نشریه پژوهش‌های علوم دامی/ جلد ۲۸ شماره ۳/ سال۱۳۹۷/ صفحات ۸۱ تا ۹۶

# برآورد تاثیر همخونی و افزایش همخونی فردی بر صفات رشد گوسفند مغانی

**سعیده احمدی[۱]، محمدرضا شیخلو[۲]* و صادق علیجانی[۳]**

تاریخ دریافت: ۹۶/۸/۱۷ تاریخ پذیرش: ۹۷/۱/۱٤

[۱] دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی اهر – دانشگاه تبریز
[۲] استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی اهر – دانشگاه تبریز
[۳] دانشیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز
* مسئول مکاتبه: Email: MR.Sheikhlou@tabrizu.ac.ir

**چکیده**

**زمینه مطالعاتی:** آمیزش افراد خویشاوند در جمعیت‌های بسته، کوچک و تحت انتخاب باعث بروز همخونی می‌گردد. **هدف:** هدف از تحقیق حاضر بررسی روند همخونی و برآورد پسروی ناشی از آن در صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی در گوسفندان نژاد مغانی بود. **روش‌کار:** ضریب همخونی دام‌ها با استفاده از اطلاعات شجره‌ای جمع آوری شده در مرکز اصلاح نژاد گوسفند مغانی برآورد گردید. سپس میزان افزایش همخونی فردی دام‌ها با استفاده از رابطه بین ضریب همخونی فرد و ضریب همخونی در نسل t برآورد گردید. از دو مدل که در یکی از آن‌ها ضریب همخونی و در دیگری افزایش همخونی فردی به عنوان متغیر کمکی در مدل منظور گردیده بود، جهت برآورد پسروی ناشی از همخونی استفاده گردید. **نتایج:** میزان افزایش سالانه همخونی ۰/۰۳ درصد در سال برآورد گردید. میانگین وزن تولد و وزن ۳ ماهگی دام‌های با همخونی بزرگتر از صفر و کمتر از ده درصد به طور معنی‌داری نسبت به دام‌های غیر همخون کمتر بود ($P<۰/۰۵$). با این وجود میانگین این صفات در دام‌های با همخونی بالای ۱۰ درصد بیشتر از دیگر گروهها بوده و نسبت به حیوانات غیر همخون تفاوت معنی‌داری نداشت. ضریب تابعیت صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی از همخونی به ترتیب ٦، ۲۳–، ۵۱–، ۱۷– و ۱۱۹– گرم و از افزایش همخونی فردی به ترتیب ۲۲، ٤٤–، ۱۸۵– ، ۱۱۱– و ۳۲٦– گرم و غیرمعنی‌دار بود. پس از تبدیل مقادیر افزایش همخونی فردی به معادل ضریب همخونی دامها، ضریب تابعیت صفات مورد بررسی از معادل ضریب همخونی به ترتیب ٦، ۱۳–، ۵۵–، ۳۳– و ۹٦– گرم برآورد گردید. **نتیجه گیری نهایی:** بر اساس نتایج این تحقیق آمیزش بین دام‌های خویشاوند باعث بوجود آمدن دام‌های همخون در گله شده بطوریکه بالغ بر ۷۵ درصد گله دارای همخونی غیر صفر می‌باشد. از این رو بکارگیری روشهایی جهت کنترل افزایش همخونی در گله توصیه می‌گردد. در این تحقیق پاسخ پسروی ناشی از همخونی در صفات مختلف نسبت به بکارگیری افزایش همخونی فردی در مدل روند یکسانی نداشت.

**واژگان کلیدی:** افزایش همخونی فردی، پسروی ناشی از همخونی، گوسفند مغانی، صفات رشد

**مقدمه**

همخونی در اثر آمیزش افراد خویشاوند یا افراد دارای جد مشترک به وجود می‌آید. اینگونه آمیزش‌ها درجمعیت‌های بسته، کوچک و تحت انتخاب، منجر به کاهش هتروزیگوسیتی و تنوع آللی و به تبع آن کاهش در صفات اقتصادی حیوانات همخون می‌شود (روچمبو و همکاران ۲۰۰۰). سطح همخونی جمعیت تحت تاثیر نسبت نرها به ماده‌ها در تولید مثل، سیستم‌های تلاقی و اندازه جمعیت

می‌باشد (نقویان و همکاران ۱۳۹۳). در برخی صفات، کاهش تنوع آللی و به تبع آن افزایش ژنوتیپ‌های هموزیگوت منجر به بروز اثرات ژن‌های مغلوب و ایجاد ناهنجاری‌های مختلف ژنتیکی خواهد گردید. ولی در صفات کمی که اکثر صفات اقتصادی دام‌ها نیز در این دسته قرار دارند، تاثیر همخونی به صورت کاهش در عملکرد این صفات در دامها قابل مشاهده می‌باشد. کاهش در عملکرد تولیدی و تولید مثلی حیوانات همخون، پسروی همخونی یا افت همخونی[1] نامیده می‌شود (فالکونر و مک گی ۱۹۹٦). این کاهش در اکثر صفات اقتصادی دامها از جمله صفات رشد، سلامت، طول عمر تولیدی، صفات تولید مثلی و سایر صفات مرتبط با سودآوری دام مشاهده شده است. از طرف دیگر پاسخ به انتخاب و پیشرفت ژنتیکی در صفات اقتصادی مد نظر در برنامه‌های اصلاح نژادی نیز تحت تأثیر اثرات منفی همخونی قرار خواهد گرفت. به عبارت دیگر کنترل سرعت افزایش همخونی برای حفظ تنوع ژنتیکی در سطح مطلوب و در نتیجه قابلیت پاسخ به تغییرات محیطی و تغییرات در اهداف انتخاب ضروری می‌باشد (افشاری و داودی ۱۳۹۵ و مویسن و وولیامز ۱۹۹٤). به همین جهت برآورد نرخ افزایش سالانه همخونی و کنترل آن جزیی از برنامه‌های اصلاح نژادی به حساب می‌آید. میزان پسروی ناشی از همخونی بسته به صفت مورد مطالعه و نژاد مورد بررسی می‌تواند متفاوت باشد. در واقع حساسیت به بروز همخونی برای تمام صفات و نژادها یکسان نیست. یکی از علل این تفاوت‌ها می‌تواند به سهم متفاوت ژنوتیپ و محیط در بروز صفات در نژادهای مختلف و یا به عبارت دیگر تفاوت در وراثت پذیری صفات در نژادهای مختلف مربوط گردد. از این رو همواره برآورد میزان پسروی ناشی از همخونی برای صفات و نژادهای مختلف ضروری است. هدف از تحقیق حاضر بررسی روند همخونی و تاثیر آن بر صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یکسالگی در گوسفندان نژاد مغانی بود. تفاوت تحقیق حاضر با تحقیقات قبلی انجام شده در این نژاد، استفاده از متغیر افزایش همخونی فردی به جای همخونی، جهت برآورد میزان پسروی همخونی در صفات تحت بررسی بود.

## مواد و روش‌ها

در این تحقیق از داده‌های جمع آوری شده در مرکز اصلاح نژاد گوسفند مغانی واقع در جعفرآباد مغان (استان اردبیل) جهت برآورد همخونی و تاثیر آن بر صفات رشد استفاده گردید. فایل شجره شامل ۱۱۹۱۳ حیوان متولد شده بین سال‌های ۱۳٦۸ تا ۱۳۹٤ بود. قبل از تجزیه و تحلیل اصلی، فایل شجره از نظر وجود خطاهایی همچون خطا در ثبت تاریخ تولد حیوانات، خطا در ثبت جنسیت حیوانات و عدم ثبت حیوانات جمعیت پایه به دقت بررسی و این خطاها رفع گردید. پس از بررسی و رفع خطاهای موجود در فایل شجره و افزودن دام‌های جمعیت پایه، فایل شجره حاوی ۱۲۳۸۹ حیوان، جهت آنالیزهای بعدی آماده گردید. با توجه به تاثیر زیاد سطح تکامل شجره در احتمال یافتن جد مشترک برای افراد نسل حاضر و برآورد صحیح همخونی دامها، ابتدا سطح تکامل شجره دامها مورد بررسی قرار گرفت. جهت بررسی سطح تکامل شجره، شاخص تکامل شجره با استفاده از رابطه زیر برای تمام حیوانات موجود در فایل شجره برآورد گردید (مک کلار و همکاران ۱۹۸۳).

$$PCI_{animal} = \frac{2C_{sire}C_{dam}}{C_{sire} + C_{dam}}$$

که در این فرمول $C_{sire}$ و $C_{dam}$ به ترتیب مشارکت خط پدری و مادری حیوان بوده و از طریق رابطه زیر برآورد می‌گردد.

$$C = \frac{1}{d}\sum_{i=1}^{d} a_i$$

که در آن $a_i$ نسبت اجداد معلوم در نسل $i$ام بوده و $d$ تعداد نسل‌هایی است که در نظر گرفته می‌شود. در این تحقیق $d$ برابر با ۵ در نظر گرفته شد.

[1] Inbreeding Depression

همچنین برای هر حیوان موجود در شجره، تعداد نسل‌های معادل کامل از طریق فرمول زیر برآورد گردید:

$$CGE_i = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n$$

که در آن n تعداد نسل‌هایی است که حیوان را از هر والد معلومش جدا می‌کند (بویچارد و همکاران ۱۹۹۷).

میانگین شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل دام‌های متولد شده در هر سال محاسبه و روند آن در طول سال‌های مورد مطالعه مورد بررسی قرار گرفت. ضریب همخونی دامها با استفاده از الگوریتم موویسن و لو (۱۹۹۲) محاسبه گردید. میانگین همخونی دامها در هر سال تولد برآورد گشته و سپس با برازش خط رگرسیون همخونی بر سال تولد، نرخ افزایش همخونی در جمعیت برآورد گردید. میزان افزایش همخونی فردی[1] دامها با استفاده از رابطه ارائه شده توسط گنزالز و همکاران (۲۰۰۷) که توسط گوتیرز و همکاران (۲۰۰۹) بهینه گشته با استفاده از رابطه زیر برآورد گردید:

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t_i - 1]{1 - F_i}$$

که در آن $F_i$ میزان ضریب همخونی و t تعداد نسل‌های معادل کامل می‌باشد. توصیف بهتر برای ضریب افزایش همخونی فردی می‌تواند ضریب همخونی تصحیح شده برای تعداد نسل‌های معادل کامل باشد. افزایش همخونی فردی می‌تواند به عنوان یک معیار اندازه‌گیری همخونی که برای عمق شجره هر حیوان نیز تصحیح شده است، مورد استفاده قرار گیرد. این ضریب، میزان ضریب همخونی تجمعی در یک حیوان را نسبت به عمق شجره آن حیوان تصحیح می‌کند (گنزالز و همکاران ۲۰۰۷). همچنین ضریب همخونی معمولا با گذشت زمان افزایش می‌یابد در نتیجه اثر آن می‌تواند با دیگر اثرات وابسته به زمان موجود در مدل همچون اثر سال- فصل تولد تداخل داشته باشد، در حالیکه نوسانات میانگین افزایش همخونی فردی دامها در طول زمان کمتر می‌باشد (پانتو و همکاران ۲۰۱۰). با استفاده از افزایش همخونی فردی، میزان معادل ضریب همخونی فرد[2] با استفاده از رابطه ارائه شده توسط فالکونر و مک گی (۱۹۹۶) و بهینه گشته توسط گوتیرز و همکاران (۲۰۰۹) از طریق زیر محاسبه گردید:

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^{t-1}$$

که در آن t میانگین تعداد نسل‌های معادل کامل جمعیت مورد بررسی می‌باشد (سانتانا و همکاران ۲۰۱۱). این ضریب تحت تاثیر افزایش غیر خطی احتمالی همخونی در طول زمان قرار نگرفته و بنابراین دو حیوان با همخونی برابر ولی با سطح تکامل شجره متفاوت، می‌توانند میزان افزایش همخونی فردی و معادل ضریب همخونی متفاوت و در نتیجه برآورد متفاوتی برای پسروی همخونی داشته باشند (سانتانا و همکاران ۲۰۱۱).

جهت برآورد شاخص تکامل شجره، تعداد نسلهای معادل کامل، همخونی و افزایش همخونی فردی از نرم افزارهای *EVA(ver. 1.3.09)* و *ENDOG(ver. 4.8)* استفاده گردید (برگ و همکاران ۲۰۰۶ و گوتیرز و گویاچ ۲۰۰۵).

**برآورد پسروی همخونی**

در این تحقیق از رکوردهای جمع‌آوری شده برای صفات وزن‌تولد، ۳ ماهگی، ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی جهت برآورد اثر همخونی بر صفات رشد گوسفند مغانی استفاده گردید. در این تحقیق، تاثیر همخونی بر اوزان بدن برای هر صفت به صورت جداگانه مورد بررسی قرار گرفت. در نتیجه تعداد دامهای دارای رکورد برای صفات مختلف متفاوت بود. برای هر صفت کلیه دامها بر اساس ضریب همخونی برآورد شده به سه گروه دسته بندی شدند. گروه اول شامل حیوانات غیر همخون ($F=0$)، گروه دوم حیوانات با ضریب همخونی $0<F<10$ و گروه سوم حیوانات با ضریب همخونی $F\geq10$ را شامل می‌گردید. در برآورد تاثیر پسروی ناشی از همخونی بر صفات تحت بررسی، تنها از رکوردهای حیواناتی استفاده گردید که شاخص تکامل شجره آنها بزرگتر یا مساوی ۰/۶ باشد

[1] Individual Increase in Inbreeding
[2] Equivalent Inbreeding Coefficient

(سورنسن و همکاران ۲۰۰۵). رکوردهای خارج از دامنه ۳ انحراف معیار از میانگین در هر گروه سال–فصل حذف گردید. همچنین جهت برآورد تابعیت صفات مورد بررسی از همخونی، سطوح همخونی دارای کمتر از ۵ رکورد حذف گردیدند. جدول ۱ آمار توصیفی رکوردهای مورد استفاده جهت بررسی تاثیر همخونی بر صفات مورد مطالعه را نشان می‌دهد.

**جدول ۱- آمار توصیفی رکوردهای مورد استفاده جهت برآورد پسروی همخونی**

**Table 1- Descriptive statistics of the data used for estimating the inbreeding depression**

| صفت Trait | وزن تولد Birth Weight | وزن ۳ ماهگی 3 Month Weight | وزن ۶ ماهگی 6 Month Weight | وزن ۹ ماهگی 9 Month Weight | وزن یک سالگی Yearling Weight |
|---|---|---|---|---|---|
| تعداد رکورد Number of Records | 2443 | 1574 | 1831 | 1117 | 994 |
| میانگین (کیلوگرم) Mean (kg) | 4.62 | 24.93 | 37.58 | 40.77 | 41.80 |
| حداکثر (کیلوگرم) Maximum (kg) | 7.5 | 41.5 | 57 | 60 | 61 |
| حداقل (کیلوگرم) Minimum (kg) | 2 | 10 | 15 | 23.5 | 26 |
| انحراف استاندارد Standard Deviation | 0.81 | 4.85 | 6.48 | 5.39 | 7.25 |
| ضریب تغییرات CV | 17.59 | 19.48 | 17.25 | 13.21 | 17.79 |

جهت بررسی عوامل محیطی موثر بر صفات و همچنین مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات مورد بررسی در گروه‌های مختلف همخونی از نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ و رویه مدلهای خطی عمومی (GLM[1]) استفاده گردید. اثرات ثابت جنس، تیپ تولد (تک قلو، دو قلو و سه قلو)، سال–فصل تولد و گروه‌های همخونی به عنوان اثرات ثابت در مدل در نظر گرفته شد. اثرات متقابل معنی‌دار بین اثرات ثابت موجود در مدل نیز در مدل نهایی آنالیز هر صفت در نظر گرفته شدند. اثر سن مادر در هنگام زایش (به روز) به عنوان متغیر کمکی در مدل در نظر گرفته شد. برای همه صفات تحت بررسی به غیر از صفت وزن تولد، سن دام در هنگام رکورد گیری نیز به عنوان متغیر کمکی در مدل وارد گردید. ضریب تابعیت صفات تحت بررسی از همخونی با استفاده از مدل دام که علاوه بر اثرات ثابت، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و همچنین دیگر اثرات تصادفی تاثیرگذار بر صفات مختلف را در نظر می‌گرفت با استفاده از نرم افزار *WOMBAT* و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (*REML*) برآورد گردید (میر ۲۰۰۶). شش مدل دام تک متغیره زیر که از لحاظ در نظر گرفتن اثرات محیطی دائمی و اثر ژنتیکی مادری و همچنین

[1] Generalized Linear Model

کوواریانس بین اثر ژنتیکی مستقیم و مادری با هم متفاوت بودند، جهت تجزیه و تحلیل صفات مورد استفاده قرار گرفتند.

که در این مدل‌ها:

b: بردار اثرات ثابت، a: بردار اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان[1]، m: بردار اثر تصادفی ژنتیکی مادری[2]، pe: بردار اثر تصادفی محیط دائمی مادر[3]، x: ماتریس طرح اثرات ثابت[4]، $Z_a$: ماتریس طرح اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی، $Z_m$: ماتریس طرح اثر تصادفی ژنتیکی مادری، $Z_{pe}$: ماتریس طرح اثر تصادفی محیطی دائمی حیوان و e: بردار تصادفی خطا می‌باشد.

1) $Y = Xb + Z_a a + e$
2) $Y = Xb + Z_a a + Z_{pe} pe + e$
3) $Y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$ $\quad Cov(a, m) = 0$
4) $Y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$ $\quad Cov(a, m) = A\sigma_{am}$
5) $Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_{pe} pe + e$ $\quad Cov(a, m) = 0$
6) $Y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_{pe} pe + e$ $\quad Cov(a, m) = A\sigma_{am}$

بهترین مدل برای تجزیه و تحلیل هر صفت با استفاده از معیار آکایک طبق رابطه زیر مورد انتخاب قرار گرفت (آکائیک ۱۹۷٤).

$$AIC_i = -2LogL_i + 2P_i$$

که در آن $LogL_i$ برابر با لگاریتم تابع درستنمایی بوده و $P_i$ تعداد پارامترهای موجود در مدل می‌باشد. مدلی که دارای معیار آکایک پایین‌تری باشد برای تجزیه و تحلیل داده‌ها مناسب‌تر خواهد بود. داده‌های مربوط به هر صفت با استفاده از مناسبترین روش دو بار مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. در مدل اول ضریب همخونی حیوان و در مدل دوم افزایش همخونی فردی حیوان به عنوان متغیر کمکی وارد مدل گردید و سپس ضریب تابعیت هر یک از صفات از همخونی حیوان و افزایش همخونی فردی حیوان برآورد گردید.

## نتایج وبحث

توزیع فراوانی جمعیت مورد مطالعه به تفکیک گروه‌های مختلف همخونی در جدول ۲ نشان داده شده است. از کل جمعیت مورد مطالعه ۷۸ درصد آن دارای ضریب همخونی صفر بود. این مقدار بالای حیوانات دارای ضریب همخونی صفر را نمی‌توان به طور قطعی به عدم آمیزش‌های نزدیک و کنترل همخونی در گله نسبت داد چرا که همانطور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود درصد این گروه از دامها در بین حیوانات با شاخص تکامل شجره بالای ۰/٦ به ۲۳ درصد کاهش یافته است. در واقع قسمت عمده دام‌های گله به دلیل شجره ناقص در گروه دام‌های غیر همخون قرار گرفته‌اند. همچنین درصد دام‌های گروه دوم و سوم نیز از ۲۱ و ۱ درصد در کل جمعیت به ۷٤ و ۳ درصد در جمعیت دارای شاخص تکامل شجره بالای ۰/٦ افزایش یافته است. بدین ترتیب می‌توان گفت که اکثریت دامهای این گله دارای ضریب همخونی بین ۰ تا ۱۰ درصد هستند. به همین دلیل استفاده از رکورد همه دام‌ها جهت برآورد پسروی همخونی بر صفات مورد مطالعه می‌تواند باعث اریب در برآوردها گردد. از این رو در مطالعه تاثیر همخونی بر صفات مورد بررسی تنها از رکوردهای دام‌هایی استفاده گردید که شاخص تکامل شجره آنها بالای ۰/٦ باشد. لازم به ذکر است که توجه به کیفیت شجره دام‌های مورد استفاده جهت برآورد پسروی همخونی و استفاده از حیوانات با سطح تکامل شجره بالاتر از یک مقدار خاص، در تحقیقات انجام گرفته توسط محققین مختلف بر روی نژادهای خارج کشور نیز مد نظر قرار گرفته است (گنزالز

[1] Additive Effect
[2] Maternal Effect
[3] Permanent Environment Effect
[4] Incidence Matrix

و همکاران ۲۰۰۷، پانتو و همکاران ۲۰۱۰، سانتانا و همکاران۲۰۱۱ ونوربرگ و سورنسن ۲۰۰۷). میانگین همخونی کل دام‌ها و دام‌های همخون در جمعیت دام‌های با شاخص تکامل شجره بالای ۰/٦ به ترتیب ۱ و ۱/۳۲ درصد بود. طبق پیشنهادات فالکونر و مک‌کی (۱۹۹٦)، بایما (۲۰۰۰) و فائو (۱۹۹۸) از دیدگاه مدیریت ژنتیکی جمعیت، مطالعه روند افزایش همخونی خیلی مهم تر از همخونی موجود در نسل کنونی دام‌ها می باشد. بر اساس پیشنهادات این محققین برای حفظ تنوع ژنتیکی در دراز مدت و جلوگیری از افت ناشی از همخونی در صفات اقتصادی دام‌ها، نرخ افزایش همخونی در هر نسل باید زیر یک درصد باشد.

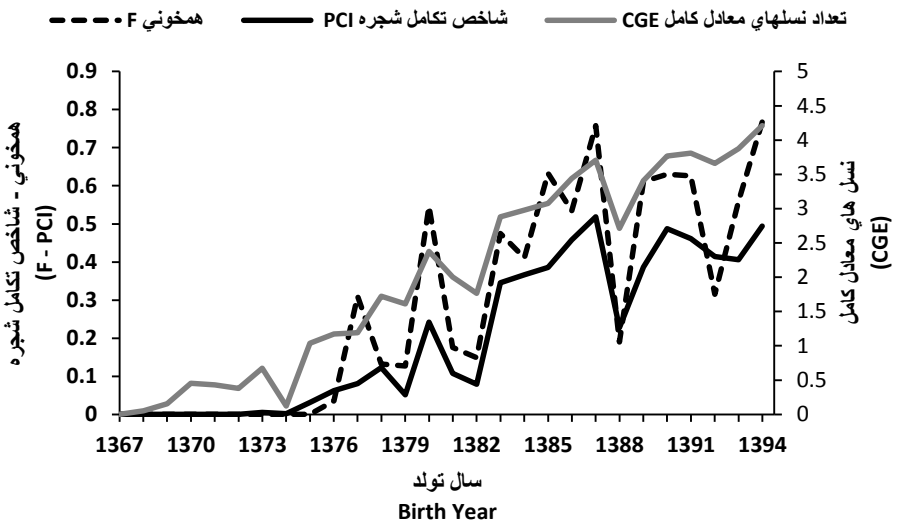
**جدول ۲- توزیع حیوانات موجود در فایل شجره در گروه‌های مختلف همخونی**

**Table 2- Distribution of the animals in the pedigree at different inbreeding groups**

| گروه‌های ضرایب همخونی Inbreeding Groups | تعداد حیوانات (درصد) Number of Animals (%) | |
|---|---|---|
| | کل جمعیت Whole Population | حیوانات با PCI بزرگتر از ۰/٦ Animal with PCI > 0.6 |
| F=0 | 10027 (78) | 651 (23) |
| 0<F<10 | 2685 (21) | 2058 (74) |
| F≥10 | 127 (1) | 67 (3) |
| کل | 12839 | 2776 |

PCI: سطح تکامل شجره

شکل ۱ روند میانگین همخونی دام‌ها در طول سال‌های مورد مطالعه را در کنار دو معیار بررسی کیفیت شجره یعنی شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل نشان می‌دهد. هر دو معیار شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل با گذشت زمان روند صعودی داشتند. همانطور که در شکل ۱ دیده می‌شود میانگین همخونی دامها در طول سال‌های مورد مطالعه روند افزایشی داشته و نوسانات موجود در روند همخونی دام-ها نیز با نوسانات سطح تکامل شجره دامها مطابقت دارد. از بین دو معیار بررسی کیفیت شجره، روند میانگین شاخص تکامل شجره دام‌ها با روند میانگین همخونی دام-ها مطابقت بیشتری دارد. همانطور که در شکل ۱ دیده می‌شود در سال‌های اولیه، میانگین شاخص تکامل شجره و همخونی دام‌ها صفر بوده است. این در حالی است که میانگین تعداد نسل‌های معادل کامل دام‌ها در این سال‌ها عددی بیشتر از صفر بوده است. این تفاوت در روند دو معیار بررسی کیفیت شجره به نحوه محاسبه این دو معیار مربوط می‌باشد. شاخص تکامل شجره برای حیوانی که یکی از والدینش نامعلوم باشد صفر در نظر گرفته می‌شود حتی اگر چندین نسل از اجداد والد دیگر او شناخته شده باشد. ولی در محاسبه تعداد نسل‌های معادل کامل، به ازای هر پدر یا مادر معلوم مقدار ۰/۵، به ازای هر پدر بزرگ یا مادربزرگ معلوم مقدار ۰/۲۵ و الی آخر به تعداد نسل‌های معادل کامل افزوده می‌گردد صرف نظر از اینکه این والدین متعلق به کدام یک از مسیرهای پدری یا مادری حیوان باشند. در نتیجه احتمال یافتن جد مشترک برای والدین یک حیوان و برآورد ضریب همخونی او بیشتر به شاخص تکامل شجره حیوان بستگی دارد تا تعداد نسل-های معادل کامل آن (شیخلو و عباسی ۲۰۱٦).




**شکل ۱- روند همخونی (محور عمودی سمت چپ)، شاخص تکامل شجره (محور عمودی سمت چپ) و تعداد نسل‌های معادل کامل (محور عمودی سمت راست) در طول سال‌های مورد مطالعه**

**Figure 1- Trends of inbreeding (left axis), pedigree completeness index (left axis) and number of complete generation equivalents (right axis) in the studied years**

با برازش رگرسیون خطی همخونی بر سال تولد، میزان افزایش سالانه همخونی ۰/۰۳ درصد در سال برآورد گردید. شیخلو و بحری (۱۳۹٤) فاصله نسلی در این نژاد را ٤/۱۸ نسل برآورد کردند که با در نظر گرفتن این مقدار برای فاصله نسلی، میزان افزایش همخونی در هر نسل در حدود ۰/۱۲ درصد خواهد بود. این مقدار افزایش همخونی در هر نسل کمتر از مقادیر بحرانی اعلام شده توسط فائو (۱۹۹۸) و بایما (۲۰۰) می‌باشد. قوی حسین‌زاده (۲۰۱۲) و غلام بابائیان و همکاران (۱۳۹۱) روند همخونی در این نژاد را به ترتیب ۰/۰۲۷ و ۰/۰۳ گزارش کردند که با مقدار بدست آمده در تحقیق حاضر مطابقت دارد. همچنین نرخ افزایش همخونی در این تحقیق مطابق با مقادیر افزایش همخونی گزارش شده برای گوسفند لری بختیاری (۰/۰۵)، سنگسری (۰/۰۳) و زندی (۰/۰۲) می‌باشد (راشدی ده صحرایی و همکاران ۱۳۹۲، شیخلو و همکاران ۲۰۱۷ و الماسی و همکاران ۱۳۹۳). با این وجود، نرخ افزایش سالانه همخونی برآورد شده در این تحقیق از مقادیر برآورد شده برای گوسفندان نژاد قره گل (۰/۱٤)، لری (۰/۲۱)، ایران‌بلک (۰/۳٤) و بلوچی (۰/۲) کمتر بود(بحری و همکاران ۱۳۹۳، یگانه پور و همکاران ۱۳۹٤، مختاری و همکاران ۲۰۱٤، متقی‌نیا و همکاران ۱۳۹۱ و طهمورث پور و شیخلو ۲۰۱۱). نرخ افزایش همخونی کمتر در نژاد مغانی در مقایسه با این نژادها می‌تواند به تفاوت در سطح تکامل شجره و همچنین درصد پایین‌تری از آمیزش بین خویشاوندان نزدیک و کنترل بهتر همخونی در این گله نسبت داده شود. در مقایسه با تحقیقاتی که بر روی گوسفندان نژادهای خارجی انجام گرفته، روند افزایش همخونی برآورد شده در این تحقیق کمتر از مقادیر برآورد شده برای گوسفندان نژاد تگزل، شروپشایر و آکسفورد داون دانمارک و همچنین بریکون دوچر و روسین دلاهاگ فرانسه بود (هابی و همکاران ۲۰۰۳ و نوربرگ و سورنسن ۲۰۰۷ ).

**جدول ۳- میانگین حداقل مربعات صفات مورد بررسی در گروه‌های مختلف همخونی**

**Table 3- Lest squares means of the studied traits in the different inbreeding groups**

| گروه‌های همخونی Inbreeding Groups | وزن تولد تعداد (٪) Birth Weight Count (%) | وزن ۳ ماهگی تعداد (٪) 3 Month Weight Count (%) | وزن ٦ ماهگی تعداد (٪) 6 Month Weight Count (%) | وزن ۹ ماهگی تعداد (٪) 9 Month Weight Count (%) | وزن یکسالگی تعداد (٪) Yearling Weight Count (%) |
|---|---|---|---|---|---|
| F=0 | 4.04 ± 0.06 [a]<br>611 (25%) | 22.79 ± 0.38 [a]<br>460 (29%) | 34.58 ± 0.53 [a]<br>465 (25%) | 39.13 ± 0.61 [a]<br>253 (22%) | 41.14 ± 0.70 [a]<br>231 (23%) |
| 0<F<10 | 3.96 ± 0.05 [b]<br>1782 (73%) | 22.33 ± 0.36 [b]<br>1080 (67%) | 34.24 ± 0.50 [a]<br>1329 (73%) | 38.93 ± 0.57 [a]<br>848 (76%) | 40.82 ± 0.64 [a]<br>747 (75%) |
| F≥10 | 4.10 ± 0.10 [a]<br>50 (2%) | 22.89 ± 0.70 [a]<br>44 (2%) | 33.52 ± 0.94 [a]<br>37 (2%) | 37.98 ± 1.04 [a]<br>16 (2%) | 40.27 ± 1.22 [a]<br>16 (2%) |

در هر ستون، میانگین های با حروف مختلف بیانگر اختلاف آماری معنی دار در سطح ٥٪ می باشد.

**اثر همخونی بر صفات مورد مطالعه**

اثرات جنس، تیپ تولد، سال–فصل تولد تاثیر معنی‌داری بر صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک-سالگی داشتند (P<۰/۰۱). اثر سن مادر در هنگام زایش به غیر از صفت وزن یکسالگی بر همه صفات تحت بررسی تاثیر معنی‌داری داشت. جدول ۳ میانگین حداقل مربعات صفات در گروه‌های مختلف همخونی را به همراه تعداد و درصد رکورد موجود در هرگروه نشان می‌دهد. همانطور که در جدول ۳ مشاهده می‌گردد میانگین وزن تولد و وزن ۳ ماهگی دام‌های با همخونی بین صفر تا ده درصد به طور معنی‌داری نسبت به دام‌های غیر همخون کمتر بود (P<۰/۰۵). با این وجود میانگین این صفات در دام‌های با همخونی بالای ۱۰ درصد نسبت به حیوانات غیر همخون تفاوت معنی‌داری نداشت. میانگین وزن بالای دام‌های با همخونی بالاتر از ده درصد در تحقیق قوی حسین زاده (۲۰۱۲) نیز بر روی گوسفندان نژاد مغانی گزارش شده است. همچنین این روند برای گوسفندان نژاد قره‌گل نیز گزارش گردیده است (بحری و همکاران ۱۳۹۳). به عبارت دیگر برخی دام‌های با وزن تولد و وزن ۳ ماهگی بالا در بین دام‌های با همخونی بالای ۱۰ درصد بودند. پرودهوم و لاورن (۱۹۹۳) نیز وضعیت مطلوبتر صفات تولید مثلی در دام‌های همخون گوسفند مرینو را گزارش کردند. این محققین به این نتیجه رسیدند که تاثیر مثبت انتخاب در صفات تولید مثلی بیشتر از تاثیرات منفی همخونی در این نژاد بوده است. البته باید توجه نمود که در تحقیق حاضر تعداد کم دام‌های این گروهها می‌تواند یکی از عوامل تاثیر گذار بر این نتایج باشد. همانطور که در جدول ۳ مشاهده می‌گردد تنها ۲ الی ۳ درصد دام‌های تحت بررسی (بسته به صفت ١٦ الی ٥٠ دام) در این گروه همخونی قرار دارند که این تعداد کم دام‌ها می‌تواند در برآورد میانگین واقعی صفات تحت بررسی در محدوده همخونی بالای ده درصد تاثیر زیادی داشته باشد. بحری و همکاران (۱۳۹۳) در گوسفند نژاد قره‌گل، تفاوت معنی داری بین وزن تولد دام-های سه گروه همخونی مشابه با گروه‌بندی تحقیق حاضر مشاهده نکردند. اما وزن ۳ ماهگی دام‌های با همخونی بین صفر تا ۱۰ درصد در آن تحقیق نیز به طور معنی‌داری پایین‌تر از دام‌های غیر همخون بود که با نتایج تحقیق حاظر مطابقت دارد. همچنین میرزامحمدی و همکاران (۱۳۹۲) کاهش وزن شیرگیری دام‌های با همخونی بالاتر از ۱۵ درصد را نسبت به دام‌های با همخونی کمتر از ۱۵

درصد در گوسفندان نژاد ایران‌بلک گزارش نمودند. در تحقیقی که سلواگی و همکاران (۲۰۱۰) در گوسفندان نژاد لکسیز انجام دادند، میانگین وزن تولد و وزن شیرگیری دام‌های با همخونی بالای ۱۰ درصد نسبت به دام‌های با همخونی کمتر از ده درصد به طور معنی‌داری کاهش یافته بود. با توجه به جدول ۳، میانگین وزن ٦ ماهگی، وزن ۹ ماهگی و وزن یک‌سالگی دام‌ها با افزایش همخونی کاهش یافته است، ولی این کاهش باعث تفاوت معنی‌دار میانگین گروه‌ها نگردیده است ($P>0.05$). عدم کاهش معنی‌دار صفات وزن ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی در بین گروه-های مختلف همخونی در این تحقیق با نتایج بدست آمده توسط بحری و همکاران (۱۳۹۳) در گوسفند قره‌گل و یاوری فرد و همکاران (۲۰۱٤) در گوسفند مهربان مطابقت دارد. تفاوت مشاهده شده در پسروی همخونی صفات مختلف را می‌توان با عواملی همچون تفاوت در آلل‌های در حال تفکیک موثر بر بروز صفات مختلف، میزان تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت پایه، نحوه مدیریت ژنتیکی گله و تنوع حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت تحت بررسی مرتبط دانست (مککینون و ناتر، ۲۰۰۳).

**جدول ۴- مقادیر آکایک حاصل از برازش مدل‌های مختلف بر صفات مورد بررسی**

**Table 4- Akaike values resulted from fitting different models on the studied traits**

| مدل ٦ Model 6 | مدل ٥ Model 5 | مدل ٤ Model 4 | مدل ۳ Model 3 | مدل ۲ Model 2 | مدل ۱ Model 1 | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 321.504* | 321.896 | 324.758 | 325.028 | 329.264 | 363.048 | وزن تولد Birth Weight |
| 5447/866 | 5446.896 | 5455.192 | 5454.312 | 5444.946* | 5461.386 | وزن ۳ ماهگی 3 Month Weight |
| 7486.770 | 7485.474 | 7491.936 | 7491.076 | 7485.352* | 7512.078 | وزن ٦ ماهگی 6 Month Weight |
| 3827.116 | 3825.204 | 3828.976 | 3827.044 | 3823.200* | 3825.318 | وزن ۹ ماهگی 9 Month Weight |
| 3760.608 | 3758.736 | 3758.894 | 3757.066 | 3756.734 | 3738/414* | وزن یکسالگی Yearling Weight |

جدول ٤ مقادیر معیار آکایک حاصل از مدل‌های مختلف را در تجزیه و تحلیل صفات مورد مطالعه نشان می‌دهد. مناسبترین مدل برای هر صفت با علامت ستاره مشخص شده است. با توجه به مقادیر آکایک مدل‌های مختلف، مدل ٦ شامل اثرات ژنتیکی مستقیم، اثر محیطی دائمی و اثر ژنتیکی مادری مناسبترین مدل برای تجزیه و تحلیل صفت وزن تولد بود. مناسبترین مدل برای صفات وزن ۳ ماهگی، ٦ ماهگی و ۹ ماهگی مدل ۲ شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و اثر محیطی دائمی بود. برای صفت وزن یک‌سالگی مدل ۱ که فقط شامل اثر ژنتیکی مستقیم بود به عنوان مناسبترین مدل در نظر گرفته شد. جدول ٥ میزان تابعیت صفات مختلف از همخونی و افزایش همخونی فردی را پس از برازش مدل مناسب هرصفت نشان می‌دهد. ضرایب تابعیت صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی به ازای ۱ درصد افزایش همخونی به ترتیب ٦، ۲۳ – ، ٥۱ – ، ۱۷ – و ۱۱۹ – گرم برآورد گردید که این مقادیر از لحاظ آماری معنی‌دار نبود ($P>0.05$). عدم معنی‌داری ضریب تابعیت صفات مورد بررسی از افزایش همخونی در این تحقیق با نتایج قوی حسین‌زاده (۲۰۱۰) و همچنین درستکار و همکاران (۲۰۱۲) بر روی گوسفندان نژاد مغانی مطابقت دارد. قوی حسین‌زاده (۲۰۱۰) میزان تابعیت صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و

یک‌سالگی گوسفند مغانی از همخونی را به ترتیب ۹-، ۵۷+، ۷۹-، ٤٥- و ۱۵۹- گرم و غیر معنی‌دار برآورد کردند.

**جدول ۵- ضرایب تابعیت صفات مختلف از همخونی و افزایش همخونی فردی حیوان**

**Table 5- Regression coefficients of the traits on inbreeding and individual increase in inbreeding of the animal**

| صفت Trait | ضریب تابعیت Regression coefficient | |
|---|---|---|
| | همخونی Inbreeding (F) | افزایش همخونی فردی Individual increase in inbreeding ($\Delta F_i$) |
| وزن تولد Birth Weight | 0.006 ± 0.004 | 0.022 ± 0.019 |
| وزن ۳ ماهگی 3 Month Weight | -0.023 ± 0.018 | -0.044 ± 0.035 |
| وزن ٦ ماهگی 6 Month Weight | -0.051 ± 0.036 | -0.185 ± 0.133 |
| وزن ۹ ماهگی 9 Month Weight | -0.017 ± 0.021 | -0.111 ± 0.125 |
| وزن یکسالگی Yearling Weight | -0.119 ± 0.071 | -0.326 ± 0.230 |

درستکار و همکاران (۲۰۱۲) این ضرایب را برای گوسفندان مغانی به ترتیب ۵-، ٦-، ۷-، ۳۲- و ٦۷- گرم برآورد نمودند. تفاوت موجود بین ضرایب تابعیت بدست آمده در این تحقیق با نتایج این محققین را می‌توان ناشی از تفاوت در میزان سطح تکامل شجره حیوانات مورد استفاده جهت برآورد اثر همخونی دانست. ضریب تابعیت مثبت برای وزن تولد را می‌توان به وزن بالاتر دام‌های با همخونی بیشتر از ۱۰ درصد در مقایسه با دیگر دام‌ها نسبت داد که این روند در جدول ۳ قابل مشاهده می‌باشد. راشدی ده صحرایی و همکاران (۱۳۹۲) نیز ضریب تابعیت مثبت و غیر معنی‌دار ۵ گرم را به ازای ۱ درصد افزایش همخونی در گوسفند لری‌بختیاری گزارش کردند. با این وجود، دیگر محققین ضریب تابعیت منفی وزن تولد را به ازای افزایش همخونی در گوسفندان نژاد قره‌گل، ایران‌بلک، مهربان و زندی گزارش نموده‌اند (بحری و همکاران ۱۳۹۳، میرزامحمدی و همکاران ۱۳۹۲، یاوری فرد و همکاران ۲۰۱٤ و الماسی و همکاران ۱۳۹۳). نتایج متفاوتی از بررسی تاثیر همخونی بر صفات رشد گوسفند توسط محققین مختلف گزارش گردیده است. الماسی و همکاران (۱۳۹۳) ضریب تابعیت صفات وزن تولد، شیرگیری، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی را در گوسفند نژاد زندی به ترتیب ۳/٤۹ -، ٤۲/۲۰ -، ٦۰/۳۵ -، ٤۰/۷۰ - و ۷٦/۵۵ - گرم برآورد نمودند که از بین آنها تابعیت اوزان ۳، ٦ و ۱۲ ماهگی از همخونی معنی‌دار بود. راشدی ده‌صحرایی (۱۳۹۲) در گوسفند نژاد لری‌بختیاری ضریب تابعیت صفات فوق را از همخونی معنی‌دار و به ترتیب ۰/۵، ۱۰۹/۸ -، ۲۸۳/٦ -، ۱۹۳/۱ - و ۲۳٤ - گرم گزارش کردند. بحری و همکاران (۱۳۹۳) ضرائب فوق را در جمعیت گوسفندان نژاد قره‌گل با شاخص تکامل شجره بالای ۰/۳۵ به ترتیب ۵-، ۳۹-، ۱۱۷-، ۱٦۸- و ۱۷۰- گرم گزارش کردند که از میان صفات مورد بررسی ضریب تابعیت اوزان ٦، ۹ و ۱۲ ماهگی از همخونی معنی‌دار بود. در گوسفندان نژادهای خارج کشور نیز نوربرگ و سورنسن (۲۰۰۷) ضریب تابعیت صفت وزن تولد گوسفندان نژاد تگزل، شروپشایر و آکسفورد‌داون دانمارک را از همخونی به ترتیب ۱۱-، ۸- و ۸- گرم برآورد نمودند. سلواگی و

همکاران (۲۰۱۰) ضریب تابعیت وزن تولد و وزن شیرگیری گوسفندان نژاد لکسیز را از همخونی به ترتیب ۱۹- و ۳۱- گرم برآورد کردند. مک‌کینون و ناتر (۲۰۰۳) تفاوت در پاسخ به همخونی در نژادهای مختلف را با عواملی همچون تفاوت در آلل‌های در حال تفکیک تاثیرگذار بر صفات رشد در نژادهای مختلف، میزان تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت پایه، نحوه مدیریت ژنتیکی گله و تنوع حیوانات بنیانگذار در جمعیت تحت بررسی مرتبط دانست.

با توجه به نتایج جدول ۵، ضرایب تابعیت صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی به ازای ۱ درصد افزایش همخونی فردی به ترتیب ۲۲، ٤٤ -، ۱۸۵ - ، ۱۱۱ - و ۳۲٦ - گرم برآورد گردید. با اینکه تاثیر افزایش همخونی فردی نیز بر صفات مورد مطالعه غیر معنی‌دار بود، با این وجود میزان تابعیت صفات از افزایش همخونی فردی حیوان نسبت به ضریب همخونی بیشتر بود. به منظور تفسیر و درک بهتر تاثیر افزایش همخونی فردی بر صفات مورد مطالعه می‌توان با استفاده از رابطه افزایش همخونی فردی و ضریب همخونی، مقدار معادل ضریب همخونی فرد را محاسبه نمود (گنزالز و همکاران ۲۰۰۷ و سانتانا و همکاران ۲۰۱۱). بدین منظور مقدار افزایش همخونی فردی به همخونی یک حیوان با سطح تکامل شجره‌ای برابر با میانگین سطح تکامل شجره جمعیت تحت بررسی تبدیل می‌گردد. متوسط تعداد نسل‌های معادل کامل دام‌های دارای رکورد در این تحقیق ٤/٤۲ نسل بود. با در نظر گرفتن این مقدار از تعداد نسل‌های معادل کامل، ۱ درصد تغییر در افزایش همخونی فردی برابر با معادل ضریب همخونی ۳/۳۸ درصد خواهد بود. بنابراین با تقسیم مقادیر ضرایب تابعیت افزایش همخونی فردی به عدد ۳/۳۸، یک درصد تغییر در معادل ضریب همخونی فرد باعث تغییر ٦، ۱۳-، ۵۵-، ۳۳- و ۹٦- گرمی در صفات وزن تولد، ۳ ماهگی، ٦ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی خواهد شد.

گنزالز و همکاران (۲۰۰۷) از دو مدل که در یکی از آنها از ضریب همخونی به عنوان متغیر ثابت و در مدل دیگر از افزایش همخونی فردی به عنوان متغیر کمکی در مدل استفاده می‌گردید، جهت بررسی تاثیر همخونی بر صفات باروری و راحت‌زایی گاوهای شیری اسپانیا استفاده کردند. بر اساس نتایج این محققین استفاده از ضریب همخونی در مدل نسبت به معادل ضریب همخونی (بدست آمده از افزایش همخونی فردی) باعث برآوردهای پایین‌تر از حد واقعی برای پسروی همخونی در سطوح بالای همخونی گردیده بود. این محققین تحقیقات بیشتر در مورد استفاده از افزایش همخونی فردی را جهت برآورد پسروی همخونی در دام‌های اهلی پیشنهاد نمودند. سانتانا و همکاران (۲۰۱۱) از دو مدل که در آنها ضریب افزایش همخونی فردی و ضریب همخونی به عنوان متغیر کمکی در مدل استفاده گردیده بود، جهت برآورد تاثیر همخونی بر صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و شمار سلولهای سوماتیک گاوهای شیری استفاده کردند. بر اساس نتایج آن تحقیق، میزان پسروی ناشی از همخونی در هنگام استفاده از معادل ضریب همخونی (بدست آمده از افزایش همخونی فردی) در مدل نسبت به ضریب همخونی بیشتر بود. بطوریکه تابعیت صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و شمار سلولهای سوماتیک از همخونی به ترتیب ۱/۰۰۵-، ۰/۲۹۹-، ۰/۲٤٦- و ۰/۰۰۲- و تابعیت این صفات از میزان ضریب معادل همخونی (بدست آمده از افزایش همخونی فردی) بیشتر از مقادیر فوق الذکر و به ترتیب ٤/۲۸۷-، ۰/۵۸۱-، ۰/۳۸۳- و ۰/۰۰۷- بود.

پانتو و همکاران (۲۰۱۰) نیز از دو مدل شامل ضریب افزایش همخونی فردی و ضریب همخونی به عنوان متغیر کمکی جهت برآورد تاثیر همخونی بر صفات تولید شیر، سن اولین زایش و فاصله گوساله‌زایی گاوهای نژاد گازیرات استفاده کردند. بر اساس نتایج این محققین، استفاده از افزایش همخونی فردی در مدل از برآوردهای بالاتر از حد واقعی برای تاثیر همخونی، بخصوص در

حیوانات نسل‌های اخیر که در اثر تکامل شجره بیشتر مقدار همخونی بالاتری داشتند، جلوگیری می‌نمود. برخلاف تحقیقات فوق الذکر، در تحقیق حاضر تفاوت پسروی همخونی ناشی از ضریب همخونی و معادل ضریب همخونی در بین صفات تحت بررسی روند یکسانی نداشت. بر اساس نتایج تحقیق حاضر، تاثیر همخونی بر وزن تولد در گوسفند مغانی در هر دو مدل تقریبا با هم برابر بود. در صفات وزن ۳ ماهگی و وزن یکسالگی استفاده از معادل ضریب همخونی باعث کاهش پسروی ناشی از همخونی از ۲۳- به ۱۳- و ۱۱۹- به ۹۶- گرم گردیده است. در صفات وزن ٦ و ۹ ماهگی استفاده از معادل ضریب همخونی باعث افزایش پسروی ناشی از همخونی از ۵۱- به ۵۵- و از ۱۷- به ۳۳- گرم گردیده است. پاسخ متفاوت صفات به استفاده از معادل ضریب همخونی در این تحقیق، به ساختار متفاوت شجره دام‌های دارای رکورد در هر صفت که در میزان افزایش همخونی فردی و تعداد نسل‌های معادل کامل آنها منعکس گردیده، مربوط می‌گردد.

## نتیجه گیری

بر اساس نتایج این تحقیق آمیزش بین دام‌های خویشاوند باعث بوجود آمدن دام‌های همخون در گله شده است. وجود درصد بالایی از دام‌های غیرهمخون در گله به علت سطح تکامل شجره پایین این دام‌ها بوده و بررسی دام های با سطح تکامل شجره مطلوب نشان از آن دارد که بالغ بر ۷۵ درصد گله دارای همخونی غیر صفر می‌باشد. همچنین روند همخونی در این گله افزایشی بوده بطوریکه میانگین همخونی دام‌ها در هر نسل در حدود ۰/۱۲ درصد افزایش می‌یابد. البته این روند همخونی با استفاده از همه اطلاعات شجره برآورد گردیده است و با توجه به سطح تکامل شجره پایین برخی از دام‌ها روند واقعی میانگین همخونی دام‌ها می‌تواند بیشتر از این مقدار باشد. از این رو بکارگیری روش‌هایی جهت کنترل افزایش همخونی در گله، همچون متعادل سازی فرزندان متولد شده از قوچها، استفاده از تعداد بیشتری قوچ جهت تولید مثل در هر سال و استفاده از روش‌هایی همچون مشارکت بهینه والدین[1] توصیه می‌گردد. با توجه به نتایج این تحقیق از بین صفات مورد بررسی، میانگین وزن تولد و ۳ ماهگی دامهای با همخونی صفر تا ده درصد نسبت به دام‌های غیرهمخون کمتر بود که نشان از تاثیر بیشتر همخونی بر صفات رشد اوایل زندگی دام نسبت به دیگر صفات مرتبط با رشد در این نژاد دارد. با این وجود ضرایب تابعیت صفات از همخونی و افزایش همخونی فردی غیر معنی‌دار بود. در این تحقیق پاسخ پسروی ناشی از همخونی در صفات مختلف نسبت به بکارگیری افزایش همخونی فردی در مدل، روند یکسانی نداشت.

## منابع مورد استفاده


Afshari KP and Davoudi J, 2016. A simulation study of genetic trend of growth traits and inbreeding in Zandi sheep breed. Animal Science Researches 26: 69-79 (In Persian).

Akaike H, 1974. A New Look at the Statistical Model Identification. Springer, New York.

Almasi M, Rashidi A, Razmkabir M and Gholambabaeian M, 2014. Estimation of inbreeding coefficient and its effects on growth traits in Zandi sheep. Journal of Ruminant Research 2: 109-119 (In Persian).

Bahri Binabaj F, Faraji Arough H, Rokuei M, Jafari M and Sheikhlou M.R, 2015. Estimation of inbreeding depression on growth correlated traits in Karakul lambs. Journal of Ruminant Research 2: 137-156 (In Persian).

Berg P, Nielsen J and Sørensen MK, 2006. EVA: Realized and predicted optimal genetic contributions. Pp 27–29. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil.


[1] Optimum Contribution of Parents

Bijma P, 2000. Long-term genetic contributions: Predictions of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. PhD Thesis. Wageningen University - Netherlands.

Boichard D, Maignel L and Verrier É, 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetic Selection Evolution 29: 5–23.

Dorostkar M, Arough HF, Shodja J, Rafat SA, Rokouei M and Esfandyari H, 2012. Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. Journal of Agricultural Science and Technology 14: 549–556.

Falconer DS and Mackay TFC, 1996. Introduction to quantitative genetics. Longman, London.

FAO, 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans - management of small populations at risk. Rome, Italy.

Gholambabaeian M, Rashidi A, Razmkabir M and Mirzamohammadi M, 2012. Inbreeding coefficient estimate and its effects on preweaning traits in Moghani sheep. Proceedings of the 5th congrees of animal science. Esfehan, Iran (In Persian).

González-Recio O, López de Maturana E and Gutiérrez JP, 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. Journal of Dairy Science 90: 5744–5752.

Gutiérrez JP 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 JP, 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.

Hossein-zadeh NG, 2012. Inbreeding effects on body weight traits of Iranian Moghani sheep. Archiv Tierzucht 55: 171–178.

Huby M, Griffon L, Moureaux S, De Rochambeau H, Danchin-Burge C and Verrier E, 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. Genetic Selection Evolution 35: 637–55.

MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning DW and Parsons CJ, 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. Journal of Heredity 74:394–399.

Mackinnon KM and Notter DR, 2003. Analysis of inbreeding in a closed population of crossbred sheep. MSc Thesis, Virginia Polytechnic Institute and State University – USA.

Meuwissen T and Luo Z, 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genetic Selection Evolution 24: 305-310.

Meuwissen TH and Woolliams JA, 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theoretical Appllied Genetics 89:1019–1026.

Meyer K, 2006. WOMBAT: Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Proceedings of the 8th World Congress of Genetics Appllied to Livestock Production. Ottawa – Canada.

Mirzamohammadi E, Vatankhah M and Jafar M, 2013. Evaluation of inbreeding effects on preweaning traits and survival of lambs in Iran Black sheep. Animal Science Journal (Pajuhesh va Sazandeghi) 101: 62-70 (In Persian).

Mokhtari MS, Shahrbabak MM, Esmailizadeh AK, Shahrbabak HM and Gutierrez JP, 2014. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. Small Ruminant Research 116: 14–20.

Mottaghinia GH, Farhangfar H, and Jafari M, 2012. A study of inbreeding trend and its effect on wool weight of Baluchi sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad. Journal of Animal Science Researches 22: 121-129 (In Persian).

Naghavian S, Hasani S, Ahani Azar M, Khanahmad AR, Sagh DA and Mamizade NB, 2013. Genetic diversity in Shirvan Kordi sheep using microsatellite markers and compared to estimation of inbreeding coefficient using pedigree. Animal Science Researches 24: 93-105 (In Persian).

Norberg E, and Sørensen AC, 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. Journal of Animal Science 85: 299–304.

Panetto JCC, Gutiérrez JP, Ferraz JBS, Cunha DG and Golden BL, 2010. Assessment of inbreeding depression in a Guzerat dairy herd: effects of individual increase in inbreeding coefficients on production and reproduction. Journal of Dairy Science 93:4902–4912.

Prod'Homme P and Lauvergne JJ, 1993. The Merino Rambouillet flock in the national sheep fold in France. Small Ruminant Research 10: 303–315.

Rashedi Dehsahraei A, Fayazi J and Vatankhah M, 2013. Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. Journal of Ruminant Research 1: 65-78 (In Persian).

Rochambeau H de, Fournet-Hanocq F and Vu Tien Kang J, 2000. Measuring and managing genetic variability in small populations. Annals of Zootechnology 49:77–93.

Santana ML, Aspilcueta-Borquis RR, Bignardi AB, Albuquerque LG and Tonhati H, 2011. Population structure and effects of inbreeding on milk yield and quality of Murrah buffaloes. Journal of Dairy Science 94: 5204–5211.

Selvaggi M, Dario C, Peretti V, Ciotola F, Carnicella D and Dario M, 2010. Inbreeding depression in Leccese sheep. Small Ruminant Research 89: 42–6.

Sheikhlou M and Abbasi MA, 2016. Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. Small Ruminant Research 141:99–105.

Sheikhlou M and Bahri Binabaj F, 2015. Study of genetic variability of breeding flock of Moghani sheep using pedigree analysis. Proceedings of the 2th National Northern Animal and Poultry Congress. Gorgan, Iran (In Persian).

Sheikhlou M, Ahmadi M and Shahhoseini M, 2017. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Sangsari sheep. Journal of Research in Agriculture and Animal Science. 4: 25-31

Sørensen AC, Sørensen MK and Berg P, 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. Journal of Dairy Science 88: 1865–72.

Tahmoorespur M and Sheikhloo M, 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. Small Ruminant Research 99: 1-6.

Yavarifard R, Ghavi Hossein-Zadeh N and Shadparvar AA, 2014. Population genetic structure analysis and effect of inbreeding on body weights at different ages in Iranian Mehraban sheep. Journal of Animal Science and Technology 56:34-40.

Yeghanepour Z, Roshanfekr H, Fayazi J, Beiranvand M and Gaderzadeh M, 2015. Pedigree structure and effects of inbreeding depression on growth traits in native sheep of lorestan province. Iranian Journal of Animal Science Research 2: 199-207 (In Persian).

# Estimating effects of inbreeding and individual increase in inbreeding on growth traits of Moghani sheep

**S Ahmadi[1], M Sheikhlou[2*] and S Alijani[3]**

Received: November 8, 2017 Accepted: April 3, 2018

[1]MSc Student, Department of Animal Scienece, Ahar Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tabriz, Ahar, Iran
[2]Assistant Professor, Department of Animal Scienece , Ahar Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tabriz, Ahar, Iran
[3]Associate Professor, Department of Animal Scienece, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tabriz, Tabriz, Iran
[*]Corresponding author: MR.Sheikhlou@tabrizu.ac.ir

**Introduction:**The unavoidable mating of related animals in closed populations leads to accumulation of inbreeding and decreased genetic diversity. The loss of diversity and an increase in homozygosity may result in decreased productions and fitness of inbred animals. It is apparent that different breeds as well as different traits vary in their response to inbreeding (Mackinnon 2003). It is important to account for the effects of inbreeding in populations undergoing selection to properly adjust the breeding program for the potential reduction in performance. The objectives of this study were to estimate the inbreeding trend and inbreeding depression on growth traits of Iranian Moghani sheep.
**Materials and methods:** Pedigree records on the research flock of the Iranian Moghani sheep kept at the Jafarabad Breeding Station from 1990 to 2016 were used for analysis. The pedigree completeness index (PCI) proposed by MacCluer et al. (1983) was used to describe the degree of completeness of pedigree. In addition, for each individual, the number of complete generations equivalent (CGE) was computed as the sum of $(1/2)^n$, where n is the number of generations separating the individual to each known ancestor (Maignel et al. 1996). Inbreeding coefficient for all animals were estimated using the method of Meuwissen and Luo (1992). Average inbreeding coefficients per year were computed and annual increases in inbreeding were estimated by linear regression over time. Individual increase in inbreeding coefficients ($\Delta F_i$) was calculated according to the methodology described by González-Recio et al. (2007) and modified by Gutiérrez et al. (2009) as $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t_i-1]{1-F_i}$ , where $F_i$ is the inbreeding coefficient of individual i and $t_i$ is the number of known equivalent generations for this individual. The analyzed traits for estimating inbreeding depression were birth weight (BW), 3-month weight (3MW), 6-month weight (6MW), 9-month weight (9MW), and yearling weight (YW). For estimating the inbreeding depression, only animals with PCI > 0.6 were kept in all analyses. All animals were grouped into three classes: first class included non-inbred animals (F=0); second class included animals with $0<F\leq0.10$, and third class included animals with F>0.10. Then inbreeding included in the model as the categorical fixed effects. Also, in a separate analysis, inbreeding and individual increase in inbreeding were included in the model as a linear covariate.
**Results and discussion:** Proportion of animals with F=0, $0<F\leq0.10$ and F>0.10 in all population were 78%, 21%, and 1%, respectively. These proportions in animals with PCI>0.6 were 23%, 74% and 3%, respectively. Average inbreeding of all and inbred indivduals within the animals with PCI>0.6 were 1.00% and 1.32%, respectively. The rate of inbreeding is more important than estimated level of inbreeding in genetic management of the population (Falconer and Mackay 1996; Bijma 2000). The evolution of the mean inbreeding, pedigree completeness index (PCI), and complete generations equivalent (CGE) of animals across years of birth are given in Figure 1. Trend of inbreeding was more coincident with PCI than CGE. Such a discrepancies in the behavior of two index of pedigree completeness could be attributed to the differences in the computation methods. From the linear regressions estimated, the rate of inbreeding was 0.03% ($P < 0.01$) per year equal to

0.12% per generation in the studied period. This estimated rate of inbreeding was less than the critical levels (1% per generation) recommended by FAO (1998) and Bijma (2000). The estimated rate of inbreeding for Moghani sheep in this study was similar to those reported by Hossein-zadeh (2012) and Gholambabaeian et al. (2012) for this breed. Also it was close to values reported for Iranian Lori-Bakhtiari, Sangsari and Zandi sheep (Almasi et al. 2014; Rashedi Dehsahraei et al. 2013; Sheikhlou et al. 2017). Nevertheless, it was less than the estimates for the Iranian Karakul, Iran-Black and Baluchi sheep (Bahri et al. 2015; Mokhtari et al., 2014; Tahmoorespur and Sheikhlou 2011). This differences in inbreeding rate could be attributed to the differences in the pedigree completeness of animals and also to the low proportion of matings between relatives and better control of inbreeding in Moghani sheep. Table 3 shows the least square means for body weight traits in different inbreeding classes of animals. The mean BW and 3MW of animals in the second class was lower than non-inbred animals ($P<0.05$). However, means of the BW and 3MW of animals in third class were higher than the second class. In other words, some of the heavy animals were between the highly inbred animals. Similar to our results, Prod'Homme and Lauvergne (1993) reported increased prolificacy with increasing inbreeding. They concluded that the positive effects of selection and improved management on prolificacy were larger than the negative effect of inbreeding. However, it should be kept in mind that the low proportion of animals in the third class of inbreeding in this study may also have contributed to these results. According to the Table 3, means of the 6MW, 9MW and YW have decreased with increasing in inbreeding, but the differences between inbreeding classes were not significant. The regression coefficients of BW, 3MW, 6MW, 9MW and YW on inbreeding were 0.006, -0.023, -0.051, -0.017 and -0.119 and on individual increase in inbreeding were 0.022, -0.044, -0.185, -0.111 and -0.326, respectively and were not significant ($P>0.05$). Converting individual increase in inbreeding coefficients to the equivalent inbreeding for an animal with an average depth of pedigree resulted in inbreeding depression of 6, -13, -55, -33, and -96 gram in BW, 3MW, 6MW, 9MW and YW, respectively.

**Conclusion:** Considering the results obtained in this study, large proportion of animals in this flock with good pedigree completeness were inbred. Thus, implementation of methods to control inbreeding in this flock are suggested to achieve desired genetic gain with minimum loos of genetic diversity in the future. It seems that preweaning traits (BW and 3MW) is more affected by inbreeding rather than other growth traits in this breed. In this study the pattern of the changes in inbreeding depression due to using individual increase in inbreeding in the model were not the same across the different body weight traits.

**Keywords:** Growth traits, Inbreeding depression, Individual increase in inbreeding, Moghani sheep