در گوسفندان ایرانی کمتر است. در گوسفندان کرمانی، زندی و ماکویی به ترتیب ۱۴۴، ۴۱ و ۳۶ رأس گزارش شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2010; Sheikhloo *et al.*, 2013). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار نیز نشان‌دهنده کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از رانش ژنتیکی تصادفی در یک جمعیت است که در نسل‌های غیربنیان‌گذار وجود دارد. تعداد مؤثر اجداد و تعداد اجدادی که ۵۰ درصد تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از آنها منشأ گرفته است به ترتیب ۱۷ و ۶ رأس محاسبه شد. تعداد مؤثر اجداد نشان می‌دهد که تعداد کمی از اجداد در ایجاد جمعیت نسل آینده نقش داشته‌اند و این تفاوت وجود تنگه ژنتیکی در شجره را نشان می‌دهد (Gutiérrez *et al.*, 2003). این فراسنجه در گوسفندان کرمانی و زندی به ترتیب ۷۳ و ۷۴ رأس گزارش شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2010). همه نتایج به دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن حاکی از این است که تنوع ژنتیکی جمعیت گوسفندان ایران‌بلک در حال کاهش است که امری نگران‌کننده می‌باشد. مدیریت روش جفتگیری در این ایستگاه نیازمند بازنگری اساسی بوده تا با جلوگیری از انجام آمیزش‌های خویشاوندی از کاهش اندازه مؤثر جمعیت جلوگیری شود.

فاصله نسل عبارت است از میانگین سن والدین به هنگام تولد فرزندان آن‌ها که برای تولیدمثل از آن‌ها استفاده شده است و به سامانه پرورشی و ساختار برنامه اصلاح نژادی جمعیت بستگی دارد (Falconer and Mackay, 1996). همانطور که در جدول ۳ نشان داده شده است، متوسط فاصله نسل جمعیت گوسفندان ایران‌بلک مورد مطالعه ۴/۸۵ سال به‌دست آمد که نزدیک به برآورد گزارش شده در گوسفندان زندی به میزان ۴/۶۶ سال است (Ghafouri-Kesbi, 2010). به‌طور کلی متوسط فاصله نسل در گوسفندان ایران‌بلک مورد مطالعه طولانی‌تر از گزارش‌های موجود در سایر نژادهای گوسفند ایرانی بود. متوسط فاصله نسل در گوسفندان بلوچی، افشاری، لری‌بختیاری و کرمانی به ترتیب ۳/۳۳، ۳/۵۵، ۴/۲۳ و ۴/۵۰ سال گزارش شده است (Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri-Kesbi, 2012; Keshavarzpour *et al.*, 2017; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011).

جدول ۳- متوسط فاصله نسل در چهار مسیر مختلف انتخاب در گوسفند ایران‌بلک
Table 3- Average generation interval in four selection pathways in Iran-Black sheep

فاصله نسل Generation interval	تعداد حیوانات Number of animals	مسیر برآورد Pathway
4.11	58	پدر- بره نر (Father-Son)
5.32	1104	پدر- بره ماده (Father-Daughter)
3.60	86	مادر- بره نر (Mother-Son)
4.54	1137	مادر- بره ماده (Mother-Daughter)
4.85	2412	کل (Total)

همانطور که مشخص است، فاصله نسل در مسیر پدر- نتاج طولانی‌تر از مسیر مادر- نتاج است که با گزارش Keshavarzpour Bahreini Behzadi and Keshavarzpour, 2015; Ghafouri- *et al.*, (2017) مطابقت داشت ولی با نتیجه سایر پژوهش‌ها (Kesbi, 2012; Paiva *et al.*, 2011; Tahmoorespour and Sheikhloo, 2011) مغایر بود. شاید رویکرد متفاوت جایگزینی نرها و ماده‌ها دلیل کوتاه‌تر بودن فاصله نسل در مسیر مادر- نتاج باشد. به‌طور کلی فاصله نسل در مسیر والد - بره نر کوتاه‌تر از مسیر والد - بره ماده بود.

با وجود روند افزایشی تعداد افراد جمعیت در طی سال‌های مورد مطالعه، میزان متوسط هم‌خونی، متوسط هم‌تباری و متوسط رابطه خویشاوندی نیز روندی افزایشی داشت که می‌تواند ناشی از کاهش اندازه مؤثر جمعیت باشد. متوسط رابطه خویشاوندی در جمعیت گوسفندان ایران‌بلک ۹/۴۲ درصد محاسبه شد. همانطور که قبلاً نیز ذکر شد، افزایش متوسط رابطه خویشاوندی دام‌ها و در نتیجه افزایش میزان هم‌خونی در جمعیت می‌تواند اثرات منفی روی صفات تولیدی داشته باشد. این موضوع در صفات وزن بدن در سنین مختلف مورد بررسی قرار گرفت. برای مقایسه مدل‌های دام مختلف از معیار آکائیک استفاده شد که این شاخص با در نظر گرفتن اندازه نمونه (n) و تعداد پارامترهای مورد استفاده (p)، پیچیدگی مدل را تصحیح می‌کند (Gayawan and Ipinyomi, 2009). مقادیر معیار آکائیک و پسروری ناشی از هم‌خونی به ازاء یک درصد افزایش ضریب هم‌خونی مربوط به

مناسب‌ترین مدل دام در جدول ۴ نشان داده شده است. برای صفت وزن تولد، مدل دام ۱۲ به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که کامل‌ترین مدل است و شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط دائم مادری و محیط مشترک مادری است که بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیکی افزایشی مادری نیز کواریانس وجود دارد. برای صفات وزن شیرگیری و وزن شش‌ماهگی، مدل دام ۸ به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که دارای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیط دائم مادری و محیط مشترک مادری است. برای صفت وزن نه‌ماهگی، مدل دام ۲ به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط دائم مادری است. برای صفت وزن یک‌سالگی، مدل دام ۷ به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که دارای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط مشترک مادری است. جدول ۴ نشان می‌دهد که صفات وزن تولد، شیرگیری، شش‌ماهگی، نه‌ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۱۰/۳، ۱۳۰/۶، ۴۹۱/۸، ۵۲۵/۵ و ۴۱۴/۷ گرم کاهش تولید به ازای یک درصد افزایش در هم‌خونی داشتند که می‌تواند نشان دهنده کاهش تنوع ژنتیکی در گوسفندان ایران‌بلک موجود در این ایستگاه باشد. میزان پسروری ناشی از هم‌خونی در بیشتر صفات گوسفندان ایران‌بلک بیشتر از گزارش‌های موجود در سایر نژادهای گوسفند ایرانی بود. در پژوهشی دیگر میزان پسروری ناشی از هم‌خونی در صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفندان ایران‌بلک به ترتیب ۹- و ۲۹- گرم گزارش شده است که با نتایج پژوهش حاضر تفاوت دارد که می‌تواند ناشی از ساختار متفاوت داده مورد استفاده در این دو پژوهش باشد (Mirzamohammadi *et al.*, 2012). پسروری ناشی از هم‌خونی در صفات وزن تولد، شیرگیری، شش‌ماهگی، نه‌ماهگی و یک‌سالگی در گوسفندان لری بختیاری و قره‌گل به ترتیب ۵+، ۸/۱۰-، ۶/۲۸۳-، ۱/۱۹۳-، ۲۳۴- و ۴-، ۳۸-، ۱۳۹-، ۱۵۰-، ۱۷۸- گرم گزارش گردید (Bahri Binabaj *et al.*, 2015; Rashedi Dehsahraei *et al.*, 2013). میزان پسروری ناشی از هم‌خونی برای صفات وزن تولد، شیرگیری، شش‌ماهگی، نه‌ماهگی و یک‌سالگی در گوسفندان زندی به ترتیب ۸/۵-، ۲۹-، ۹۷-، ۸۵- و ۱۰۷- گرم و در گوسفندان مغانی به ترتیب ۷-، ۲۹۱-، ۲۶-، ۱۹- و ۴۲- گرم گزارش شده است (Adeli Khah *et al.*, 2008; Dorostkar *et al.*, 2012).

جدول ۴- مقادیر معیار آکائیک و پسروری ناشی از یک درصد افزایش هم‌خونی در صفات رشد مورد مطالعه در گوسفند

ایران‌بلک

Table 4- AIC values and inbreeding depression for the studied growth traits in Iran-Black sheep

وزن یک‌سالگی	وزن نه ماهگی	وزن شش ماهگی	وزن شیرگیری	وزن تولد	مدل دام
Yearling weight	Nine months weight	Six months weight	Weaning weight	Birth weight	Animal model
7766.06	7944.08	19308.12	20371.85	903.00	1
7766.19	7928.08	19172.13	20279.90	522.84	2
7768.06	7943.10	19192.93	20316.05	495.00	3
7769.69	7943.46	19194.84	20315.90	496.25	4
7776.07	7930.08	19173.98	20280.72	482.27	5
7770.19	7931.70	19175.79	20282.59	482.44	6
7764.86	7940.89	19010.72	20230.02	529.24	7
7766.22	7929.76	18998.13	20195.46	330.42	8
7766.86	7941.84	19000.69	20211.63	293.95	9
7768.76	7942.65	19002.51	20210.83	293.96	10
7768.22	7931.76	18998.48	20196.43	289.39	11
7770.22	7933.39	19000.13	20197.76	288.29	12
-414.7	-525.5	-491.8	-130.6	-10.3	پسروری هم‌خونی (گرم) Inbreeding depression

به طور کلی نتایج به دست آمده از این مطالعه نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی جمعیت موجود در مقایسه با جمعیت حیوانات بنیان‌گذار کاهش یافته است. از این رو مدیریت مطلوب جمعیت‌های دامی به منظور جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی ضروری به نظر می‌رسد. لذا در جمعیت‌های کوچک و جمعیت‌هایی که در آنها انتخاب صورت می‌گیرد تنوع ژنتیکی می‌تواند با سرعت بالایی کاهش یابد. این کاهش تنوع ژنتیکی می‌تواند پیامدهایی مانند کاهش تولید ناشی از هم‌خونی و کاهش پاسخ به انتخاب را به دنبال داشته باشد. ضریب تابعیت صفات وزن تولد، شیرگیری، شش‌ماهگی، نهم‌ماهگی و یک‌سالگی از هم‌خونی نشان داد که افزایش هم‌خونی در جمعیت گوسفندان ایران‌بلک سبب کاهش عملکرد برای همه صفات مورد مطالعه شده است. از طرفی میزان کاهش تولید ناشی از هم‌خونی صفات رشد در گوسفندان ایران‌بلک مورد مطالعه نسبت به گزارش‌های موجود در سایر نژادهای گوسفند ایرانی بیشتر بود که مدیریت مناسب‌تر نوع جفتگیری در این گله پیشنهاد می‌شود. لذا برای حفظ متوسط هم‌خونی در سطح مناسب باید از جفتگیری‌های افراد خویشاوند در این گله جلوگیری شود.

نتیجه‌گیری کلی

باید به این موضوع تأکید نمود که اطلاع از تنوع ژنتیکی جمعیت‌های موجود در ایستگاه‌های اصلاح نژاد، اساس انتخاب مؤثر و انجام برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشد. درصد بالای حیوانات دارای والدین معلوم (۹۲ درصد حیوانات مورد بررسی) در پژوهش حاضر، نشان دهنده‌ی کیفیت بالای عمل ثبت مشخصات و رکوردگیری شجره در گوسفندان ایران‌بلک است. ثبت مشخصات و رکوردگیری دقیق از لحاظ افزایش کارایی ارزیابی ژنتیکی حیوانات و بهبود ژنتیکی صفات بسیار حائز اهمیت است. از طرفی روند تغییرات میزان هم‌خونی در گوسفندان ایران‌بلک در طی سال‌های مورد مطالعه دارای روندی صعودی بود که علیرغم ثبت دقیق رکورد شجره در این نژاد، به نظر می‌رسد جفتگیری‌های انجام شده در جمعیت به صورت کنترل شده نبوده است که سبب افزایش پسروی ناشی از هم‌خونی در صفات مورد مطالعه شده است. نتایج به‌دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن شامل بررسی تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر اجداد حاکی از این است که تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه در طی زمان در حال کاهش است که باید مورد توجه مسئولین محترم این ایستگاه قرار گیرد. لذا مدیریت برنامه تولیدمثلی و بهبود آن در این ایستگاه نیازمند بازنگری بوده تا با جلوگیری از انجام آمیزش‌های خویشاوندی از کاهش اندازه مؤثر جمعیت و در نهایت کاهش تنوع ژنتیکی جلوگیری شود.

منابع

- Adeli Khah, M.H., Vaez Torshizi, R., Rokouei, M., & Tohidi, D. (2008). Inbreeding and its effects on production traits Iranian Zandi sheep. 3rd Congress on Animal Science, Mashhad, Iran. 3436-3440. (In Persian)
- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *Automatic Control. IEEE Transactions on*, 6: 716-723.

- Allendorf, F.W. (1986). Genetic drift and the loss of alleles versus heterozygosity. *Zoo Biology*, 5: 181-190.
- Amiri Roudbar, M., Mohammadabadi, M.R., Ayatollahi Mehrgardi, A., & Abdollahi-Arpanahi, R. (2017). Estimates of variance components due to parent-of-origin effects for body weight in Iran-Black sheep. *Small Ruminant Research*, 149: 1-5.
- Bahreini Behzadi, M.R., & Keshavarzpour, M. (2015). A study on genetic structure of Kermani sheep by using pedigree analysis in the Shahrabak sheep breeding station. *Journal of livestock Research*, 3: 1-10. (In Persian)
- Bahri Binabaj, F., Faraji Arough, H., Rokouei, M., Jafari, M., & Sheikhloo, M.R. (2015). Estimation of inbreeding depression on growth correlated traits in Karakul lambs. *Journal of Ruminant Research*, 2: 137-156. (In Persian)
- Boichard, D., Maignel, L., & Verrier, E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, 29: 5–23.
- Caballero, A., & Toro, M.A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical Research*, 75(3): 331-343. doi:10.1017/S0016672399004449
- Dorostkar, M., Faraji Arough, H., Shodja, J., Rafat, S.A., Rokouei, M., & Esfandyari, H. (2012). Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 14: 549-556.
- Falconer, D.S., & Mackay, F.C. (1996). Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman. Harlow. UK.
- FAO. (1998). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. Food and Agriculture Organization, Rome, Italy.
- Frankham, R., Ballou, J.D., & Briscoe, D.A. (2002). Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, London, 617 pp.
- Gayawan, E., & Ipinoyomi, R.A. (2009). A comparison of Akaike, Schwarz and r square criteria for model selection using some fertility models. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 3: 3524-3530.
- Ghafouri-Kesbi, F. (2010). Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. *Journal of Genetics*, 89: 479–483.
- Ghafouri-Kesbi, F. (2012). Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. *Archives Animal Breeding*, 4: 375-384.
- Gholambabaeian, M.M., Rashidi, A., Razmkabir, M., & Mirzamohammadi, E. (2012). Inbreeding coefficient estimate and its effects on pre-weaning traits in Moghani sheep. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. 71-75. (In Persian)
- Ghotbaldini, H., Mohammadabadi, M.R., Nezamabadi-pour, H., Babenko, O.I., Bushtruk, M.V. and Tkachenko, S.V., (2019). Predicting breeding value of body weight at 6-month age using Artificial Neural Networks in Kermani sheep breed. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 41, e45282.
- Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J., & Royo, L.J. (2003). Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120: 95–103.
- Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Canon, J., & Piedrafita, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35: 43–63.
- Gutiérrez, J.P., & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., & Jordana, J. (2005). Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalonian donkey breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., & Goyache, F. (2009). Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 327–332.
- Keshavarzpour, M., Bahreini Behzadi, M.R., & Muhaghegh Dolatabadi, M. (2017). Pedigree Analysis and Inbreeding Investigation in Lori-Bakhtiari Sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 9: 376–386. (In Persian)

- Kosgey, I.S. (2004). Breeding objectives and breeding strategies for small ruminants in the tropics. Ph.D. dissertation, Wageningen University.
- Lacy, R.C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees, founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8: 111–123.
- Lacy, R.C. (1995). Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biology*, 14: 565–578.
- Meyer, K. (2007). WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University - Science B*, 8: 815–821.
- Mirzamohammadi, E., Rashidi, A., Vatankhah, M., & Jafari, M. (2012). Evaluation of inbreeding effects on pre-weaning growth traits and lamb survival in Iran-black sheep. *Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 101: 62-70. (In Persian)
- Mottaghinia, G., Farhangfar, H., Ahmadi Shahrakht, M., Shadparvar, A.A., & Jafari, M. (2012). A study on inbreeding trend and its effect on body weight traits of Iran Black sheep in AbbasAbad breeding center of Mashhad. *Animal Production Research*, 1: 19-28. (In Persian)
- Paiva, S.R., Facó, O., Faria, D.A., Lacerda, T., Barretto, G.B., Carneiro, P.L.S., Lobo, R.N.B., & McManus, C. (2011). Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, DOI 10.1007/s11250-011-9873-6.
- Rashedi Dehsahraei, A., Fayazi, J., & Vatankhah, M. (2013). Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. *Journal of Ruminant Research*, 1: 65-78. (In Persian)
- Rochambeau, H.C., Fournet-Hanocq, F., & Khang, J.V.T. (2000). Measuring and managing genetic variability in small populations. *Annales de zootechnie*, 49: 77-93.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J.J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: Proceeding of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication 27–28, Belo Horizonte, Brazil, August 13–18.
- Sheikhloo, M., Tahmoorespur, M., & Aslaminejad, A.A. (2012). A study of inbreeding of Baluchi sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3: 453-458. (In Persian)
- Sheikhloo, M., Tahmoorespur, M., & Aslaminejad, A.A. (2013). Study of genetic variability of breeding flock of Makooyi sheep using pedigree analysis. 1st National Conference on Livestock and Poultry Production in Northern Iran, Sari, Iran. 1116-1120. (In Persian)
- Tahmoorespur, M., & Sheikhloo, M. (2011). Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 99: 1–6.
- Vozzi, P.A., Marcondes, C.R., Bezerra, L.A.F., & Lobo, R.B. (2007). Pedigree analyses in the breeding program for Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 6: 1044-1050.

Study of population structure and inbreeding in Iran-Black sheep

Mohammad Reza Bahreini Behzadi^{1*}, Mohammad Keshavarzpour²

1) Associate Professor, Yasouj University, Yasouj, Iran.

2) MSc Graduate, Yasouj University, Yasouj, Iran.

*Corresponding author E-mail: bahreini@yu.ac.ir

Accepted: 2022, 05, 31

Received: 2022, 03, 01

Abstract

The aim of the current project was study of population structure using pedigree analysis and also inbreeding depression of growth traits in Iran-Black sheep. Pedigree information related to 5481 animals and records of body weights at birth, weaning, six-month, nine-month and yearling, collected from 1982 to 2011 at Abbasabad Sheep Breeding Station in Mashhad, were used. Calculation of inbreeding coefficients was done by CFC, and Endog (v4.8) to compute other pedigree analyses, and WOMBAT software was used for estimating the inbreeding depression of growth traits. The total number of founders, the effective number of founders, the effective number of ancestors, the effective number of founder genomes, and the effective number of non-founder genomes, were 167, 22, 17, 11, 22 heads, respectively. The estimated average for coancestry, relationship and inbreeding coefficients was 4.71, 9.42 and 4.80 percent, respectively. The generation interval and the effective population size based on individual increase in inbreeding were 4.85 years and 26 heads, respectively. The average generation interval in the sire-progeny pathway was greater than the dam-progeny pathway. Also, half of the genetic diversity of the study population originated from 6 ancestors. The inbreeding depression for body weight traits at birth, weaning, six, nine and 12 months of age were 10.3, 130.6, 491.8, 525.5 and 414.7 g, respectively. The results showed a decrease in genetic diversity of the study population compared to the founder animals and observed inbreeding depression in the studied traits could also confirms it.

Keywords: Effective population size, Genetic diversity and Growth traits.