

## Research Paper

# Pedigree Analysis and Estimation of some Population Parameters of Sanjabi Sheep at Mehrgan Station

Sajad Badbarin<sup>1</sup>, Hassan Khamis Abadi<sup>2</sup> and Javad Ahmadpanah<sup>3</sup>

1- Assistant Professor, Animal Science Department, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Kermakshah, Iran  
(Corresponding author: s.badbarin@areeo.ac.ir)

2- Associate Professor, Animal Science Department, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Kermakshah, Iran

3- Assistant Professor, Animal Science Department, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Ilam, Iran

Received: 21 May, 2023

Accepted: 13 September, 2023

### Extended Abstract

**Background:** Genetic diversity determines a population's capacity to respond to selection and undergo genetic improvement. To evaluate breeding programs and make informed decisions about their continuation, assessing the genetic diversity of the population is essential. This project aimed to investigate the genetic diversity and estimate the population parameters of Sanjabi sheep based on pedigree analysis.

**Methods:** The information used in this study included the animal number, sire number, dam number, sex, and date of birth of 2,067 purebred sheep collected at the Mehrgan station from 2009 to 2022. Pedigree analysis was conducted on the entire population or a reference population to estimate parameters such as inbreeding coefficients, rate of inbreeding increase, effective population size, generation interval, effective number of founders, and effective number of ancestors.

**Results:** The generation interval and average relationship were estimated at 2.87 years and 0.43%, respectively. The average inbreeding coefficient for the entire population was calculated at 0.48%, indicating a low level of inbreeding. However, the trend of inbreeding changes over the studied years was unfavorable. The effective population size was estimated to be 260.86, based on the increase in individual inbreeding and the maximum number of generations method. The effective size of the founders was estimated at 272.60, indicating balanced participation of the base population in reproduction. The effective number of founder individuals ( $f_e$ ) and the effective number of ancestors ( $f_a$ ) were found to be 109 and 100, respectively. The  $f_e/f_a$  ratio was calculated as 1.09, suggesting a low effect of genetic bottlenecks. Notably, 50% of the total genetic diversity was attributed to 38 ancestor individuals, highlighting their balanced contribution to the genetic diversity of the next generation.

**Conclusion:** The results indicate that, despite the small and closed nature of the population, there is relatively high genetic diversity among individuals. Since the loss of genetic diversity and the increase in homozygosity can lead to decreased production performance, it is crucial to prevent further reductions in genetic diversity and mitigate its adverse effects by continuously monitoring genetic diversity and making informed decisions to preserve it.

**Keywords:** Effective population size, Inbreeding coefficient, Pedigree analysis, Sanjabi sheep

**How to Cite This Article:** Badbarin, S., Khamis Abadi, H., & Ahmadpanah, J. (2023). Pedigree Analysis and Estimation of some Population Parameters of Sanjabi Sheep at Mehrgan Station. *Res Anim Prod*, 14(4), 114-120.  
<https://doi.org/10.61186/rap.14.42.114>



Copyright © 2023 Badbarin et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.  
This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License](#) which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.



## مقاله پژوهشی

## تحلیل شجره و برآورد برخی پارامترهای جمعیتی گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان

سجاد بادرین<sup>۱</sup>, حسن خمیس آبادی<sup>۲</sup> و جواد احمدپناه<sup>۳</sup>

۱- استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسؤول: s.badarbin@arreeco.ir)

۲- دانشیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

۳- استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۶/۲۲

صفحه: ۱۱۴ تا ۱۲۰

## چکیده مبسوط

**مقدمه و هدف:** تنوع ژنتیکی ظرفیت جمعیت را برای پاسخگویی به انتخاب و پیشرفت ژنتیکی تعیین می‌کند. برای ارزیابی برنامه‌های اصلاح نژادی انجام شده روی یک جمعیت و تصمیم‌گیری برای ادامه آن، ارزیابی تنوع ژنتیکی آن جمعیت ضروری است. لذا هدف از این پژوهه بررسی تنوع ژنتیکی و برآورد پارامترهای جمعیتی گوسفندان سنجابی بر اساس نجزیه و تحلیل اطلاعات شجرنامه آنها بود.

**مواد و روش‌ها:** اطلاعات مورد استفاده شامل شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر، جنسیت و تاریخ تولد ۲۰۶۷ راس گوسفند خالص سنجابی بود که در طی سال‌های ۱۳۸۷ تا ۱۴۰۲ در ایستگاه مهرگان جمع آوری شده بود. تجزیه و تحلیل شجرنامه بر روی کل جمعیت یا یک جمعیت مرجع بهمنظور تخمین پارامترهایی مانند خرابی همخونی، میزان افزایش همخونی، اندازه جمعیت مؤثر، فاصله نسلی، تعداد مؤثر افراد بینان گنار و تعداد مؤثر اجداد انجام شد.

**یافته‌ها:** فاصله نسلی و متوسط رابطه خوبی‌اشوندی بهترتبیب برابر با ۲/۸۷ سال و ۴۳/۰ درصد برآورده است. میانگین همخونی در کل جمعیت مرجع مطالعه بهصورت نامطابقی افزایشی با ۰/۷۸ درصد محاسبه شد که بیانگر سطح پایین همخونی در این جمعیت بود. روند تغییرات همخونی در طی سال‌های مورد مطالعه بهصورت نامطابقی افزایشی بود. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از افزایش همخونی فردی و روش حداکثر تعداد نسل برابر با ۲۰/۰ راس برآورد گردید. اندازه مؤثر افراد بینان گنار برابر با ۲۷۲/۰ راس برآورد شد که بیانگر مشارکت متوازن حیوانات جمعیت پایه در تولید مثل مدل بود. تعداد مؤثر افراد بینان‌گذار (fc) و تعداد مؤثر اجداد (fa) بهترتبیب برابر با ۱۰۰ راس بود. نسبت fa/fc برابر با ۰/۹۰ محسوسه شد که بیانگر اثر کم تنش‌گذاری ژنتیکی بود. ۵۰ درصد از کل تنوع ژنتیکی توسط ۳۸ راس از اجداد تأثیرگذار بوجود آمد است که بیانگر مشارکت متوازن اجداد در ایجاد تنوع ژنتیکی افراد نسل بعد بود.

**نتیجه‌گیری:** نتایج بدست آمده از این تحقیق نشان داد که با وجود جمعیت کم و بسته بودن آن، تنوع ژنتیکی نسبتاً بالایی میان گوسفندان ایستگاه وجود دارد. از آنجا که از دست دادن تنوع ژنتیکی و افزایش هموزیگوستی منجر به کاهش تولید و عملکرد خواهد شد، لازم است با بررسی تنوع ژنتیکی و اتخاذ تصمیماتی جهت حفظ آن، از کاهش تنوع ژنتیکی و اثرات سوء آن در آینده جلوگیری کرد.

واژه‌های کلیدی: اندازه مؤثر جمعیت، تحلیل شجره، خربی همخونی، گوسفند سنجابی

**اصلاح نژاد شامل دو مقوله انتخاب افراد برتر به عنوان نسل بعد و تعیین نحوه امیزش بین افراد انتخاب شده می‌باشد. اگرچه انتخاب افراد برتر از طریق شاخص انتخاب می‌تواند بهره‌وری در نسل نتاج را در مقایسه با والدین افزایش دهد، ولی امیزش اجتناب‌تاپذیر بین افراد انتخاب شده خوبی‌اشوند با هم در یک جمعیت بسته و کوچک (حتی با اعمال امیزش تصادفی) منجر به تجمع همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود. در این حالت میزان هتروزایگوستی و تنوع الی در جمعیت‌های کوچک و بسته به سرعت کاهش می‌باشد. کاهش تنوع ژنتیکی در اثر همخونی و رانش ژنتیکی و پیامد آن افزایش هموزایگوستی در جمعیت‌های کوچک منجر به کاهش عملکرد صفات تولیدی، تولیدمثلی و سازگاری خواهد شد (2018). (Vatankhah et al., 2018).**

نتوع ژنتیکی را می‌توان بهصورت توانایی پاسخ به تغییرات محیطی تعریف کرد. بررسی تنوع ژنتیکی تراکدهای یکی از مباحث مهم اصلاح نژاد دام بوده و تلاش‌های زیادی برای ارائه برنامه‌های مناسب به منظور حفظ تنوع ژنتیکی در سطح مطلوب انجام می‌شود (2019). (Giontella et al., 2019). در واقع یکی از وظایف اصلی برنامه‌های اصلاح نژادی حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت برای اطمینان از پاسخ به انتخاب بلند مدت است. افزایش خوبی امیزی سبب کاهش اندازه مؤثر جمعیت، افزایش همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت خواهد شد (Paiva et al., 2011).

## مقدمه

گوسفند و بز بهطور گسترده‌ای در سطح استان کرمانشاه پرورش داده می‌شود. با توجه به اینکه شغل بسیاری از مردم منطقه بخصوص عشایر، گلهداری می‌باشد، پرورش گوسفند از لحاظ امرار معاش، اقتصاد و عوامل اجتماعی برای جمعیت زیادی از مردمان این منطقه، از اهمیت بسیار بالایی برخوردار است. گوسفند سنجابی بومی استان کرمانشاه و نژاد غالب این استان است. گوسفند سنجابی نژادی دنبه‌دار با جهاتی بزرگ و دست و پایی بلند می‌باشد. صورت آن قهوه‌ای تا قهوه‌ای کمرنگ و بدن از پشمی بلند، سفید و ضخیم پوشیده شده است. مهمترین دلیل و هدف از پرورش گوسفند در ایران، تولید گوشت بوده و دیگر تولیدات گوسفند مانند پشم، شیر و پوست اهمیت کمتری دارند (Bayeriyar, 2021). گوسفند سنجابی از لحاظ تولید جزء گوسفندان گوشتی بوده، هرچند که از نظر سایر صفات مانند تولید پشم، تولید شیر و مقاومت نسبت به شرایط محیطی وضعیت مناسبی دارد (Ahmadi et al., 2004).

از آنجا که حفظ و نگهداری ذخایر ژنتیکی منطقه و مخصوصاً گوسفندان بومی کشور از اهمیت زیادی برای مدیریت تنوع زیستی برخوردار است (Danchin-Burge et al., 2010)، بنابراین بهمنظور حفظ ذخایر ژنتیکی و اصلاح نژاد گوسفندان سنجابی استان کرمانشاه، گله گوسفند سنجابی ایستگاه مهرگان در سال ۱۳۶۵ تأسیس شد.

۱۵ سال در ایستگاه مهرگان جمع‌آوری شده بود انجام گرفت. ایستگاه مهرگان زیر نظر مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه بوده در حال حاضر با تعداد ۱۵۰ راس میش مولد و ۳۰ راس قوچ در حال فعالیت می‌باشد. صفاتی که در این ایستگاه اندازه گیری و ثبت می‌شوند شامل: خصوصیات فنوتیپی (رنگ صورت، تیپ ظاهری، وضعیت پشم)، وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی، وزن نه ماهگی، خصوصیات بره متولد شده (جنس، تیپ تولد و تاریخ تولد) می‌باشد. معیار انتخاب برای آمیزش‌ها در گله ایستگاه صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، تیپ ظاهری و همچنین لحاظ کردن دورترین رابطه خوبشواندی است. آمیزش‌ها به صورت کنترل شده انجام می‌شود یعنی تمام میش‌ها به صورت گروههای ۱۰ تا ۱۴ راسی تقسیم شده و به ازای هر گروه، یک قوچ در نظر گرفته می‌شود. اطلاعات مورد نیاز برای انجام تحقیق حاضر شامل شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر، جنسیت و تاریخ تولد بره بود. ویرایش داده‌ها و تنظیم آنها برای تجزیه و تحلیل با استفاده از نرمافزار Excel 2007 انجام گرفت. ویرایش داده‌ها شامل تجمعی و در کنار هم قرار دادن اطلاعات شجره‌ای، حذف افراد تکراری، تخصیص شماره منحصر به فرد به افراد و مرتب کردن اعداد از کوچک به بزرگ بود. در بررسی اولیه داده‌ها معلوم شد که سیستم رکورددگیری و تخصیص شماره گوش به بره‌های تازه متولد شده بر اساس الگوی خاصی نبوده است و داده‌ها به صورت ناقص جمع‌آوری شده است. شجره در بیشتر موارد به اطلاعات چند نسل محدود می‌شد. با این وجود به کمک تاریخ تولد و منابع اطلاعاتی پراکنده، تا حد امکان تلاش شده که شجره کاملتری برای ورود به نرمافزار تهیه شود (Behmaram, & Mohammadiyeh, 2019; Gutiérrez & Goyache, 2005).

برای بررسی سطح تکامل شجره، حیوانات دارای پدر و مادر معلوم شمارش شده و به صورت درصدی از کل حیوانات شجره بیان شد. برای محاسبه حداقل تعداد نسل‌های قابل برگشت، شجره هر حیوان تا جایی که امکان داشت به عقب باز گردید و تعداد نسل‌های بین قدیمی‌ترین جد موجود در شجره برای حیوان موردنظر و خودش محاسبه شد (& Gutiérrez & Goyache, 2005). فاصله نسل به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بره، برای افرادی که تولید مثل کردند و برای کل افراد محاسبه شد. در صورت تداخل بین نسل‌ها، فاصله نسل از طریق میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج آنها محاسبه شد. این پارامتر در چهار مسیر پدر-پسر، پدر-دختر، مادر-پسر و مادر-دختر محاسبه و میانگین فاصله نسل کل به صورت میانگین این چهار مسیر تعیین شد (Paiva et al., 2011). از آنجا که یکی از اهداف اصلی تحلیل شجره، دیابی مسیر شجره به سمت نسل‌های قبل بوده تا از این طریق ژن‌های مشترکی که از اجداد مشترک به فرزندان انتقال داده شده است بررسی شود، بنابراین استفاده از اطلاعات چند نسل قبل برای رسیدن به ساختار ژنتیکی جمعیت کافی لازم و ضروری بود. حیوانات بنیان‌گذار جمعیت با بازگست مسیر شجره به عقب شناسایی شدند. برای این کار میزان مشارکت مورد انتظار هریک از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع محاسبه و سپس برای بررسی تعادل مشارکت ژنتیکی حیوانات بنیان‌گذار در

بر صفات اقتصادی دامها نشان داده است که در بیشتر موارد تأثیر منفی بر صفات اقتصادی دامها داشته است که مقدار آن با توجه به تعداد و صفات مورد نظر متفاوت خواهد بود (Sheikhloou et al., 2011) از طرفی برخی از پارامترهای جامعه مانند اندازه مؤثر جامعه، فاصله نسل و میزان همخوئی که وابسته به مدیریت و نظام پرورشی می‌باشند دارای نقشی کلیدی بر تنوع ژنتیکی جامعه هستند. در جوامع حیوانات اهلی، عموماً تنوع ژنتیکی با برآورد میزان اندازه مؤثر جمعیت ارزیابی می‌شود (Justinski et al., 2023). کاهش اندازه مؤثر جمعیت ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی می‌باشد که با پدیده‌های ناطلوب مختلفی مانند افت همخوئی در صفات مرتبط با شایستگی و تغییرات در پاسخ به انتخاب در ارتباط است (Bahreini, Behzadi & Keshavarzpour, 2014).

در سالیان گذشته روش تحلیل شجره یک روش مناسب جهت محاسبه تنوع ژنتیکی و دیگر پارامترهای جمعیتی جهت اجرا و ارزیابی برنامه‌های اصلاح نژادی مورد استفاده قرار گرفته است (Baneh et al., 2020; Vatankhah et al., 2019). محاسبه شاخص‌ها و پارامترهای تنوع ژنتیکی یک جمعیت می‌تواند، تاثیرات عوامل ژنتیکی مختلف مانند انتخاب طبیعی، مهاجرت، جهش، رانش ژنتیکی، نوترکیبی کروموزومی و ... روی ساختار ژنتیکی یک جمعیت، را به صورت عددی نمایش دهد (Shakeri et al., 2021). شیخلو و همکاران (۲۰۱۱) با بررسی شجره گوسفندان بلوچی ایستگاه عباس‌آباد بیان کردند که در طی سال‌های مورد بررسی ضریب همخوئی این جمعیت روند افزایشی داشته و در مجمع سطح همخوئی این گله متوقف و رو به بالا داشته است (Sheikhloou et al., 2011). بحرینی بهزادی و کشاورزپور (۲۰۱۴) در بررسی ساختار ژنتیکی گوسفندان کرمانی ایستگاه شهر بابک نشان دادند که مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت کافی آن ایستگاه متعادل نبوده و به همین دلیل تنوع ژنتیکی آن کاهش یافته است (Bahreini Behzadi & Keshavarzpour, 2014). همچنین کشاورزپور و همکاران (۲۰۱۸) با بررسی شجره گوسفندان لری بختیاری بیان کردند که در گله مورد بررسی خوبشواندن با هم جفتگیری زیادی داشتند که موجب افزایش همخوئی در آن جمعیت شده است. ایشان بیان داشتند که بهعلت همخوئی بالا تنوع ژنتیکی و عملکرد صفات وزن بدن نیز کاهش یافته است (Keshavarzpour et al., 2018). تاکنون تحقیقات زیادی روی گوسفند سنجابی انجام شده است. اما بیشتر این تحقیقات در زمینه برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف و به‌ویژه وزن بدن و پشم تولیدی بوده (Ahmadi et al., 2004; Mohammadi et al., 2010). در زمینه تحلیل شجره و برآورد پارامترها جمعیتی گوسفند سنجابی تاکنون تحقیقی صورت نگرفته است. بنابراین تحقیق حاضر با مدل بررسی تنوع ژنتیکی گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان از طریق برآورد اندازه مؤثر جمعیت، ضریب همخوئی و سایر پارامترهای جامعه انجام گرفت.

## مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات ۲۰۶۷ راس گوسفند خالص سنجابی که در طی سال‌های ۱۳۸۷ تا ۱۴۰۲ بهمدت

استفاده از شناسایی و میزان مشارکت موردنظر هریک از آنها در ایجاد مخزن ژنتیکی جمعیت مرجع برآورد شد و سپس تعداد مؤثر اجداد با استفاده از رابطه ارائه شده توسط بویچارد و همکاران (Boichard et al., 1997) برآورد شد (۱۹۹۷). همچنین تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از طریق معموس دو برابر متوسط هم‌تباری افراد در جمعیت مرجع محاسبه شد (Caballero & Toro, 2000)، پس از آماده‌سازی فایل داده‌ها و برطرف نمودن خطاهای آن، از نرم‌افزار ENDOG V4.8 (Gutiérrez et al., 2009) برای آنالیز داده‌های مربوط به شجره استفاده شد (Gutiérrez & Goyache, 2005).

### نتایج و بحث

#### روند تغییرات جمعیت

روند تغییرات جمعیت گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان در طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۴۰۲ در شکل ۱ نشان داده شده است. تغییرات جمعیت این گله در طی سال‌های مورد مطالعه دارای نوسان زیادی بوده است. بیشترین تعداد گوسفند در ایستگاه در سال ۱۳۹۳ (۳۷۷ راس) و کمترین تعداد آن در سال ۱۳۸۵ (۲۳۱ راس) بود. کاهش جمعیت گوسفندان در بعضی سال‌ها می‌تواند منجر به کاهش تعداد مولدین در آن سال‌ها شود. در این حالت احتمال افزایش هم‌خونی بیشتر خواهد شد. با بررسی میزان تغییر سالیانه هم‌خونی مشخص شد که در سال‌هایی که تعداد جمعیت ایستگاه کمتر بوده است، تعداد مولدین نم کاهش نشان داده و بدنبال آن میزان هم‌خونی نیز افزایش یافته است.

ایجاد جمعیت کنونی، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار برآورد شد (Lacy, 1989).

ضریب هم‌خونی به صورت احتمال مشابه اجدادی بودن دو ژن در یک جایگاه ژنی معین تعریف می‌شود. به این معنی که این ژن‌ها نسخه‌هایی از یک ژن و دارای منشأ مشترک می‌باشند. ضریب هم‌خونی حیوانات موجود در شجره با استفاده از روش تغییر در میزان هم‌خونی ( $\Delta F$ ) برای هر نسل با استفاده از رابطه ۱ محاسبه شد (Gutiérrez et al., 2009).

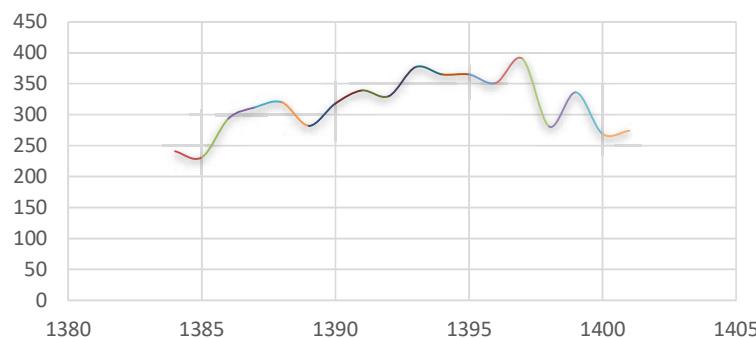
$$\Delta F_i = 1 - t^{-1} \sqrt{1 - F_i} \quad (1)$$

در این رابطه  $F_i$  ضریب هم‌خونی فردی و  $t$  معادل نسل کامل آن فرد است. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش گوتیرز و همکاران (۲۰۰۹) برآورد شد (۲۰۰۹). در این روش برای هر حیوان جمعیت مورد مطالعه افزایش هم‌خونی فردی و سپس اندازه مؤثر جمعیت از طریق رابطه‌های ۲ و ۳ محاسبه شد.

$$N_c = 1/2\Delta F_i \quad (2)$$

$$\Delta F_i = 1 - t^{-1} \sqrt{1 - F_i} \quad (3)$$

در این رابطه  $t$  تعداد نسل‌های معادل کامل برای آن حیوان و  $F_i$  میزان هم‌خونی حیوان می‌باشد. تعداد مؤثر اجداد نشان دهنده حداقل تعداد اجدادی است که تنوع ژنتیکی جمعیت کنونی را تشریح می‌کنند. به عبارت دیگر نشان دهنده افرادی است که سهم زیادی در ایجاد جمعیت کنونی دارند. اجداد اصلی تعیین کننده تنوع ژنتیکی جمعیت با



شکل ۱- روند تغییرات در جمعیت گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان در طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۴۰۲

Figure 1. The trends of changes in the population of Sanjabi sheep in Mehrgan station during the years 2006 to 2023

گوسفندان مورد مطالعه میرزاei ایاللی و همکاران (۲۰۱۷)، یگانه بور و همکاران (۲۰۱۵) و شیخلو و همکاران (۲۰۱۱) به ترتیب برابر با ۷۰۲۸، ۶۴۴۰، ۶۴۴۰ و ۲۱۷۲۱ راس بود (Mirzaee et al., 2011; Ilaly et al., 2017; Sheikhlou et al., 2011; Yeganehpour et al., 2015). جمعیت مورد مطالعه در تحقیق حاضر کمتر از تحقیقات ذکر شده و تقریباً برابر با جمعیت مورد مطالعه توسط بحرینی بهزادی و کشاورزپور (۲۰۱۵) بود (Bahreini Behzadi & Keshavarzpour, 2014).

### آمار توصیفی شجره

آمار توصیفی داده‌های جمعیت گوسفند سنجابی ایستگاه مهرگان در جدول ۱ نشان داده شده است. تعداد کل، تعداد گوسفندان نر و تعداد گوسفندان ماده بررسی شده به ترتیب ۱۲۰۷، ۸۶۰ و ۱۱۱۳ راس بودند. تعداد گوسفندان دارای پدر و مادر معلوم ۵۴ دارد که حدود ۲۶ درصد افراد جمعیت را شامل می‌شود. از تعداد کل گوسفندان بررسی شده ۲۶ درصد آنها دارای نتاج و ۷۴ درصد آنها بدون نتاج بودند. جمعیت

## جدول ۱- آمار توصیفی داده‌ها و اطلاعات شجره‌ای گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان

عنوان	Title
تعداد (راس)	Number (Head)
2067	The total number of animals in the pedigree
454	تعداد کل دامهای در شجره
11	تعداد دامهای دارای هر دو والد نامشخص
489	تعداد دامهای دارای پدر مشخص و مادر نامشخص
1113	تعداد دامهای دارای هر دو والد مشخص
71	تعداد پدران
473	تعداد مادران
544	تعداد دامهای دارای فرزند
1523	تعداد دامهای بدون فرزند

است. از آنجا که میزان تکامل شجره اثر مستقیمی بر برآورد ضریب همخونی دارد، می‌توان بیان کرد که با افزایش سطح تکامل شجره می‌توان به ضرایب همخونی محاسبه شده اطمینان بیشتری داشت. در تحقیق حاضر سطح تکامل شجره در حد متوسطی قرار داشت. بنابراین با در نظر گرفتن این حالت، لازم است که در استفاده از این ضرایب جانب احتیاط را رعایت کرد و سیاست‌های چفتگیری بر مبنای احتمال وجود همخونی بیشتر لحاظ نمود. این مورد نیز در تحقیقات پیشین عنوان شده است که در زمان نقص شجره احتمال محاسبه ضرایب همخونی کمتر از مقادیر واقعی وجود خواهد داشت (Sheikhlou et al., 2011).

## درصد حیوانات دارای پدر و مادر مشخص

یکی از روش‌های بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم می‌باشد. در پژوهش حاضر ۵۴ درصد حیوانات دارای هم پدر و هم مادر معلوم بودند. در تحقیق کشاورزپور و همکاران (۲۰۱۸) از ۷۶۹۳ راس گوسفند بررسی شده حدود ۶۰۹ راس دارای یک یا دو والد ناشناخته بودند (Keshavarzpour et al., 2018). همچنین درصد حیوانات دارای والدین معلوم در گوسفندان بلوجی ۸۸ درصد گزارش شده است و نشان می‌دهد که شجره مورد استفاده در آن پژوهش کامل‌تر از شجره گوسفندان سنجابی مورد مطالعه است. در جدول ۲ سطح تکامل شجره برای کل جمعیت و جمعیت مرجع گوسفندان ایستگاه مهرگان نشان داده شده

## جدول ۲- سطح تکامل شجره در جمعیت کل و جمعیت مرجع گوسفندان سنجابی

نسل	Generation	کل جمعیت	Total population	جمعیت مرجع	Reference population
۱	۱	۰.۶۶	۰.۶۶	۱	۱
۲	۲	۰.۱۴	۰.۱۴	۰.۶۳	۰.۶۳
۳	۳	۰.۰۲	۰.۰۲	۰.۱۲	۰.۱۲
۴	۴	۰.۰۱	۰.۰۱	۰.۰۱	۰.۰۱

نسلی تاثیرگذار هستند (Justinski et al., 2019; Vatankhah et al., 2019). همچنین با توجه به تعداد نسل‌های کامل قابل برگشت متوسط ضریب همخونی در گله ایستگاه ۰/۴۸ درصد و متوسط رابطه خویشاوندی برابر با ۰/۴۳ و درصد محاسبه شد. ضریب همخونی میزان احتمال منشاء مشترک داشتن دو ژن یک فرد را نشان می‌دهد. زمانی دو ژن یک فرد منشاء مشابه دارد که آن ژن‌ها کپی‌هایی از یک ژن به ارث رسیده از جد مشترک به پدر و مادر آن فرد باشد. ضریب خویشاوندی احتمال نسبتی از ژن‌های یک فرد است که با ژن‌های فرد دوم منشاء یکسانی داشته باشند (Tahmoorespur & Sheikhlou, 2011).

می‌توان با استفاده از میانگین ضریب خویشاوندی والدین ضریب همخونی فرزندان را در نسل آینده پیش‌بینی کرد. به‌همین دلیل متوسط ضریب خویشاوندی بین دامهای زنده محاسبه شد. یکی از مراحل اصلی برنامه اصلاح نژادی محاسبه ارزش‌های اصلاحی است. جهت برآورد این ارزش‌ها اطلاع از میزان ضرایب همخونی و روابط خویشاوندی اهمیت بسیار

فاصله نسلی میانگین فاصله نسلی کل برابر با ۲/۸۷ سال برآورد شد. میانگین فاصله نسلی در مسیرهای مختلف انتخاب شامل پدر-پسر، پدر-دختر، مادر-پسر و مادر-دختر به ترتیب ۲/۹۸، ۲/۸۰، ۲/۹۴ و ۲/۸۴ سال برآورد شد. بیشترین میانگین فاصله نسل در مسیر شجره‌ای پدر-پسر و برابر با ۲/۹۸ و کمترین میانگین فاصله نسل در مسیر شجره‌ای مادر-پسر و برابر با ۲/۶۰ بود. فاصله نسلی زمان لازم برای جایگزینی یک نسل با نسل بعد می‌باشد. فاصله نسلی بهروش انتخاب و چفتگیری و میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج آنها در گله بستگی دارد. بنابراین سن اولین استفاده از فرجوها و میش‌ها برای چفتگیری و همچنین سن حذف آنها و جایگزینی با دامهای جوان تراز فاکتورهای مهم تاثیرگذار بر فاصله نسلی هستند. مدیریت توزیع سنی گله و سن جایگزینی دامها تا حدودی توسط برنامه اصلاح نژادی قابل کنترل است ولی عوامل دیگری مثل سن بلوغ جنسی و سیاست اقتصادی در تعیین سن چفتگیری و بهترین سن جایگزینی نیز از عوامل دیگری هستند که بر روی فاصله

2018). میزان افزایش همخونی در سال در حالت حداکثر نسل و نسل کامل و معادل کامل به ترتیب  $0/۱۹$ ,  $0/۲۷$  و  $0/۲۸$  درصد محاسبه شد (جدول ۳). از نظر مدیریت ژنتیکی جمعیت، بررسی روند افزایش همخونی بسیار مهتمر از میزان همخونی موجود در گله خواهد بود (Sheikhloou et al., 2011). روند افزایش همخونی برآورده شده در تحقیق حاضر کمتر از مقادیر بحرانی اعلام شده توسط سازمان فاونو (حداکثر ۱ درصد در سال) می‌باشد. در مقایسه با تحقیقاتی که بر روی ترازهای دیگر انجام گرفته، روند افزایش همخونی برآورده شده در این تحقیق بیشتر از مقادیر برآورده شده برای گوسفندان بومی مکریک بود (Domínguez-Viveros et al., 2020). در مقایسه با ترازهای داخلی، روند افزایش همخونی به دست آمده در این تحقیق از میزان افزایش همخونی گزارش شده توسط شیخلو و همکاران (۲۰۱۱) برای گوسفند بلوچی ( $0/۱۵$ ) و همچنین میرزاچی ایالی و همکاران (۲۰۱۷) برای گوسفند سنگسری Mirzaee Ilaly et al., 2017; ( $0/۰۲۸$ ) بیشتر بود. روند افزایشی و نامطلوب میزان همخونی در سال‌های اخیر بر لزوم توجه به رعایت عدم خویشاوندی برای جفتگیری‌های آینده تأکید می‌کند.

زیادی دارد. این ضرایب در معکوس ماتریس روابط خویشاوندی وارد شده و به طور مستقیم بر دقت ارزیابی‌ها اثر خواهد گذاشت (Behmaram & Mohammadiyeh, 2019).

تعداد افراد با حداکثر ضریب همخونی برابر با ۱۱ راس محاسبه شد. از این تعداد ۷ جفتگیری ( $0/۳۴$  درصد) بین خواهر و برادر و ۳ جفتگیری ( $0/۱۵$  درصد) بین والدین و فرزندان بود. حداکثر ضریب همخونی بیانگر تلاقي بین افراد با خویشاوندی بسیار نزدیک می‌باشد. این تلاقي منجر به تولید افراد بسیار همخون شده و باید به طور ویژه‌ای از آن جلوگیری کرد. بررسی همخونی در طی نسل‌های مختلف با استفاده از حداکثر تعداد نسل و تعداد نسل کامل نشان داد که در جمعیت گوسفندان سنجابی مورد مطالعه روند افزایشی دارد (جدول ۳). با توجه به نقص اطلاعات قبل از سال ۱۳۸۷ و با توجه به بسته بودن جمعیت از سال تاسیس آن ( $۱۳۶۵$ ) به نظر می‌رسد میزان همخونی واقعی این گله بیشتر از همخونی برآورده شده در این تحقیق باشد.

**افزایش میزان همخونی**  
یکی از پارامترهای مهم برای بررسی اندازه مؤثر جمعیت، محاسبه آن با استفاده از میزان افزایش همخونی در طی یک دوره زمانی مشخص است (Razmkabir & Mahmoudi, 2019).

جدول ۳- افزایش در میزان همخونی، میانگین همخونی و اندازه مؤثر جمعیت در سه حالت مختلف حداکثر نسل، نسل کامل و معادل کامل  
Table 3. Increase in inbreeding rate, average inbreeding and effective population size for maximum generations, complete generations and equivalent generations

Equivalent generations معادل کامل	Complete generations نسل کامل	Maximum generation حداکثر نسل	Increase in inbreeding coefficients افزایش در میزان همخونی (درصد)
0.28	0.27	0.19	Mean inbreeding میانگین همخونی
0.82	0.59	1.11	Effective number of population اندازه مؤثر جمعیت
176.25	188.28	260.86	

دهند. از طرف دیگر با توجه به سطح بالای ضریب خویشاوندی ( $0/۰۳۳$  درصد)، به نظر می‌رسد که برای جلوگیری از افزایش بیشتر این ضریب، جفتگیری‌ها با دقت بیشتری برنامه‌ریزی شود، در غیر این صورت تلاقي بین افراد خویشاوند ممکن است به سطح بالایی برسد و این امر منجر به اثرات نامطلوب در جمعیت می‌شود.

**نتیجه‌گیری کلی**  
در مطالعه حاضر، اگرچه نسبت افراد با درصد بالای همخونی نسبتاً کم بود، اما میزان همخونی به دست آمده برای برههای متولد شده از سال ۱۳۸۷ تا ۱۴۰۲ ( $0/۰۴۸$  درصد) همچنان بالا بوده و جای نگرانی دارد. بنابراین ضروری است که قوچ یا میش جدیدی با نسبت خویشاوندی دورتر از دیگر گله‌ها به گله ایستگاه وارد شوند تا اثرات مضر همخونی در گله را کاهش

## References

- Ahmadi, M., Roushanfekr, H., Khoshoe, E., & Mohamadi, Y. (2004). The study of genetic and phenotypic parameters the some of growth traits Kermanshah Sanjabi sheep (In Persian).
- Bahreini Behzadi, M., & Keshavarzpoor, M. (2014). A study on genetic structure of Kermani sheep by using pedigree analysis in the Shahrbabak sheep breeding station. *Journal of livestock Research*, 3(3), 1-10 (In Persian).
- Banesh, H., Javanrouh, A., Sadeghi, S. A. T., Yazdanshenas, M. S., Mandal, A., Ahmadpanah, J., & Mohammadi, Y. (2020). Characterization of population structure and genetic diversity of Adani goats. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 8(1), 79-89.
- Bayeriyar, M. (2021). Bioinformatics Analysis of Some Genomic Regions in Sheep Population Based on Meta-Analysis. *Research On Animal Production* (Scientific and Research), 12(32), 150-159 (In Persian).
- Behmaram, R., & Mohammadiyeh, M. (2019). Inbreeding investigation and its effects on growth traits of Moghani sheep breed using pedigree. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 11(2) (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(1), 5-23.

- Caballero, A., & Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics research*, 75(3), 331-343.
- Danchin-Burge, C., Palhiere, I., François, D., Bibé, B., Leroy, G., & Verrier, E. (2010). Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *Journal of animal science*, 88(2), 505-516.
- Domínguez-Viveros, J., Rodríguez-Almeida, F. A., Medellín-Cázares, A., & Gutiérrez-García, J. P. (2020). Pedigree analysis in ten sheep populations in Mexico. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 11(4), 1071-1086.
- Giontella, A., Pieramati, C., Silvestrelli, M., & Sarti, F. (2019). Analysis of founders and performance test effects on an autochthonous horse population through pedigree analysis: Structure, genetic variability and inbreeding. *Animal*, 13(1), 15-24.
- Gutiérrez, J., Cervantes, I., & Goyache, F. (2009). Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and genetics*, 126(4), 327-332.
- Gutiérrez, J. P., & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and genetics*, 122(3), 172-176.
- Justinski, C., Wilkens, J., & Distl, O. (2023). Genetic Diversity and Trends of Ancestral and New Inbreeding in German Sheep Breeds by Pedigree Data. *Animals*, 13(4), 623.
- Keshavarzpour, M., Bahreini Behzadi, M. R., & Muhaghegh Dolatabadi, M. (2018). Pedigree analysis and inbreeding investigation in Lori-Bakhtiari Sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 9(3), 376-386 (In Persian).
- Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo biology*, 8(2), 111-123.
- Mirzaee Ilaly, M., Hassani, S., Ahani Azari, M., Abdollahpour, R., & Naghavian, S. (2017). Estimation of inbreeding and its effects on growth traits in Sangsari sheeps. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 9(1), 135-145 (In Persian).
- Mohammadi, Y., Rashidi, A., Mokhtari, M., & Esmailizadeh, A. (2010). Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. *Small Ruminant Research*, 93(2-3), 88-93.
- Paiva, S. R., Facó, O., Faria, D. A., Lacerda, T., Barretto, G. B., Carneiro, P. L., Lobo, R. N., & 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*, 43, 1449-1457.
- Razmkabir, M., & Mahmoudi, P. (2018). Monitoring genetic diversity and population structure of Markhuz goat by pedigree analysis. *Animal Production Research*, 7(4) (In Persian).
- Shakeri, R., Javanmard, A., Hasanzadeh, K., Abbasi, M., Khansefid, M., & Rahimi Varpashti, M. (2021). Assessment of Genetic Diversity Within Holstein Population using Bovine SNP Chip Data. *Research On Animal Production* (Scientific and Research), 12(32), 140-149 (In Persian).
- Sheikhlou, M., Tahmoorespur, M., & Aslaminejad, A. A. (2011). Investigation of Inbreeding in Baluchi sheeps of Abbasabad Breeding Station. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3(4) (In Persian).
- Tahmoorespur, M., & Sheikhlou, M. (2011). Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 99(1), 1-6.
- Vatankhah, M., Sigdel, A., & Abdollahi-Arpanahi, R. (2019). Population structure of Lori-Bakhtiari sheep in Iran by pedigree analysis. *Small Ruminant Research*, 174, 148-155.
- Vatankhah, M., Talebi, M., & Bagheri, M. (2018). Estimation of some population parameters and inbreeding rate in Lori-Bakhtiari farmer flock's sheep. *Animal Sciences Journal*, 31(119), 103-114 (In Persian).
- Yeganehpour, Z., Roshanfekr, H., Fayazi, J., Beiranvand, M. H., & Ghaderzadeh, M. (2015). Study of pedigree structure and effects of inbreeding depression on growth traits in Lorestan native sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 7(2), 199-207 (In Persian).