Research on Animal Production, Vol. 14, Issue 4, 2023 p: 114-120

Research Paper

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

Sajad Badbarin[1], Hassan Khamis Abadi [2] and Javad Ahmadpanah[3]

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

Recieved: 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 (fe) and the effective number of ancestors (fa) were found to be 109 and 100, respectively. The fe/fa 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.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]

[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

مقاله پژوهشی

تحلیل شجره و برآورد برخی پارامترهای جمعیتی گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان

سجاد بادبرین[۱]، حسن خمیس آبادی[۲] و جواد احمدپناه[۳]

۱- استادیار بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسوول: s.badbarin@areeo.ac.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: ۱۴۰۲/۰۲/۳۱ تاریخ پذیرش: 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 پروژه بررسی تنوع ژنتیکی و برآورد پارامترهای جمعیتی گوسفندان سنجابی بر اساس تجزیه و تحلیل اطلاعات شجره‌نامه 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 جمع‌آوری شده بود. تجزیه و تحلیل شجره‌نامه بر روی کل جمعیت یا یک جمعیت مرجع به‌منظور تخمین پارامترهایی مانند ضرایب همخونی، میزان افزایش همخونی، اندازه جمعیت مؤثر، فاصله نسلی، تعداد مؤثر افراد بنیان‌گذار و تعداد مؤثر اجداد انجام شد.

یافته‌ها: فاصله نسلی و متوسط رابطه خویشاوندی به‌ترتیب برابر با ۲/۸۷ سال و ۰/۴۳ درصد برآورد شد. میانگین همخونی در کل جمعیت مورد مطالعه برابر با ۰/۴۸ درصد محاسبه شد که بیانگر سطح پایین همخونی در این جمعیت بود. روند تغییرات همخونی در طی سال‌های مورد مطالعه به‌صورت نامطلوبی افزایشی بود. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از افزایش همخونی فردی و روش حداکثر تعداد نسل برابر با ۲۶۰/۸۶ راس برآورد گردید. اندازه مؤثر افراد بنیان‌گذار برابر با ۲۷۲/۶۰ راس برآورد شد که بیانگر مشارکت متوازن حیوانات جمعیت پایه در تولید مثل بود. تعداد مؤثر افراد بنیانگذار (fe) و تعداد مؤثر اجداد (fa) به‌ترتیب برابر با ۱۰۹ و ۱۰۰ راس بود. نسبت fe/fa برابر با ۱/۰۹ محاسبه شد که بیانگر اثر کم تنگناهای ژنتیکی بود. ۵۰ درصد از کل تنوع ژنتیکی توسط ۳۸ راس از اجداد تأثیرگذار به‌وجود آمده است که بیانگر مشارکت متعادل اجداد در ایجاد تنوع ژنتیکی افراد نسل بعد بود.

نتیجه‌گیری: نتایج به‌دست 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 هموزیگوسیتی 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، ضریب همخونی، گوسفند سنجابی

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 جثه‌ای 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 تاسیس شد.

اصلاح نژاد شامل دو مقوله انتخاب افراد برتر به‌عنوان نسل بعد و تعیین نحوه آمیزش 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 آمیزش اجتناب‌ناپذیر بین افراد انتخاب شده خویشاوند با هم در یک جمعیت بسته و کوچک (حتی با اعمال آمیزش تصادفی) منجر به تجمع همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود. در این حالت میزان هتروزایگوسیتی و تنوع آللی در جمعیت‌های کوچک و بسته به سرعت کاهش می‌یابد. کاهش تنوع ژنتیکی در اثر همخونی و رانش ژنتیکی و پیامد آن افزایش هموزایگوسیتی در جمعیت‌های کوچک منجر به کاهش عملکرد صفات تولیدی، تولیدمثلی و سازگاری خواهد شد (Vatankhah et al., 2018). تنوع ژنتیکی را می‌توان به‌صورت توانایی پاسخ به تغییرات محیطی تعریف کرد. بررسی تنوع ژنتیکی نژادها یکی از مباحث مهم اصلاح نژاد دام بوده و تلاش‌های زیادی برای ارائه برنامه‌های مناسب به‌منظور حفظ تنوع ژنتیکی در سطح مطلوب انجام می‌شود (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 خویش آمیزی سبب کاهش اندازه مؤثر جمعیت، افزایش همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت خواهد شد (Paiva et al., 2011). نتایج تحقیقات مختلف در زمینه تأثیر همخونی

بر صفات اقتصادی دام‌ها نشان داده است که در بیشتر موارد تاثیر منفی بر صفات اقتصادی دام‌ها داشته است که مقدار آن با توجه به نژاد و صفات مورد نظر متفاوت خواهد بود (Sheikhlou et al., 2011). از طرفی برخی از پارامترهای جامعه مانند اندازه مؤثر جامعه، فاصله نسل و میزان همخونی که وابسته به مدیریت و نظام پرورشی می‌باشند دارای نقشی کلیدی بر تنوع ژنتیکی جامعه هستند. در جوامع حیوانات اهلی، معمولاً 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 نامطلوب مختلفی مانند افت همخونی 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 به‌صورت 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 همخونی این جمعیت روند افزایشی داشته و در مجمع سطح همخونی این گله متوسط و روبه بالا داشته است (Sheikhlou 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 کنونی آن ایستگاه متعادل نبوده و به‌همین 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 خویشاوندان با هم جفتگیری زیادی داشته‌اند که موجب افزایش همخونی در آن جمعیت شده است. ایشان بیان داشتند که به‌علت همخونی 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 است (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 هدف بررسی تنوع ژنتیکی گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان از طریق برآورد اندازه مؤثر جمعیت، ضریب همخونی 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 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 می شوند 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 خویشاوندی است. آمیزش‌ها به‌صورت کنترل شده انجام می‌شود یعنی تمام میش‌ها به‌صورت 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 تجمیع و در کنار هم قرار دادن اطلاعات شجره‌ای، حذف افراد تکراری، تخصیص شماره منحصر به‌فرد به افراد و مرتب کردن اعداد از کوچک به بزرگ بود. در بررسی اولیه داده‌ها معلوم شد که سیستم رکوردگیری و تخصیص شماره گوش به بره‌های تازه متولد شده بر اساس الگوی خاصی نبوده است و داده‌ها به‌صورت ناقص جمع‌آوری شده است. شجره در بیشتر موارد به اطلاعات چند نسل محدود می‌شد. با این وجود به‌کمک 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 به‌صورت درصدی از کل حیوانات شجره بیان شد. برای محاسبه حداکثر 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 به‌صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بره، برای افرادی که تولیدمثل 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 به‌صورت میانگین این چهار مسیر تعیین شد (Paiva et al., 2011). از آنجا که یکی از اهداف اصلی تحلیل شجره، ردیابی مسیر شجره به‌سمت 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 کنونی لازم و ضروری بود. حیوانات بنیان‌گذار جمعیت با بازگشت 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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

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

ضریب همخونی به‌صورت 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 (ΔF) برای هر نسل با استفاده از رابطه ۱ محاسبه شد (Gutiérrez et al., 2009).

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{1 - F_i} \qquad (۱)$$

در این رابطه Fi ضریب همخونی فردی و t معادل نسل کامل آن فرد است. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش گوتیرز و همکاران (۲۰۰۹) برآورد شد (Gutiérrez et al., 2009). در این روش برای هر حیوان جمعیت موردمطالعه افزایش همخونی فردی و سپس اندازه مؤثر جمعیت از طریق رابطه‌های ۲ و ۳ محاسبه شد.

$$N_e = 1/2\Delta F_i \qquad (۲)$$

$$\Delta F_i = 1\text{-}t\text{-}1\sqrt{1\text{-}F_i} \qquad (۳)$$

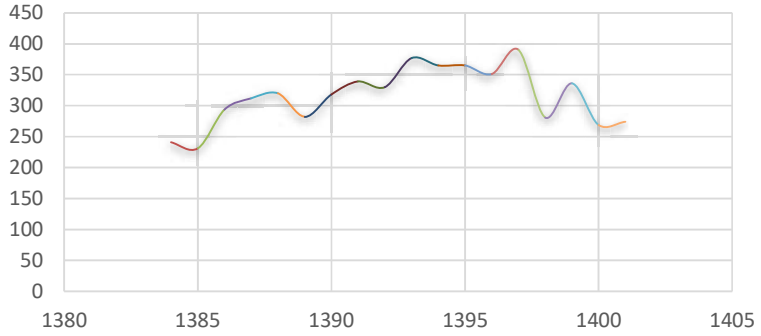
در این رابطه t تعداد نسل‌های معادل کامل برای آن حیوان و F_i میزان همخونی حیوان می‌باشد.

تعداد مؤثر اجداد نشان دهنده حداقل تعداد اجدادی است که تنوع ژنتیکی جمعیت کنونی را تشریح می‌کنند. به‌عبارت دیگر نشان دهنده افرادی است که سهم زیادی در ایجاد جمعیت کنونی دارند. اجداد اصلی تعیین کننده تنوع ژنتیکی جمعیت با استفاده از شناسایی و میزان مشارکت موردانتظار 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 (۱۹۹۷) برآورد شد (Boichard et al., 1997). همچنین تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از طریق معکوس 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 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 هم کاهش نشان داده و به‌دنبال آن میزان همخونی نیز افزایش یافته است.



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

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 به‌ترتیب ۲۰۶۷، ۸۶۰ و ۱۲۰۷ راس بودند. تعداد گوسفندان دارای پدر و مادر معلوم ۱۱۱۳ راس بودند که حدود ۵۴ 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 گوسفندان مورد مطالعه میرزایی ایلالی و همکاران (۲۰۱۷)، یگانه پور و همکارن (۲۰۱۵) و شیخلو و همکاران (۲۰۱۱) به‌ترتیب برابر با ۷۰۲۸، ۶۴۴۰ و ۲۱۷۲۱ راس بود (Mirzaee 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).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

جدول ۱- آمار توصیفی داده‌ها و اطلاعات شجره‌ای گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان
Table 1. Descritive data statistics and genealogical information of Sanjabi sheep at Mehrgan station

Title عنوان	Number (Head) تعداد (راس)
The total number of animals in the pedigree تعداد کل دام‌های در شجره	2067
The number of animals with both parents is unknown تعداد دام‌های دارای هر دو والد نامشخص	454
The number of animals with known father and mother تعداد دام‌های دارای پدر مشخص و مادر نامشخص	11
The number of animals with unknown father and known mother تعداد دام‌های دارای پدر نامشخص و مادر مشخص	489
The number of animals with unknown both parents تعداد دام‌های دارای هر دو والد مشخص	1113
Number of Sires تعداد پدران	71
Number of Dam تعداد مادران	473
Animals that have offspring تعداد دام‌های دارای فرزند	544
Animals without offspring تعداد دام‌های بدون فرزند	1523

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 بلوچی 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 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 جفتگیری 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).

جدول ۲- سطح تکامل شجره در جمعیت کل و جمعیت مرجع گوسفندان سنجابی
Table 2. The level of pedigree completeness in total and reference population of Sanjabi sheep

Generation نسل	Total population کل جمعیت	Reference population جمعیت مرجع
1	0.66	1
2	0.14	0.63
3	0.02	0.12
4	0.01	0.01

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 به‌ترتیب ۲/۹۸، ۲/۸۴، ۲/۶۰ و ۲/۹۴ 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 جفتگیری و میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج آنها در گله بستگی دارد. بنابراین سن اولین استفاده از قوچها و میش‌ها برای جفتگیری و همچنین سن حذف آنها و جایگزینی با دام‌های جوان‌تر از 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 جفتگیری و بهترین سن جایگزینی نیز از عوامل دیگری هستند که بر روی فاصله نسلی تاثیرگذار هستند (Justinski et al., 2023; Vatankhah et al., 2019).

همخونی

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 درصد محاسبه شد. ضریب همخونی میزان احتمال منشاء مشترک داشتن دو جفت 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 & Sheikhloo, 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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

زیادی دارد. این ضرایب در معکوس ماتریس روابط خویشاوندی وارد شده و به‌طور 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 (۰/۳۴ درصد) بین خواهر و برادر و ۳ جفتگیری (۰/۱۵ درصد) بین والدین و فرزندان بود. حداکثر ضریب همخونی بیانگر تلاقی بین افراد با خویشاوندی بسیار نزدیک می‌باشد. این تلاقی منجر به تولید افراد بسیار همخون شده و باید به‌طور ویژه‌ای از آن جلوگیری کرد. بررسی همخونی در طی نسل‌های مختلف با استفاد 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) به‌نظر می‌رسد میزان همخونی واقعی این گله بیشتر از همخونی برآورد 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, 2018). میزان افزایش همخونی در سال در حالت حداکثر نسل و نسل کامل و معادل کامل به‌ترتیب ۰/۱۹، ۰/۲۷ و ۰/۲۸ درصد محاسبه شد (جدول ۳). از نظر مدیریت ژنتیکی جمعیت، بررسی روند افزایش همخونی بسیار مهمتر از میزان همخونی موجود در گله خواهد بود (Sheikhlou et al., 2011). روند افزایش همخونی برآورد شده در تحقیق حاضر کمتر از مقادیر بحرانی اعلام شده توسط سازمان فائو (حداکثر ۱ درصد در سال) می‌باشد. در مقایسه با تحقیقاتی که بر روی نژادهای دیگر انجام گرفته، روند افزایش همخونی برآورد شده در این تحقیق بیشتر از مقادیر برآورد شده برای گوسفندان بومی مکزیک بود (Domínguez-Viveros et al., 2020). در مقایسه با نژادهای داخلی، روند افزایش همخونی به‌دست آمده در این تحقیق از میزان افزایش همخونی گزارش شده توسط شیخلو و همکاران (۲۰۱۱) برای گوسفند بلوچی (۰/۱۵) و همچنین میرزایی ایلایی و همکاران (۲۰۱۷) برای گوسفند سنگسری (۰/۰۲۸) بیشتر بود (Mirzaee Ilaly et al., 2017; Sheikhlou et al., 2011). روند افزایشی و نامطلوب میزان همخونی در سال‌های اخیر بر لزوم توجه به رعایت عدم خویشاوندی برای جفتگیری‌های آینده تاکید می‌کند.

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

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

نتیجه‌گیری کلی

در مطالعه حاضر، اگرچه نسبت افراد با درصد بالای همخونی نسبتاً کم بود، اما میزان همخونی به‌دست آمده برای بره‌های متولد شده از سال ۱۳۸۷ تا ۱۴۰۲ (۰/۴۸ 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 دهند. از طرف دیگر با توجه به سطوح بالای ضریب خویشاوندی (۰/۴۳ درصد)، به‌نظر می‌رسد که برای جلوگیری از افزایش بیشتر این ضریب، جفتگیری‌ها با دقت بیشتری برنامه‌ریزی شود، در غیر این صورت تلاقی بین افراد خویشاوند ممکن است به سطح بالایی برسد و این امر منجر به اثرات نامطلوب در جمعیت می‌شود.

References

Ahmadi, M., Roushanfekr, H., Khoshoee, E., & Mohamadi, Y. (2004). The study of genetic and phenotypic parameters the some of growth traits Kermanshah Sanjabi sheep (In Persian).

Bahreini Behzadi, M., & Keshavarzpour, 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).

Baneh, 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.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]

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., Abdullahpour, 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 Markhoz goat by pedigree analysis. *Animal Production Research,* 7(4) (In Persian).

Shakeri, R., Javanmard, A., Hasanpur, K., Abbasi, M., Khansefid, M., & Rahimi Varposhti, 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., & Sheikhloo, 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).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.42.12.9]
[DOI: 10.61186/rap.14.42.114]