

## بررسی ساختار ژنتیکی گوسفندان کرمانی ایستگاه اصلاح نژاد شهر بابک به روش تحلیل شجره

محمدرضا بحرینی بهزادی<sup>۱\*</sup> و محمد کشاورزپور<sup>۲</sup>

۱- دانشیار دانشگاه یاسوج، ۲- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه یاسوج

\*نویسنده مسؤول: bahreini@yu.ac.ir

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۹/۲۹

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۰/۲۰

### چکیده

بررسی ساختار جمعیت با استفاده از تحلیل شجره برای تشخیص دلایل اصلی مؤثر بر تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها مفید است. در این پژوهش تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت با استفاده از اطلاعات شجره گوسفندان کرمانی ایستگاه اصلاح نژاد شهر بابک بررسی شد. متوسط فاصله نسل، متوسط هم‌خونی، متوسط هم‌تباری، متوسط رابطه خویشاوندی، اندازه مؤثر جمعیت و پارامترهای حاصل از تحلیل احتمال منشأ ژن برآورد شدند. میانگین فاصله نسل در این جمعیت ۴/۵ سال و اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش افزایش هم‌خونی فردی ۲۸۴ رأس بدست آمد. متوسط هم‌تباری، متوسط رابطه خویشاوندی و متوسط هم‌خونی در جمعیت مورد مطالعه به ترتیب ۰/۳۵، ۰/۶۹ و ۰/۰۹ درصد برآورد شد. تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر اجداد، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار به ترتیب ۴۰۶، ۲۰۹، ۷۳، ۱۴۴، ۴۵۴ رأس برآورد شد. تقریباً ۵۰ درصد از تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از ۲۶ رأس از اجداد منشأ گرفته بود. نتایج این مطالعه نشان داد که میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت کنونی به علت اجرای برنامه انتخاب نامتعادل شده و سبب کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت موجود در مقایسه با حیوانات بنیان‌گذار شده است.

کلمات کلیدی: احتمال منشأ ژن، ساختار شجره، گوسفند کرمانی

## مقدمه

اصلاح ژنتیکی نژادهای بومی باید در شرایط زیست محیطی آن نژادها انجام شود. به همین منظور در مراکز و ایستگاه‌های پرورش و اصلاح نژاد، اقدام به شناسایی ظرفیت تولیدی و اصلاح ذخایر ژنتیکی دام‌های بومی می‌شود. گوسفند کرمانی یکی از نژادهای پشیمی کشور است. این نژاد در شرایط اقلیمی متغیر با تابستان‌های گرم و خشک و زمستان‌های سرد و خشک که در اغلب سال‌ها میزان بارندگی کم می‌باشد، سازگاری یافته است. گوسفند کرمانی با فراوانی حدود ۲ میلیون رأس در استان کرمان و در حواشی کویر که از لحاظ مراتع فقیر و از نظر زراعت دارای محدودیت می‌باشد با حداقل توقع غذایی توسط دامداران بومی و عشایر منطقه مورد بهره‌برداری قرار می‌گیرد. ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کرمانی واقع در شهرستان شهر بابک با توزیع دام‌های برتر خصوصاً قوچ‌های برتر به گله‌های مردمی در راستای افزایش بازده تولیدی این نژاد عمل می‌کند.

تنوع ژنتیکی به صورت توانایی ژنتیکی برای تغییر و بنابراین ظرفیت پاسخ به تغییرات محیطی تعریف می‌شود. همچنین تنوع ژنتیکی پایه و اساس هرگونه پیشرفت ژنتیکی در جوامع تحت انتخاب است (روچمبو و همکاران، ۲۰۰۰). حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت به منظور اطمینان از پاسخ به انتخاب و افزایش پیشرفت ژنتیکی از اهمیت زیادی برخوردار است (بارکر، ۲۰۰۱). در جوامع حیوانات اهلی به دلیل انجام برنامه‌های اصلاح نژادی بویژه به علت افزایش میزان همخونی و از بین رفتن آلل‌های حیوانات بنیان‌گذار از طریق انتخاب ژنتیکی و رانش تصادفی ژنی، کاهش تنوع ژنتیکی رخ می‌دهد (وزی و همکاران، ۲۰۰۷). لذا ارزیابی ساختار جامعه و تنوع ژنتیکی درون جامعه در طی انجام برنامه انتخاب ضروری به نظر می‌رسد که با استفاده از بررسی شجره جامعه مورد نظر و تحلیل آن قابل انجام است. لازم به ذکر است که ذخایر ژنتیکی بومی در سراسر دنیا در طی ۵۰ سال گذشته در مرحله‌ای بحرانی قرار گرفته است (بارکر، ۲۰۰۱). از مهمترین دلایل آن می‌توان تغییرات گسترده در سیستم‌های تولیدی، تغییر تقاضای بازار و تلاقی دام‌های بومی با نژادهای خارجی را نام برد. 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. لذا به منظور عملی شدن برنامه‌های اصلاح نژادی آگاهی از عوامل مختلفی مانند همخونی که به طور بالقوه با

انتخاب و روش‌های بهبود ژنتیکی در جامعه ایجاد می‌شود، ضروری به نظر می‌رسد. در جوامع حیوانات اهلی، معمولاً تنوع ژنتیکی با برآورد میزان اندازه مؤثر جمعیت ارزیابی می‌شود (رایت، ۱۹۳۱). 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 (فالكونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). اندازه مؤثر جمعیت معیاری برای تعیین مشابهت آلل‌های یک جایگاه ژنی در نتیجه وجود جد مشترک بوده و مشخص‌کننده سطح هم‌خونی و میزان واریانس ژنتیکی کاهش یافته به دلیل رانش تصادفی ژن است. انجام انتخاب در جمعیت باعث می‌شود که اندازه مؤثر جمعیت غالباً از تعداد واقعی مولدها کمتر باشد. این حالت به دلیل این است که بسیاری از افراد سهمی اندک و یا در برخی موارد هیچ سهمی در خزانه ژنی نسل‌های آینده ندارند (نوربرگ و سورنسون، ۲۰۰۷). ضریب هم‌خونی تابعی از اندازه مؤثر جامعه می‌باشد، لذا اندازه مؤثر کوچک‌تر در نسل‌های اولیه منجر به افزایش تعداد اجداد مشترک و در نتیجه افزایش هم‌خونی می‌شود. مطالعات موویسن و ووليامز (۱۹۹۴) وجود ارتباطی اساسی را به ترتیب بین اندازه مؤثر جمعیت و افت هم‌خونی و واریانس‌های ژنتیکی صفات مرتبط با شایستگی تأیید کرد. آنها چنین نتیجه گرفتند که سطح بحرانی اندازه مؤثر جمعیت بین ۵۰ و ۱۰۰ دام می‌باشد. منظور از سطح بحرانی اندازه‌ای از جمعیت است که کمتر از آن باعث کاهش تدریجی شایستگی جمعیت می‌شود. معمولاً برنامه‌های انتخاب که جهت بهبود ژنتیکی صفات طراحی می‌شود با افزایش هم‌خونی و کاهش تنوع ژنتیکی در دام‌ها همراه هستند. از این رو به منظور جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی، مدیریت مطلوب جمعیت‌های دامی ضروری به نظر می‌رسد. علاوه بر ضریب هم‌خونی و اندازه مؤثر جمعیت، پارامترهای حاصل از احتمال منشأ ژن می‌توانند اطلاعات ارزشمندی برای مطالعه یک جامعه که چندین سال تحت انتخاب بوده است را در اختیار ما قرار دهد (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷). بررسی تنوع ژنتیکی داخل جمعیت براساس پارامترهای حاصل از احتمال منشأ ژن مانند تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر اجداد و تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار اثبات شده است. استفاده از پارامترهای حاصل از احتمال منشأ ژن، تنوع ژنتیکی جوامع را برای دوره‌های زمانی کوتاه و تعداد نسل کم با دقت خوبی توصیف می‌کنند ولی ضریب هم‌خونی و اندازه مؤثر جمعیت برای بررسی تنوع ژنتیکی در دوره‌های زمانی طولانی‌تر مناسب

افزایش همخونی فردی و سپس اندازه مؤثر جمعیت به صورت فرمول‌های زیر محاسبه می‌شود که در آن  $t$  تعداد نسل‌های معادل کامل برای آن حیوان و  $F_i$  میزان همخونی حیوان می‌باشد.

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[4]{1 - F_i} \quad N_e = 1 / 2\Delta F_i \quad (2)$$

برای بررسی سطح کامل بودن شجره، حیواناتی که هم پدر و هم مادر معلوم داشتند شمارش و به صورت درصدی از کل حیوانات شجره بیان شد. همچنین میانگین حداکثر تعداد نسل‌های قابل برگشت، نسل‌های کامل قابل برگشت و نسل‌های معادل کامل نیز تعیین گردید. برای محاسبه حداکثر تعداد نسل‌های قابل برگشت، شجره هر حیوان تا جایی که امکان دارد به عقب باز می‌گردد و تعداد نسل‌های بین قدیمی‌ترین جد موجود در شجره برای حیوان مورد نظر و خودش محاسبه می‌شود. این روش در واقع میزان اتصال حیوان نسل حاضر را به نسل‌های قبلی حتی از یک مسیر والدینی نشان می‌دهد و اطلاعاتی در مورد کامل بودن شجره از هر دو مسیر پدری و مادری را مشخص نمی‌کند (گوتیرز و همکاران، ۲۰۰۵). تعداد نسل‌های کامل قابل برگشت ( $g$ ) به صورت تعداد نسل جداکننده فرزندان مربوط به دورترین نسل قابل محاسبه است. در این صورت برای هر حیوان،  $2^g$  جد وجود خواهد داشت که در آن  $g$  تعداد نسل‌هایی است که حیوان را از اجدادش جدا می‌کند. اجدادی که برای آن‌ها پدر و مادر وجود ندارد به عنوان حیوانات بنیان‌گذار و یا نسل صفر در نظر گرفته می‌شوند (گوتیرز و همکاران، ۲۰۰۵).

حیوانات بنیان‌گذار جمعیت با بازگشت مسیر شجره به عقب شناسایی شدند. میزان مشارکت مورد انتظار هر یک از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع ( $p_i$ ) محاسبه و سپس برای بررسی تعادل مشارکت ژنتیکی حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت کنونی، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با استفاده از رابطه زیر برآورد شد (لیسی، ۱۹۸۹).

$$f_e = 1 / \sum p_i^2 \quad (3)$$

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 استفاده از روش بویچارد و همکاران (۱۹۹۷) شناسایی و میزان مشارکت تصحیح شده مورد انتظار هر یک از آنها ( $p_k$ ) در ایجاد مخزن ژنتیکی جمعیت مرجع برآورد شد.

هستند (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷؛ هوندا و همکاران، ۲۰۰۴). در بررسی و ارزیابی تنوع ژنتیکی نژادهای مختلف معمولاً از تحلیل شجره استفاده می‌شود (لیسی، ۱۹۸۹). بنابراین هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت گوسفند کرمانی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شهرستان شهربابک با استفاده از اطلاعات شجره است.

## مواد و روش‌ها

در این پژوهش از اطلاعات شجره مربوط به ۲۹۰۹ رأس گوسفند نژاد کرمانی شامل ۸۶۱ رأس بره نر و ۲۰۴۸ رأس بره ماده که طی سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۳ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شهرستان شهربابک واقع در استان کرمان نگهداری و ثبت شجره شده بودند برای تجزیه و تحلیل شجره استفاده شد. اطلاعات مورد استفاده شامل شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر، جنس و تاریخ تولد بره بود. پس از آماده‌سازی فایل شجره توسط نرم افزار Excel و بر طرف نمودن خطاهای احتمالی، از نرم افزار CFC (سرگزایی و همکاران، ۲۰۰۶) برای محاسبه ضرایب همخونی و از نرم افزار ENDOG V4.8 (گوتیرز و گویاک، ۲۰۰۵) برای انجام سایر تحلیل‌های شجره استفاده شد. فاصله نسل به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بره، برای افرادی که تولیدمثل کردند و برای کل افراد محاسبه شد (پایوا و همکاران، ۲۰۱۱). اگر بین نسل‌ها تداخل وجود داشته باشد، فاصله نسل از طریق میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج برگزیده آنها محاسبه می‌شود (فالكونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). این پارامتر در چهار مسیر پدر-پسر ( $L_{mm}$ )، پدر-دختر ( $L_{mf}$ )، مادر-پسر ( $L_{fm}$ ) و مادر-دختر ( $L_{ff}$ ) محاسبه و میانگین فاصله نسل کل به صورت میانگین این چهار مسیر تعیین شد.

$$L = \frac{L_{mm} + L_{mf} + L_{fm} + L_{ff}}{4} \quad (1)$$

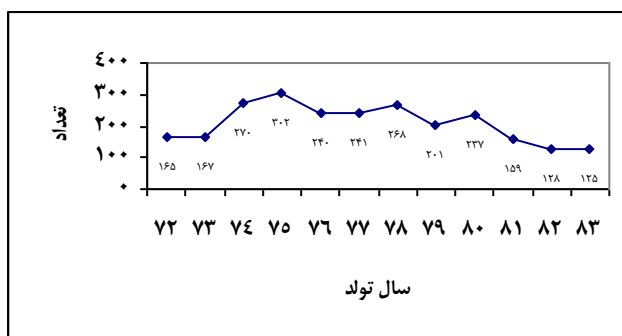
ضریب هم‌تباری ( $f$ )، احتمال مشابه بودن یک ژن تصادفی از یک فرد و ژنی تصادفی از فرد دیگر در جایگاه ژنی معین را مشخص می‌کند و با استفاده از روش مالکوت (۱۹۴۸) محاسبه شد. ضریب همخونی ( $F$ )، به صورت احتمال مشابه نسبی بودن دو ژن در یک جایگاه ژنی معین تعریف می‌شود. به این معنی که این ژن‌ها نسخه‌هایی از یک ژن و دارای منشأ مشترک می‌باشند. ضریب همخونی حیوانات موجود در شجره با استفاده از روش موویسن و لوو (۱۹۹۲) محاسبه شد. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش گوتیرز و همکاران (۲۰۰۹) برآورد شد. در این روش برای هر حیوان جمعیت مورد مطالعه

یا دو والد ناشناخته، ۱۲۸۹ حیوان و تعداد افراد جمعیت پایه تنها با یک والد ناشناخته ۸۴۷ حیوان بود.

جدول ۱- خصوصیات جمعیت مورد مطالعه

| تعداد حیوانات | تعداد افراد همخون | تعداد افراد دارای والدین | تعداد افراد دارای والدین | تعداد افراد بدون نتاج |
|---------------|-------------------|--------------------------|--------------------------|-----------------------|
| ۸۶۱           | ۱۹                | ۶۲۸                      | ۷۰                       | ۷۹۱                   |
| ۲۰۴۸          | ۲۸                | ۹۹۲                      | ۹۷۲                      | ۱۰۷۶                  |
| ۲۹۰۹          | ۴۷                | ۱۶۲۰                     | ۱۰۴۲                     | ۱۸۶۷                  |

یکی از روش‌های بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم می‌باشد. در پژوهش حاضر ۵۶ درصد حیوانات دارای هم پدر و هم مادر معلوم بودند که از گزارش طهمورث‌پور و شیخو (۲۰۱۱) در گوسفندان بلوچی ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد و نادری‌چوپلو و همکاران (۱۳۹۱) در بز مرخز ایستگاه سنجند کمتر است. درصد حیوانات دارای والدین معلوم در گوسفندان بلوچی و بز مرخز به ترتیب ۸۸ و ۶۵ درصد گزارش شده است و نشان می‌دهد که شجره مورد استفاده در این دو پژوهش کامل‌تر از شجره گوسفندان کرمانی مورد مطالعه است. تغییرات جمعیت گوسفند کرمانی در طی سال‌های مختلف در شکل ۱ نشان داده شده است.



شکل ۱- تغییرات جمعیت گوسفند کرمانی در طی سال‌های مختلف

این شکل نشان می‌دهد که تعداد حیوانات از سال ۱۳۷۲ تا سال ۱۳۷۵ دارای روندی صعودی بوده و بیشترین تعداد حیوانات در سال ۱۳۷۵ با ۳۰۲ رأس حیوان است. پس از آن تغییرات جمعیت دارای روند افزایشی و کاهشی مختلف بود. تعداد حیوانات در سال ۱۳۸۳ با کاهش ۵۸ درصدی نسبت به سال ۱۳۷۵ مواجه شده و به کمترین مقدار، یعنی ۱۲۵ رأس رسیده است. به‌طور کلی تغییرات جمعیت گوسفند کرمانی در طی سال‌های ۱۳۷۵ تا سال ۱۳۸۳ دارای روندی تقریباً کاهشی است. این روند تغییرات جمعیت گوسفند کرمانی

سپس تعداد مؤثر اجداد با استفاده از رابطه زیر برآورد شد (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷):

$$f_a = \frac{1}{\sum p_k^2} \quad (۴)$$

در واقع  $p_k$  سهم یا میزان مشارکت حاشیه‌ای هر جد بوده و به معنی میزان سهم هر جد است که قبلاً توسط جد منتخب دیگری تشریح نشده است. مجموع سهم حاشیه‌ای همه اجداد عدد یک می‌شود. برای به‌دست آوردن تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از روش ارائه شده توسط کابالرو و تورو (۲۰۰۰) استفاده شد. طبق این روش، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار ( $N_g$ ) برابر است با معکوس دو برابر متوسط هم‌تباری افراد در جمعیت مرجع ( $f_g$ ) که طبق فرمول زیر برآورد شد:

$$N_g = \frac{1}{2f_g} \quad (۵)$$

تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار نشان دهنده این است که اگر همه حیوانات بنیان‌گذار مشارکت یکسانی در تنوع ژنتیکی جامعه کنونی داشته باشند، چه تعدادی از آنها برای ایجاد تنوع ژنتیکی موجود در جامعه، مورد نیاز است. تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار ( $f_{ne}$ ) که فقط اثر رانش ژنی بعد از نسل مبنا یا اثر رانش ژنی در نسل‌های غیر بنیان‌گذار را محاسبه می‌کند، طبق فرمول زیر برآورد شد (کابالرو و تورو، ۲۰۰۰):

$$f_{ne} = \frac{1}{\frac{1}{N_g} - \frac{1}{f_e}} \quad (۶)$$

با استفاده از تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار می‌توان مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت را مشخص کرد.

## نتایج و بحث

خصوصیات و ساختار داده‌های مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. می‌توان مشاهده نمود که تعداد کل حیوانات مورد بررسی ۲۹۰۹ دام و تعداد حیوانات دارای والدین معلوم ۱۶۲۰ حیوان می‌باشد که ۵۶ درصد افراد جمعیت را شامل می‌شود. گوسفندان نر و ماده که به عنوان والد نقش داشته‌اند به ترتیب دارای ۱۶۲۰ و ۲۵۰۳ نتاج بودند. از تعداد کل گوسفندان نر و ماده مورد بررسی ۳۵/۸ درصد آنها دارای نتاج و ۶۴/۲ درصد بدون نتاج بودند. تعداد افراد جمعیت پایه با یک

مشابه تغییرات جمعیت در گوسفند بلوچی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد است (طهمورث‌پور و شیخلو، ۲۰۱۱). میانگین تعداد نسل، میزان همخونی به ازاء هر نسل و اندازه مؤثر جمعیت در گوسفند کرمانی در سه حالت مختلف حداکثر نسل، نسل کامل و معادل نسل کامل در جدول ۲ ارائه شده است. حداکثر نسل و نسل کامل به ترتیب به معنی حداکثر تعداد نسل و تعداد نسل کاملی است که ردیابی شده است. این جدول نشان می‌دهد که میزان همخونی به ازاء هر نسل در حداکثر نسل و معادل نسل ۰/۱۷ درصد و در نسل کامل ۰/۱۱ درصد بدست آمد. در دوره زمانی مطالعه شده تقریباً یک نسل وجود داشت و نرخ همخونی به ازای هر نسل نیز پایین و کمتر از یک درصد بود. همچنین بیشترین اندازه مؤثر جمعیت در حداکثر نسل با ۴۶۴/۴۵ رأس مشاهده شد که در نسل کامل و معادل نسل به ترتیب ۲۹۱/۱۰ و ۲۹۷/۲۶ رأس بدست آمد.

جدول ۲- میانگین تعداد نسل، میزان همخونی به ازاء هر نسل و اندازه مؤثر جمعیت

| میانگین تعداد نسل                  | حداکثر نسل | نسل کامل | معادل نسل |
|------------------------------------|------------|----------|-----------|
| ۱/۷۴                               | ۰/۶۸       | ۱/۱۹     |           |
| میزان همخونی به ازای هر نسل (درصد) | ۰/۱۷       | ۰/۱۱     | ۰/۱۷      |
| اندازه مؤثر جمعیت                  | ۴۶۴/۴۵     | ۲۹۱/۱۰   | ۲۹۷/۲۶    |

اندازه مؤثر جمعیت ( $N_e$ ) به عنوان یک پارامتر کلیدی، علاوه بر نشان دادن میزان رانش تصادفی ژنی، نشان دهنده میزان بقاء یک جمعیت نیز می‌باشد و این موضوع در برنامه‌های حفاظت از گونه‌ها و نژادهای در معرض انقراض مورد توجه قرار می‌گیرد. در این پژوهش اندازه مؤثر جمعیت نژاد کرمانی با استفاده از روش افزایش همخونی فردی ۲۸۴ رأس برآورد شد. این پارامتر در نژادهای گوسفند بلوچی، افشاری، زندی و ماکویی و بز مرخز به ترتیب ۱۳۴، ۵۰، ۷۱، ۲۱۶، ۲۰۶ رأس گزارش شده است (طهمورث‌پور و شیخلو، ۲۰۱۱؛ غفوری کسبی، ۲۰۱۲؛ غفوری کسبی، ۲۰۱۰؛ شیخلو و همکاران، ۱۳۹۲؛ نادری‌چوپلو و همکاران، ۱۳۹۱). اندازه مؤثر جمعیت در همه این نژادها نسبت به نژاد کرمانی کمتر بود. با کاهش جمعیت، میزان رابطه خویشاوندی بین افراد و آمیزش خویشاوندی افزایش می‌یابد که این امر سبب کاهش اندازه مؤثر جمعیت، افزایش همخونی و در نتیجه باعث کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت می‌شود. به منظور انتخاب مؤثر و

جلوگیری از کاهش شایستگی (مانند باروری و زنده‌مانی) حیوانات در نسل آینده، سازمان خواربار جهانی (۱۹۹۸) حداقل اندازه مؤثر جمعیت برابر با ۱۰۰ و حد بحرانی ۵۰ را توصیه کرده است. به نظر می‌رسد که در مقایسه اندازه مؤثر جمعیت‌های مختلف باید ساختار جمعیت را نیز در نظر گرفت. اگر اندازه مؤثر جمعیت از حد بحرانی کمتر باشد این نژادها جزو جمعیت‌های در معرض انقراض محسوب می‌شوند (فائو ۱۹۹۸). ارائه راهکار مناسب برای حفظ ذخایر ژنتیکی این نژادهای در معرض انقراض نیز از مباحث مهم در علم اصلاح نژاد می‌باشد.

پارامترهای به‌دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن در جدول ۳ نشان داده شده است. در این مطالعه تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۴۰۶ و ۲۰۹ رأس برآورد شد که این مقادیر از برآوردهای طهمورث‌پور و شیخلو (۲۰۱۱) بیشتر است. این محققین این دو پارامتر را در گوسفندان نژاد بلوچی به ترتیب ۳۴۷ و ۸۰ رأس گزارش کردند. شیخلو و همکاران، (۱۳۹۲) نیز این دو پارامتر را در گوسفندان نژاد ماکویی به ترتیب ۲۲۸ و ۴۶ رأس گزارش کردند. ممکن است فراوانی برخی از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد نتاج نسل بعد بیشتر از دیگر حیوانات بنیان‌گذار باشد. این حالت موجب می‌شود تا این حیوانات سهم بیشتری نسبت به سایرین بر مخزن ژنی جمعیت داشته باشند. در صورتی که حیوانات بنیان‌گذار مشارکت یکسان داشته باشند تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار برابر خواهد شد. تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار در طول نسل‌ها تا زمانی که شرایط به طور جدی تغییر نکند ثابت است. از پارامتر تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار برای تفسیر تغییرات اخیر جمعیت‌ها استفاده می‌شود (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷).

جدول ۳ - پارامترهای به‌دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن

| مقدار | مورد                                               |
|-------|----------------------------------------------------|
| ۴۰۶   | تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار ( $f$ )                |
| ۲۰۹   | تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار ( $f_e$ )            |
| ۱۴۴   | تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار ( $N_g$ )       |
| ۴۵۴   | تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار ( $f_{ne}$ ) |
| ۷۳    | تعداد مؤثر اجداد ( $f_a$ )                         |
| ۰/۵۱  | نسبت $f_e/f$                                       |
| ۰/۳۶  | نسبت $N_g/f$                                       |

نامتعادل اجداد می‌باشد. به این معنی است که فقط ۷۳ رأس از اجداد در ایجاد جمعیت نسل آینده نقش داشته‌اند. طبق نظر گوتیرز و همکاران (۲۰۰۳)، تفاوت بین تعداد مؤثر اجداد می‌تواند وجود تنگه ژنتیکی در شجره را نشان دهد و همیشه مساوی یا کوچکتر از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار است. تعداد اجدادی که ۵۰ درصد تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از آنها منشأ گرفته است ۲۶ رأس بود که این پارامتر به نتیجه حاصل از پژوهش غفوری کسبی (۲۰۱۰) در نژاد زندی نزدیک است که ۲۸ رأس گزارش شده بود.

نسبت تعداد حیوانات بنیان‌گذار به تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار بیانگر مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مورد مطالعه و استفاده بیشتر از برخی افراد نسبت به بقیه، در انجام تولید مثل می‌باشد. نسبت تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار ۰/۵۱ محاسبه شد. این نسبت در پژوهش‌های غفوری کسبی (۲۰۱۰) و (۲۰۱۲) در گوسفندان زندی و افشاری، طهمورث‌پور و شیخو (۲۰۱۱) در گوسفندان بلوچی و گویاک و همکاران (۲۰۰۳) در گوسفندان نژاد زالد به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۲۳ و ۰/۲۴ گزارش شده است. مقدار این نسبت در پژوهش حاضر از گزارش‌های این محققین بزرگتر است. هرچه این نسبت کوچکتر باشد نشان دهنده مشارکت نامتعادل‌تر حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مورد مطالعه و استفاده بیشتر از برخی افراد نسبت به بقیه در فرایند تولیدمثل است. متوسط فاصله نسل جمعیت گوسفندان کرمانی مورد مطالعه در جدول ۴ نشان داده شده است.

تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت گوسفند کرمانی مورد مطالعه ۱۴۴ رأس بود که بیشتر از گزارش غفوری کسبی (۲۰۱۰) در گوسفند نژاد زندی و شیخو و همکاران (۱۳۹۲) در گوسفند نژاد ماکویی است. این پارامتر در جمعیت گوسفند زندی و ماکویی به ترتیب ۴۱ و ۳۶ رأس گزارش شده است. کمتر بودن تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار می‌تواند نشان دهنده کاهش تنوع آلی در اثر رانش ژنتیکی تصادفی باشد. همچنین تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار کوچکتر نشان دهنده این است که سهم کمتری از ژن‌های حیوانات بنیان‌گذار در جامعه وجود دارد. مشخص است که هرچه اندازه مؤثر جمعیت کوچکتر باشد، کاهش تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در طی زمان بیشتر خواهد بود (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷).

پارامتر دیگر تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیربنیان‌گذار ( $f_{ne}$ ) می‌باشد که فقط اثر رانش ژنی بعد از نسل پایه را محاسبه می‌کند. با استفاده از این پارامتر می‌توان دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت را مشخص کرد. در صورتی که  $f_e > f_{ne}$  باشد رانش ژنی تجمع یافته بعد از نسل پایه و اگر  $f_e < f_{ne}$  باشد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت به‌شمار می‌رود (رجبی مرند و همکاران، ۱۳۹۱). در جمعیت مطالعه شده مقدار  $f_{ne}$  در کل دوره ۴۵۴ بود که بیشتر از  $f_e$  می‌باشد که نشان می‌دهد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت است.

تعداد مؤثر اجداد این جمعیت ۷۳ رأس برآورد شد که این شاخص در گوسفندان نژاد زندی ۷۴ رأس برآورد شده است (غفوری کسبی، ۲۰۱۰). از طرفی تعداد کل اجداد در این مطالعه ۵۹۰ رأس محاسبه شد که نشان دهنده مشارکت

جدول ۴- فاصله نسل جمعیت گوسفند کرمانی مورد مطالعه

| مسیر برآورد              | تعداد حیوان | فاصله نسل* | تعداد حیوان | فاصله نسل** |
|--------------------------|-------------|------------|-------------|-------------|
| پدر - پسر ( $l_{mm}$ )   | ۷           | ۳/۹۹       | ۱۸۳         | ۴/۱۶        |
| پدر - دختر ( $l_{mf}$ )  | ۵۲          | ۴/۲۸       | ۲۴۱         | ۴/۳۷        |
| مادر - پسر ( $l_{fm}$ )  | ۱۰          | ۴/۹۷       | ۲۷۶         | ۴/۴۳        |
| مادر - دختر ( $l_{ff}$ ) | ۱۹۲         | ۴/۵۶       | ۵۶۲         | ۴/۳۳        |
| کل                       | ۲۶۱         | ۴/۵۰       | ۱۲۶۲        | ۴/۳۳        |

\* افراد سهیم در تولیدمثل \*\* کل افراد

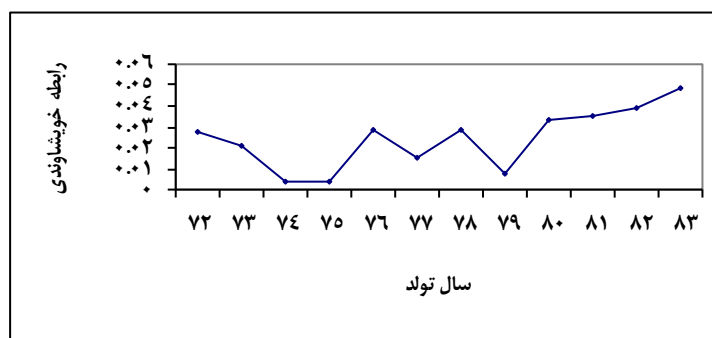


متوسط فاصله نسل این جمعیت گوسفند کرمانی ۴/۵ سال به دست آمد که از فاصله نسل گوسفندان بلوچی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس آباد مشهد و گوسفندان افشاری بیشتر است. طهمورث پور و شیخلو (۲۰۱۱) متوسط فاصله نسل را در گوسفندان بلوچی ۳/۳۳ سال و غفوری کسبی (۲۰۱۲) آن را در گوسفندان افشاری ۳/۵۵ سال گزارش کردند. فاصله نسل به روش انتخاب و جفتگیری در گله بستگی دارد. فاصله نسل کوتاهتر می تواند ناشی از جایگزینی زودتر افراد نر و ماده در گله باشد. لذا با بکارگیری مدیریت تولیدمثلی بهتر و استفاده از والدین جوانتر برای تولید مثل و ایجاد نسل آینده می توان فاصله نسل را در گله کوتاهتر کرد. کاهش میزان پیشرفت ژنتیکی صفات مورد نظر در واحد زمان پیامد اصلی طولانی تر بودن فاصله نسل است (فالکونر و مک کی، ۱۹۹۶). فاصله نسل در مسیرهای مختلف انتخاب شامل پدر - پسر، پدر - دختر، مادر - پسر و مادر - دختر به ترتیب ۳/۹۹، ۴/۲۸، ۴/۹۷ و ۴/۵۶ سال برآورد شد. مطالعه حاضر نشان داد که در این جمعیت گوسفند کرمانی فاصله نسل در مسیر مادر - نتاج طولانی تر از مسیر پدر - نتاج است که با نتیجه پژوهش طهمورث پور و شیخلو (۲۰۱۱)، پایوا و همکاران (۲۰۱۱) و غفوری کسبی (۲۰۱۲) مشابه است. کوتاه تر بودن فاصله نسل در مسیر پدر - نتاج می تواند به این دلیل باشد که پدرها زودتر از مادرها در گله جایگزین شده باشند. اگر همه افراد در محاسبه در نظر گرفته شوند میانگین سن والدین در زمان تولد فرزندان برگزیده در گوسفند کرمانی ۴/۳۳ برآورد شد که نزدیک به برآورد پایوا و همکاران (۲۰۱۱) است. این پژوهشگران میانگین سن والدین در زمان تولد فرزندان را با استفاده از اطلاعات کل افراد در نژاد گوسفند سومالی ۴ سال گزارش کردند.

ضریب همخوانی یک فرد را می توان به عنوان نسبتی از جایگاه های ژنی حیوان که به لحاظ داشتن جد مشترک مشابه هستند، تعریف کرد. همخوانی وقتی ایجاد می شود که دو حیوان خویشاوند با هم آمیزش کنند و دو فرد وقتی خویشاوند هستند که در شجره خود دارای جد مشترک باشند (فالکونر و مک کی، ۱۹۹۶). از دیدگاه مدیریت ژنتیکی، مطالعه روند افزایش همخوانی خیلی مهمتر از همخوانی موجود در نسل کنونی می باشد (فالکونر و مک کی، ۱۹۹۶). توزیع ضرایب همخوانی جمعیت مورد مطالعه نشان داد که از کل افراد موجود در شجره فقط ۱/۶ درصد افراد همخون بودند و این افراد در سال های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۳ قرار داشتند. همچنین ۷۲

درصد افراد همخون، ضریب همخوانی مساوی یا کمتر از ۰/۰۵ داشتند. وجود تقریباً ۹۸ درصد افراد غیرهمخون در جمعیت مورد مطالعه، نشان دهنده پایین بودن میزان همخوانی در این جمعیت است. میانگین همخوانی محاسبه شده در جمعیت گوسفند کرمانی مورد مطالعه در بین کل افراد ۰/۰۹ درصد و در بین افراد همخون ۵/۳ درصد به دست آمد. راشدی ده صحرایی و همکاران (۱۳۹۲) با مطالعه در گوسفند لری بختیاری، بحری بیناباج و همکاران (۱۳۹۱) در گوسفند قره گل و غلام بابائیان و همکاران (۱۳۹۱) در گوسفند مغانی میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت را به ترتیب ۰/۹۴، ۱/۵۲ و ۰/۵۱ درصد و میانگین ضریب همخوانی افراد همخون را به ترتیب ۲/۴، ۴/۱۵ و ۱/۷۴ درصد گزارش کردند. شیخلو و همکاران (۱۳۹۰) میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت را در گوسفندان بلوچی ۱/۹۵ درصد گزارش کردند. این پارامتر در گزارش غفوری کسبی (۲۰۱۰) در گوسفند نژاد زندی ۱/۴۶ درصد گزارش شده است. همانطور که مشخص است، میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت و افراد همخون در گوسفندان کرمانی مورد مطالعه از گزارش های ارائه شده در سایر نژادهای داخل کشور به ترتیب کمتر و بیشتر می باشد. با اینکه میانگین ضریب همخوانی افراد همخون در مطالعه حاضر بیشتر از گزارش های موجود در سایر نژادهای داخل کشور است ولی درصد افراد همخون این جمعیت بسیار کم و فقط ۱/۶ درصد از کل افراد این جمعیت همخون بودند. وجود همخوانی در چهار سال آخر این پژوهش ناشی از جفتگیری افراد خویشاوند در این جمعیت است. از طرفی میزان افزایش همخوانی سالیانه نیز می تواند تحت تاثیر فاصله نسل قرار گیرد. هر چند فاصله نسل کمتر باشد، میزان افزایش همخوانی در سال نیز افزایش می یابد (فالکونر و مک کی، ۱۹۹۶).

متوسط رابطه خویشاوندی در سال های مختلف در شکل ۲ نشان داده شده است. این شکل نشان می دهد که متوسط رابطه خویشاوندی از سال ۱۳۷۲ تا سال ۱۳۷۵ دارای روند کاهشی است به طوری که در سال ۱۳۷۵ به کمترین میزان خود ۰/۰۰۴ رسیده است. از سال ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۳ دارای تغییرات افزایشی و کاهشی مختلفی است ولی به طور کلی دارای روندی تقریباً افزایشی است. متوسط رابطه خویشاوندی در سال ۱۳۸۳ به بیشترین مقدار خود ۰/۰۵ می رسد. متوسط رابطه خویشاوندی کل حیوانات در جمعیت گوسفند کرمانی ۰/۶۹ درصد محاسبه شد.



شکل ۲- متوسط رابطه خویشاوندی در سال‌های مختلف

به رشد، تولید، سلامتی، باوری و بقاء بزند (بیجما و همکاران، ۲۰۰۱). علاوه بر این هم‌تباری سبب تأثیر بر روی برخی صفات نظیر کیفیت گوشت به میزان کم و بعضی دیگر مثل بازده تولید مثل به میزان قابل توجهی می‌شود (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). آنالا و همکاران (۱۹۹۹) گزارش کردند که به ازای یک درصد افزایش هم‌تباری، کاهشی معادل ۱۳ و ۱۵ گرم در وزن تولد و شیرگیری گوسفندان نژاد مرینو حاصل شده است.

### نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از تحلیل احتمال منشأ ژن نشان می‌دهد که میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار و اجداد اصلی در ایجاد جمعیت کنونی به علت اجرای برنامه انتخاب، نامتعادل شده که باعث کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت موجود در مقایسه با حیوانات بنیان‌گذار شده است. نسبت تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار در این پژوهش نسبت به گزارش‌های مربوط به سایر نژادهای گوسفند در کشور (نژادهای بلوچی، زندی و افشاری) نشان می‌دهد که گرچه استفاده نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار باعث کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت گوسفندان کرمانی مورد مطالعه شده است ولی این جمعیت از نظر تنوع ژنتیکی در وضعیت بهتری نسبت به سایر نژادها می‌باشد. همچنین پایین بودن میزان هم‌خونی در جمعیت مورد مطالعه نشان‌دهنده مدیریت تولیدمثلی نسبتاً مناسب در این جمعیت است.

در پژوهش حاضر روند رابطه خویشاوندی در طی سال‌های مختلف نیز مورد بررسی قرار گرفت. برای اینکار با برازش تابعیت متوسط رابطه خویشاوندی بر سال تولد، میزان افزایش سالانه رابطه خویشاوندی در گوسفندان کرمانی تعیین شد. روند افزایش سالانه رابطه خویشاوندی در گوسفندان کرمانی مورد مطالعه ۰/۲۶ درصد در سال برآورد شد.

متوسط هم‌تباری حیوانات در یک جمعیت، پیش‌بینی کننده متوسط هم‌خونی نسل آینده می‌باشد. به همین دلیل این پارامتر می‌تواند برای برآورد اندازه مؤثر جمعیت مفید باشد. پایین بودن تنوع ژنتیکی باعث هم‌تباری بالا در یک جمعیت می‌شود و به دلیل کاهش واریانس بین افراد در درون یک لاین، منجر به کاهش پاسخ به انتخاب خواهد شد (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). متوسط هم‌تباری اندازه‌ای خوب از تنوع ژنتیکی است که هم اثرات حیوانات بنیان‌گذار و هم اثرات رانش ژنی را نشان می‌دهد (لیسی، ۱۹۹۵). متوسط هم‌تباری در جمعیت مورد مطالعه ۰/۳۵ درصد برآورد شد. متوسط هم‌تباری در جمعیت گوسفندان نژاد افشاری و زندی به ترتیب ۲/۱ و ۱/۲۱ درصد گزارش شده است که از متوسط هم‌تباری در جمعیت گوسفندان کرمانی مورد مطالعه بیشتر می‌باشد (غفوری کسبی ۲۰۱۰؛ غفوری کسبی ۲۰۱۲). آمیزش بین افراد خویشاوند در یک جمعیت بسته، سبب تجمع هم‌تباری در نسل‌های آینده می‌شود. یکی از آثار هم‌تباری افزایش هموزیگوستی و کاهش هتروزیگوتی است. هم‌تباری در یک جمعیت، باعث کاهش واریانس ژنتیکی در داخل یک فامیل یا یک لاین و باعث افزایش واریانس ژنتیکی بین فامیل‌ها یا لاین‌ها می‌شود. همچنین وجود هم‌تباری می‌تواند آسیب جدی

## منابع

- بحری، بیناباج، ف.، فرجی آروق، ه.، رکوعی، م.، جعفری، م. و محمدهاشمی، آ.، ۱۳۹۱. برآورد روند همخوانی و اثر آن بر صفات رشد، ماندگاری و درجه پوست گوسفند قره‌گل، پنجمین کنگره علوم دامی ایران. ۸ تا ۹ شهریور، دانشگاه صنعتی اصفهان. صفحات ۷۶۴-۷۶۰.
- راشدی ده‌صحرائی، آ.، فیاضی، ج. و وطن‌خواه، م.، ۱۳۹۲. بررسی روند همخوانی و اثر آن بر عملکرد صفات رشد در گوسفند نژاد لری بختیاری، نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان، شماره ۳، صفحات ۷۸-۶۵.
- رجبی مرنند، ب.، واعظ ترشیزی، ر.، مسعودی، ع.ا.، رهنما، ک. و سیدعلیان، س.ا.ر.، ۱۳۹۱. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت گوسفند لری بختیاری با استفاده از اطلاعات شجره، پنجمین کنگره علوم دامی ایران. ۸ تا ۹ شهریور، دانشگاه صنعتی اصفهان. صفحات ۹۲۱-۹۱۸.
- شیخلو، م.ر.، طهمورث‌پور، م. و اسلمی‌نژاد، ع.ا.، ۱۳۹۰. بررسی همخوانی گوسفندان بلوچی ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد، نشریه پژوهش‌های علوم دامی، شماره ۴، صفحات ۴۵۸-۴۵۳.
- شیخلو، م.ر.، ط‌پور، م. و اسلمی‌نژاد، ع.ا.، ۱۳۹۲. بررسی تنوع ژنتیکی گله اصلاح نژادی گوسفندان ماکویی به روش تجزیه و تحلیل شجره. همایش دام و طیور شمال کشور. ۱۲ اردیبهشت، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری. صفحات ۱۱۱۶-۱۱۲۰.
- غلام‌بابائیان، م.م.، رشیدی، ا.، رزم‌کبیر، م. و میرزاحمدی، ا.، ۱۳۹۱. برآورد ضریب همخوانی و اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری در گوسفند مغانی، پنجمین کنگره علوم دامی ایران. ۸ تا ۹ شهریور، دانشگاه صنعتی اصفهان. صفحات ۷۵-۷۱.
- نادری چوپلو، ا.، قریشی، س.ش.، رکوعی، م. و منصوری، م.، ۱۳۹۱. تجزیه و تحلیل‌های شجره در گله بز مرکز ایستگاه دامپروری سمنان، پنجمین کنگره علوم دامی ایران. ۸ تا ۹ شهریور، دانشگاه صنعتی اصفهان. صفحات ۶۱۹-۶۱۴.
- Analla, M., Montilla, J.M. and Serradilla, J.M., 1999. Study of the variability of the response to inbreeding for meat production in Merino sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 116: 481-488.
- Barker, J.S.F., 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal Perspective. *Canadian Journal of Forest Research*. 31: 588-595.
- Bijma, P., Van Arendonk, J.A.M. and Woolliams, J.A., 2001. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. *Animal Science*. 79: 840-853.
- Boichard, D., Maignel, L. and 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. and Toro, M.A., 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics research (Camb)*. 75: 331-343.
- 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.
- Falconer, D.S. and Mackay, F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman, Harlow, UK.
- 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. *Archiv Tierzucht*. 4: 375-384.
- Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J. and 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. and Piedrafita, J., 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 35: 43-63.
- Gutiérrez, J.P. and 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. and Jordana, J., 2005. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122: 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I. and Goyache, F., 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126: 327-332.
- Honda, T., Nomura, T., Yamaguchi, Y. and Mukai, F., 2004. Monitoring of genetic diversity in the Japanese Black cattle population by the use of pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 121: 242-252.
- 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.
- Malécot, G., 1948. *Les Mathématiques de l'Hérédité*. MassonetCie, Paris, 80 pp.
- Meuwissen, T.I. and Luo, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*. 24: 305-313.
- Meuwissen, T.I. and Woolliams, J.A., 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical and Applied Genetics*. 89: 1019-1026.

- Norberg, E. and Sorenson, A.C., 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *Journal of Animal Science*. 85: 299-304.
- Paiva, S.R., Facó, O., Faria D.A., Lacerda, T., Barretto, G.B., Carneiro, P.L.S., Lobo, R.N.B. and 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.
- Rochambeau, H.C., Fournet-Hanocq, F. and Khang, J.V.T., 2000. Measuring and managing genetic variability in small populations. *Annales de Zootechnie*. 49: 77-93.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and 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*.
- Tahmoorespour, M. and Sheikhlou, 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. and Lobo, R.B., 2007. Pedigree analyses in the Breeding Program for Nellore Cattle. *Genetics and Molecular Research*. 6: 1044-1050.
- Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*. 16: 97-159.

## A study on genetic structure of Kermani sheep by using pedigree analysis in the Shahrbabak sheep breeding station

M. R. Bahreini Behzadi<sup>1\*</sup> and M. Keshavarzpour<sup>2</sup>

1, 2. Associate Professor and MSc graduated of Yasouj University

\*Corresponding Author Email: [bahreini@yu.ac.ir](mailto:bahreini@yu.ac.ir)

Submitted: 9 January 2025

Accepted: 20 December 2025

### Abstract

The study of population structure by pedigree analysis is useful to identify important causes that affect the genetic diversity of populations. In this research, the genetic diversity and population structure were studied in the Kermani sheep breed based on pedigree information of animals registered in the Shahrbabak sheep breeding station. The mean generation interval, mean inbreeding, mean coancestry, mean relationship, effective population size and probability of gene origin parameters were estimated. For this population, the mean generation interval and the effective population size were 4.5 years and 284 head, respectively. The effective population size was found using the individual inbreeding increases. The mean coancestry, mean relationship and mean inbreeding were estimated 0.35, 0.69 and 0.09 percent, respectively. The total number of founder animals, the effective number of founders, effective number of ancestors, effective number of founder genomes (founder genome equivalents) and effective number of non-founder genomes, were estimated 406, 209, 73, 144, 454 heads, respectively. Approximately, 50 percent of genetic diversity of population was explained by the 26 ancestors. The results of this study indicated contribution of the founders and major ancestors to the population has been unbalanced due to the selection of animals and the genetic variability of the population decreased compared to the founder population.

**Keywords:** Probability of gene origin, Pedigree structure, Kermani sheep