



دانشگاه گیلان

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد نهم، شماره چهارم، ۱۳۹۷

<http://ejrr.gau.ac.ir>

تجزیه و تحلیل همخونی در گوسفند نژاد قره گل: ضرایب همخونی جزئی، همخونی اجدادی بالو و همخونی اجدادی کالینفسکی

* محمدرضا شیخلو^۱، سعیده صادقی^۲، فاطمه بحری بیناباج^۳

^۱استادیار و ^۲دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی اهر، دانشگاه تبریز، ^۳استادیار گروه علوم دامی

دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

تاریخ دریافت: ۹۷/۶/۱۰؛ تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۰/۲۲

چکیده

سابقه و هدف: به افزایش میزان هموزیگوسیتی در نتاج حاصل از آمیزش بین افرادی که دارای جد مشترک بوده و یا از نظر ژنتیکی با یکدیگر خویشاوند هستند همخونی اطلاق می شود. مهمترین اثر همخونی کاهش در عملکرد صفات اقتصادی حیوانات می باشد که از آن به عنوان پسروی ناشی از همخونی یاد می شود و میزان آن در بین صفات و جمعیت های مختلف یکسان نمی باشد. تحقیقات اخیر نشان داده است که میزان پسروی همخونی در بین نواذگان حاصل از اجداد مختلف نیز متغیر می باشد. وقتی توزیع آلل های مغلوب نامطلوب بین حیوانات بنیانگذار یک جمعیت نامتوازن باشد، میزان پسروی همخونی مشاهده شده در بین نواذگان آنها نیز می تواند با هم متفاوت باشد. علاوه بر این، اثرات مضر همخونی می تواند در اثر پالایش ژنتیکی آلل های مغلوب از طریق انتخاب بر علیه ژنوتیپ های هموزیگوت مغلوب در نسل های پیشین کاهش یابد. برآورد ضریب همخونی جزئی و ضریب همخونی اجدادی امکان بررسی توزیع متوازن آلل های مغلوب در ژنوم حیوانات بنیانگذار و وقوع پالایش ژنتیکی در جمعیت را امکان پذیر می سازد. هدف از انجام تحقیق حاضر برآورد ضرایب همخونی رایت، همخونی جزئی، همخونی اجدادی بالو و همخونی اجدادی کالینفسکی در گله اصلاح نژادی گوسفند قره گل بود.

مواد و روش ها: در این تحقیق از فایل شجره گله اصلاح نژادی گوسفند قره گل که حاوی ۷۴۷۷ رکورد شجره جمع آوری شده در طی سال های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۳ بود جهت برآورد ضرایب همخونی، همخونی جزئی و همخونی اجدادی دامها استفاده گردید. جهت بررسی کیفیت شجره، شاخص تکامل شجره دامها محاسبه گردید. حیوانات متولد شده در ۴ سال آخر فایل شجره با شاخص تکامل شجره بالای ۰/۶ به عنوان جمعیت مرجع جهت تجزیه همخونی به همخونی جزئی حاصل از حیوانات بنیانگذار جمعیت در نظر گرفته شدند. همخونی اجدادی بالو برای همه افراد جمعیت برآورد گردید. همچنین همخونی دامها به دو بخش همخونی جدید و همخونی اجدادی کالینفسکی تجزیه گردید. برای برآورد ضرایب همخونی جزئی، همخونی اجدادی بالو و همخونی اجدادی کالینفسکی از نرم افزار Grain نسخه ۱/۰ استفاده گردید.

یافته ها: میانگین ضریب همخونی رایت در دام های کل جمعیت و دام های جمعیت مرجع به ترتیب ۰/۸۵ و ۱/۳۶ درصد بود. ۱۰۸ فرد از ۲۸۰ فرد بنیانگذار جمعیت مرجع (۳۸٪) در ضریب همخونی جمعیت مرجع مشارکت مثبت داشته اند. میانگین و انحراف معیار ضریب همخونی جزئی این ۱۰۸ رأس به ترتیب ۵/۱۹ و ۷/۳۷ درصد بود. بخش زیادی از کل ضریب همخونی جمعیت

* نویسنده مسئول: mr.sheikhlo@tabrizu.ac.ir

مرجع یعنی ۴۲ و ۶۶ درصد آن به ترتیب توسط ۱۰ و ۲۵ فرد بنیانگذار با بیشترین مشارکت در همخونی این جمعیت تبیین گردید. میانگین همخونی اجدادی بالو در کل جمعیت و افراد جمعیت مرجع به ترتیب ۱/۱۷ و ۲/۱۲ درصد بود. مقدار ضریب همخونی اجدادی بالو برای اکثر افراد همخون جمعیت مثبت بود. میزان همخونی اجدادی کالینفسکی دامها پایین و میانگین آن در جمعیت برابر با ۰/۰۷ درصد بود. همخونی اجدادی موجود در این جمعیت بیشتر با تعریف بالو برای همخونی اجدادی منطبق بود. همبستگی ضریب همخونی رایت با ضرائب همخونی بالو، کالینفسکی و جدید به ترتیب ۰/۱، ۰/۳۷ و ۰/۹۹ بود ($P < 0/01$).

نتیجه گیری: بر اساس نتایج این تحقیق، ضریب همخونی اجدادی بالو در دامهای این گله روند افزایشی داشته است که می تواند در نتیجه پدیده پالایش ژنتیکی آلل های مغلوب در این جمعیت باشد. از این رو جهت بررسی وقوع پالایش ژنتیکی آلل های مغلوب در این جمعیت، برآورد تاثیر همخونی اجدادی بر صفات تولیدی و تولید مثلی در این گله پیشنهاد می گردد. همچنین می توان با استفاده از ضرائب همخونی جزئی محاسبه شده، سهم هر کدام از حیوانات بنیانگذار را در میزان پسروی همخونی مشاهده شده تعیین نمود. از سوی دیگر این ضرائب همخونی جزئی می تواند به شناسایی حیوانات بنیانگذار حامل ژنهای نامطلوب کمک نماید. این اطلاعات می تواند در برنامه های آمیزشی گله در جهت طراحی تلاقی ها مورد استفاده قرار گیرد، به طوری که بره های حاصل، دارای مقادیر کمتری از ضریب همخونی جزئی حاصل از حیوانات حامل ژنهای نامطلوب و یا حیواناتی با بیشترین مشارکت بر پسروی همخونی باشند.

واژه های کلیدی: ضریب همخونی جزئی، ضریب همخونی اجدادی، پالایش ژنتیکی، گوسفند قره گل

مقدمه

می تواند متوازن نباشد (بالو، ۱۹۹۷؛ گالیسیجا و همکاران، ۲۰۰۶). در چنین شرایطی باید ناهمگنی تاثیر همخونی حاصل از حیوانات بنیانگذار مختلف را با برآورد ضریب همخونی جزئی^۵ حیوانات، در برنامه های اصلاح نژادی مد نظر قرار داد (کاسلز و همکاران، ۲۰۰۹؛ ناچی و همکاران، ۲۰۱۰). ضریب همخونی جزئی عبارتست از احتمال اینکه یک آلل به ارث رسیده از یک حیوان بنیانگذار مشخص در یک فرد به صورت هموزیگوت در یک جایگاه ژنی قرار گرفته باشد. مجموع ضرایب همخونی جزئی محاسبه شده برای تمام حیوانات بنیانگذار برابر با ضریب همخونی رایت محاسبه شده برای یک فرد خواهد بود (ناچی و همکاران، ۲۰۱۰).

یکی دیگر از پدیده های موثر بر عملکرد حیوانات همخون، پالایش ژنتیکی^۶ می باشد. پالایش ژنتیکی

بر اساس تعریف رایت (۱۹۲۲) همخونی عبارتست از اتحاد یک جفت گامت با منشاء ژنتیکی مشابه که به احتمال چنین ترکیبی نیز ضریب همخونی گفته می شود. در صورت وجود اطلاعات حاصل از توالی یابی ژنوم، ضریب همخونی ژنومیک را می توان با اندازه گیری قطعات به هم پیوسته ژنوتیپ هموزیگوت^۲ در ژنوم که از والدین به فرزندان خود انتقال یافته برآورد نمود (کاریک و همکاران، ۲۰۱۴). همخونی از آمیزش بین حیوانات خویشاوند ناشی می شود. این نوع از آمیزش ها با افزایش فراوانی ژنوتیپ های هموزیگوت، باعث کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت می گردند (فالکونر و مک کی، ۱۹۹۶). تحقیقات اخیر نشان داده است که توارث آلل های مغلوب نامطلوب^۳ به حیوانات بنیانگذار^۴ یک جمعیت

5. Partial Inbreeding coefficient
6. Genetic Purging

1. Runs of homozygosity
3. Recessive genetic load
4. Founders

(۱۹۹۷) از این ضریب جهت بررسی وقوع پالایش آلل‌های نامطلوب^۷ از جمعیت در اثر بروز آن‌ها به واسطه همخونی استفاده نمود. بر اساس ایده بالو، اگر آلل‌های مغلوبی که بواسطه همخونی در نسل‌های گذشته هموزیگوت گشته و اثر آنها تظاهر یافته است در اثر انتخاب (طبیعی و مصنوعی) از جمعیت حذف شده و آلل‌های مطلوب در جمعیت باقی مانده باشند، افت ناشی از همخونی به مرور زمان و با افزایش همخونی اجدادی افراد کاهش خواهد یافت. در سطح جمعیت نیز انتظار می‌رود جمعیت‌هایی با سطح همخونی برابر ولی با ضریب همخونی اجدادی متفاوت پسروری همخونی متفاوتی را در مورد صفات اقتصادی دام‌ها از خود نشان دهند. به عبارت دیگر جمعیت‌هایی با میانگین ضریب همخونی اجدادی بیشتر، حامل تعداد کمتری از ژن‌های مغلوب نامطلوب در اثر وقوع پالایش ژنتیکی خواهند بود.

تعریف دیگر برای ضریب همخونی اجدادی توسط کالینفسکی (۲۰۰۰) ارائه گردیده است. طبق تعریف کالینفسکی (۲۰۰۰) جایگاه‌هایی در سطح ژنوم که برای اولین بار حاوی یک جفت آلل مشابه نسبی هموزیگوت هستند، همخونی جدید را تشکیل می‌دهند و آن جایگاه‌هایی که حاوی آلل‌های مشابه نسبی هستند ولی در گذشته نیز همین وضعیت را تجربه نموده‌اند، به عنوان همخونی اجدادی کالینفسکی طبقه‌بندی می‌گردند. بنابراین ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی نشان دهنده نسبت تجمعی ژنوم فرد است که آلل‌های آن، هم در حال حاضر بصورت مشابه نسبی هموزیگوت هستند و هم در گذشته حداقل یکبار چنین وضعیتی را تجربه کرده‌اند (روس و همکاران، ۲۰۱۵). ضریب همخونی جدید نیز از کسر ضریب همخونی کالینفسکی از ضریب همخونی رایب برای یک فرد قابل برآورد

زمانی اتفاق می‌افتد که چه در اثر انتخاب طبیعی و چه در اثر انتخاب مصنوعی، حیوانات همخون با عملکرد خوب به عنوان والدین نسل بعد انتخاب می‌گردند و این در حالی است که حیوانات همخون با عملکرد ضعیف از جمعیت حذف می‌شوند (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹). بدین ترتیب توارث آلل‌های مغلوب در جمعیت تا جایی کاهش می‌یابد که دیگر افتی در عملکرد صفات حیوانات همخون در مقایسه با حیوانات غیر همخون مشاهده نمی‌گردد. این امر باعث بوجود آمدن اریبی در برآورد تابعیت صفات از همخونی گردیده و میزان پسروری همخونی برآورد شده به سمت صفر میل می‌کند (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹؛ هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵؛ هدریک و گارسیادورادو ۲۰۱۶). به عبارت دیگر پالایش ژنتیکی از طریق حذف حیوانات دارای ژنوتیپ هموزیگوت مغلوب، باعث کاهش فراوانی آلل‌های مغلوب در جمعیت شده و توارث آلل‌های مغلوب نامطلوب در بین نسل‌ها را کاهش می‌دهد. وقوع پالایش ژنتیکی در گاوهای هلشتاین فریزین کشورهای ایرلند و آلمان گزارش شده است و از آن برای مدیریت تنوع ژنتیکی گونه‌های تحت انقراض نیز استفاده شده است (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹؛ هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵؛ مورنو و همکاران، ۲۰۱۵). یکی از روش‌های بررسی میزان وقوع پالایش ژنتیکی و تاثیر آن بر توارث آلل‌های مغلوب در یک جمعیت، استفاده از ضریب همخونی اجدادی می‌باشد. بر اساس تعریف بالو (۱۹۹۷) ضریب همخونی اجدادی عبارتست از نسبت تجمعی ژنوم فرد که قبلاً در اجداد آن فرد در معرض همخونی بوده است. به عبارت دیگر ضریب همخونی اجدادی بالو عبارتست از احتمال اینکه هر یک از آلل‌های یک فرد حداقل برای یکبار در طی نسل‌های پیشین با همان آلل در حالت هموزیگوت در کنار هم قرار گرفته باشند. بالو

7. Purgng of deleterious alleles

می‌باشد. تحقیقات مختلفی در زمینه بررسی میزان همخونی و روند آن در نژادهای مختلف گوسفند داخل کشور انجام شده است. با این وجود هیچ گونه تحقیقی مبنی بر تجزیه و تحلیل همخونی و برآورد میزان ضرایب همخونی جزئی و اجدادی در گله‌های اصلاح نژادی گوسفندان داخل کشور صورت نگرفته است. هدف از تحقیق حاضر بررسی ضرایب همخونی رایت، همخونی جزئی، همخونی اجدادی بالو و همخونی اجدادی کالینفسکی و روند آنها در گله اصلاح نژادی گوسفند قره‌گل بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات ثبت شده در مرکز اصلاح نژاد گوسفند قره‌گل جهت تجزیه و تحلیل شجره و برآورد پارامترهای مورد نظر استفاده گردید. گوسفند قره‌گل یکی از قدیمی ترین نژادهای اهلی شده گوسفند است. این نژاد نام خود را از Karakul به معنی دریاچه سیاه (نام روستایی در اطراف بخارا) گرفته است و غالباً به نام بره ایرانی^۱ شناخته می‌شود. زادگاه این نژاد آسیای مرکزی و غربی است. در ایران پرورش قره‌گل در فارس، قم، ورامین و به صورت عمده در شمال شرقی استان خراسان در شهرستان سرخس معمول است. قره‌گل به آب و هوای کوبیری خو یافته و در مناطق کم باران و حتی با تغییرات زیاد دما در طول شب و روز و یا فصول مختلف سال به خوبی توانایی پرورش دارد. این گوسفند علاوه بر تولید پشم، گوشت و شیر، از محصول با ارزشی به نام پوست بره قره‌گل نیز برخوردار است و شهرت جهانی قره‌گل به خاطر زیبایی و ابریشمین بودن پوست بره های این نژاد است. تنوع رنگ پشم این گوسفندان از قهوه‌ای تا خاکستری را در بر می‌گیرد.

ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره‌گل در جنوب شهر مرزی سرخس و در فاصله ۶ کیلومتری آن قرار دارد. تغذیه دامها در این گله به صورت چرای نیمه آزاد صورت می‌گیرد. مدیریت ژنتیکی گله به صورت هسته بسته^۲ می‌باشد. همه ساله جفتگیری میش‌ها و قوچ‌های انتخاب شده از اواسط مرداد ماه شروع و تا اوایل مهرماه به صورت کنترل شده ادامه می‌یابد. در فصل جفتگیری ابتدا میش‌های فحل با استفاده از قوچ‌های فحل یاب شناسایی می‌شوند. سپس میش‌های فحل از گله جدا شده و در گروه‌های مجزا که قوچ آن از قبل انتخاب شده است توزیع می‌شوند.

فایل مورد استفاده در این تحقیق حاوی ۷۴۷۷ رکورد شجره جمع‌آوری شده در طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۳ بود که از آن جهت برآورد ضرایب همخونی رایت، همخونی جزئی و همخونی اجدادی دام‌ها استفاده گردید. فایل شجره از نظر وجود خطاهای احتمالی مورد بررسی قرار گرفته و خطاهایی همچون خطا در ثبت تاریخ تولد حیوانات، خطا در ثبت جنسیت حیوانات و عدم ثبت حیوانات جمعیت پایه با بررسی دقیق شجره و برنامه‌نویسی در محیط نرم‌افزار Excel نسخه ۲۰۱۳ و همچنین با استفاده از نرم‌افزار Visual Foxpro نسخه ۲/۶ 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. کیفیت اطلاعات موجود در شجره به هنگام تفسیر نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل شجره اهمیت زیادی دارد. هر چه شجره از عمق و ژرفای بیشتری برخوردار باشد احتمال یافتن جد مشترک برای افراد نسل کنونی بیشتر شده و در نتیجه فراسنجه‌های

برآورد شده از صحت و اطمینان بالاتری برخوردار خواهند بود (استاکویچ و همکاران، ۲۰۱۱). از این رو جهت بررسی کیفیت شجره، شاخص تکامل شجره با استفاده از رابطه زیر برای هر یک از دامها برآورد گردید (مک کلار و همکاران، ۱۹۸۳).

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

که در این رابطه C_{sire} و C_{dam} به ترتیب میزان مشارکت خطوط پدری و مادری بوده و مقدار آن از رابطه زیر بدست می آید:

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

که در این فرمول، a_i نشان دهنده میزان والدین معلوم در نسل i و d نشان دهنده تعداد نسل‌های در نظر گرفته شده در محاسبه شاخص تکامل شجره می باشد در این تحقیق d برابر با ۵ در نظر گرفته شد. ضریب همخونی کلاسیک یا رایت برای همه دامهای موجود در فایل شجره محاسبه گردید. همچنین ضریب همبثاری^{۱۰} بین همه دامها برآورد گردید. حیوانات متولد شده در ۴ سال آخر فایل شجره با شاخص تکامل شجره بالای ۰/۶ به عنوان جمعیت مرجع و نشان دهنده مخزن ژنتیکی نسل اخیر جمعیت در نظر گرفته شده و همخونی دامهای این جمعیت به همخونی جزئی حاصل از حیوانات بنیانگذار جمعیت تجزیه گردید. علت انتخاب چهار سال، فاصله نسلی حدود چهار ساله در این نژاد بود.

ضریب همخونی جزئی عبارت است از احتمال اینکه یک آلل به ارث رسیده از یک حیوان بنیانگذار مشخص در یک فرد به صورت هموزیگوت در یک جایگاه ژنی قرار گرفته باشد. مجموع همخونی جزئی محاسبه شده برای تمام حیوانات بنیانگذار برابر با همخونی رایت محاسبه شده برای یک فرد خواهد بود (ناقوی و همکاران، ۲۰۱۰). حیوانات بنیانگذار جمعیت

جمعیت مرجع داشتند مورد بررسی قرار گرفت. ضریب همخونی اجدادی بالو برای تمام افراد شجره با استفاده از رابطه زیر برآورد گردید:

$$f_{a_{BAL}} = [f_{a(s)} + (1 - f_{a(s)})f_s + f_{a(d)} + (1 - f_{a(d)})f_d] / 2$$

که در آن:

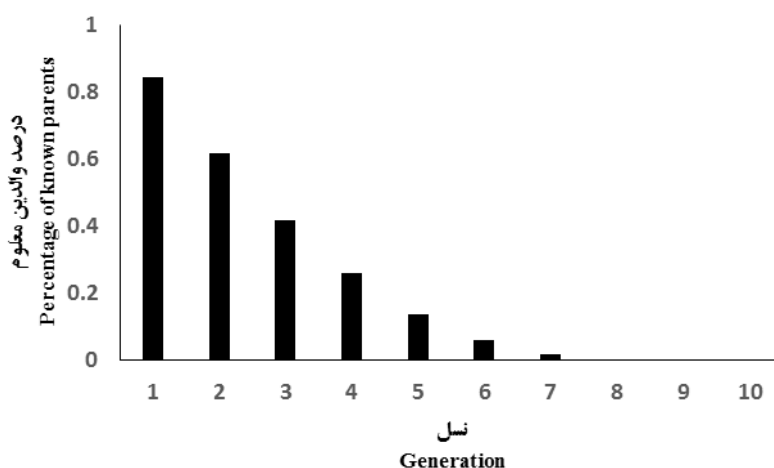
$f_{a_{BAL}}$ ضریب همخونی اجدادی بالو برای یک فرد، f_s ضریب همخونی کلاسیک پدر فرد و f_d ضریب همخونی کلاسیک مادر فرد می باشد (بالو، ۱۹۹۷).

بر اساس تعریف ارائه شده توسط کالینفسکی (۲۰۰۰) همخونی کلاسیک یا رایت به دو بخش همخونی جدید و قدیم تقسیم گردید. بهترین روش برآورد ضرایب همخونی جزئی و همخونی اجدادی، استفاده از روش شبیه سازی کامپیوتری و تکنیک ژن دراپینگ^{۱۱} می باشد. اگرچه میانگین توزیع فراوانی ژنی یک فرد از جمعیت پایه در جمعیت کنونی باید مطابق با سهم ژنتیکی محاسبه شده از طریق آنالیز شجره باشد، ولی احتمال انقراض آللهای هر فرد از جمعیت پایه فقط می تواند با استفاده از دراپ کردن ژنها از طریق شبیه سازی حاصل شود (بائومونگ و همکاران، ۲۰۱۵). دراپ کردن ژنها یک روش شبیه سازی است

نتایج و بحث

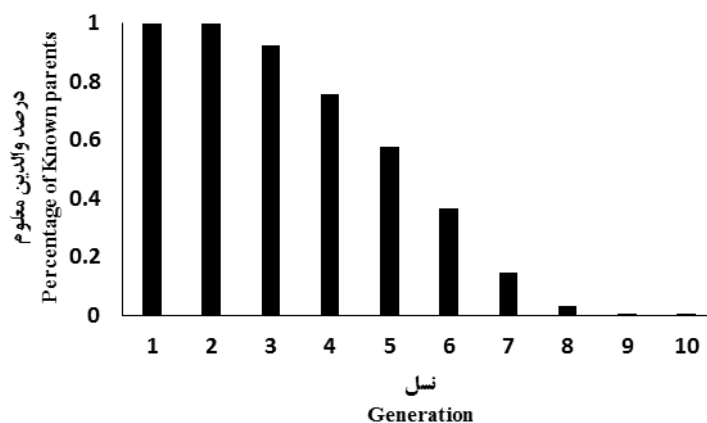
شکل ۱ سطح تکامل شجره را به صورت درصد و تعداد حیوانات با پدر و مادر معلوم در هر نسل برای کل حیوانات موجود در فایل شجره نشان می‌دهد. ۸۴/۵۶ درصد از کل حیوانات موجود در شجره دارای پدر و مادر معلوم بودند. ۶۲/۰۱ درصد از حیوانات موجود در فایل شجره دارای پدر بزرگ و مادر بزرگ معلوم بودند. این مقادیر در نسل‌های بعدی به تدریج کاهش یافت به طوری که تنها ۲ درصد از حیوانات تا نسل هفتم دارای اجداد معلوم بودند. هر چقدر تعداد نسل‌های مورد بررسی افزایش یابد، می‌توان انتظار داشت درصد حیوانات با والدین معلوم روند کاهشی داشته باشد تا جایی که این درصد به مقدار صفر برسد. شکل ۲ سطح تکامل شجره به صورت درصد حیوانات با پدر و مادر معلوم در هر نسل را فقط برای حیوانات جمعیت مرجع نشان می‌دهد. با توجه به شکل ۲، سطح تکامل شجره در اولین و دومین نسل اجداد جمعیت مرجع ۱۰۰ درصد می‌باشد. به بیان دیگر تمامی حیوانات در این دو نسل دارای والدین مشخصی هستند و در سومین نسل این مقدار به ۹۲/۵۱ درصد رسیده است. تعداد والدین معلوم افراد جمعیت مرجع نیز به تدریج در نسل‌های دورتر کاهش می‌یابد. ۱۴ درصد از افراد جمعیت مرجع تا نسل هفتم شجره خود دارای اجداد معلوم بودند. با توجه به شکل ۲، جمعیت مرجع انتخاب شده در این تحقیق از سطح تکامل مناسبی جهت برآورد فراسنجه‌های مورد بررسی برخوردار می‌باشد، به طوری که میانگین شاخص تکامل شجره دام‌های جمعیت مرجع ۷۱ درصد بود.

که در آن دو آلل متفاوت به هر یک از افراد جمعیت پایه اختصاص داده می‌شود و سپس با استفاده از قانون تفرق مندلی برای کلیه نوادگان آن فرد در شجره یک ژنوتیپ تولید می‌شود (ساوانلی و همکاران، ۲۰۰۶). سپس نسبت جایگاه‌های هموزیگوت مشابه نسبی به کل جایگاه‌های یک فرد به‌عنوان ضریب همخونی آن فرد در نظر گرفته می‌شود. لازم به ذکر است که دراپ ژن‌ها با چندین هزار تکرار انجام می‌پذیرد و این نسبت برای کلیه تکرارها محاسبه می‌گردد. در این روش فرض می‌شود انحراف از تفرق مندلی (احتمال انتقال ۵۰ درصد برای هر آلل) و جهش وجود ندارد (مک کلار و همکاران، ۱۹۸۳ و ملکا و همکاران، ۲۰۱۶). در این تحقیق برای محاسبه ضریب همخونی جزئی، همخونی اجدادی بالو و همخونی اجدادی کالینفسکی از نرم افزار Grain نسخه ۱/۰ استفاده گردید (بائومونگ و همکاران، ۲۰۱۵). این نرم افزار جهت برآورد این فراسنجه‌ها از تکنیک ژن‌دراپینگ استفاده می‌نماید. در این تحقیق میزان تکرار ژن‌دراپینگ جهت برآورد فراسنجه‌های مشتق شده از همخونی، 10^6 یا یک میلیون تکرار در نظر گرفته شد. جهت مقایسه ضریب همخونی برآورد شده با استفاده از روش ژن‌دراپینگ با ضریب همخونی حاصل از الگوریتم موویسن و لو (۱۹۹۲)، همخونی همه دام‌ها با استفاده از نرم‌افزار Endog نسخه ۴/۸ (گوتیرز و گویاچ، ۲۰۰۵) مجدداً برآورد گردید که برآوردهای حاصل از دو روش کاملاً مشابه بود. همبستگی بین ضرایب همخونی اجدادی بالو، کالینفسکی و همخونی رایت با استفاده از رویه Corr نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ برآورد گردید.



شکل ۱- درصد حیوانات دارای والدین معلوم در هر نسل برای کل حیوانات موجود در فایل شجره

Figure 1. Percent of animals with known parents in each generation for all animals in the pedigree file



شکل ۲- درصد حیوانات دارای والدین معلوم در هر نسل برای حیوانات جمعیت مرجع

Figure 2. Percent of animals with known parents in each generation for animals in the reference population

جدول ۱- میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت و جمعیت مرجع

Table 1. Mean inbreeding in the whole and reference populations

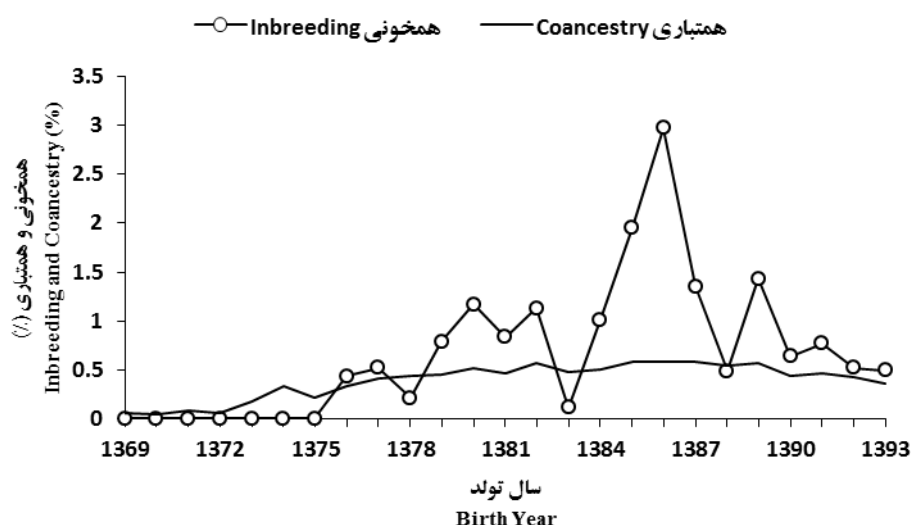
جمعیت مرجع Reference population			کل جمعیت Whole population				
ماده‌ها Females	نرها Males	کل Total	ماده‌ها Females	نرها Males	کل Total		
196	213	409	4621	3699	8320	Number of animals	تعداد دام‌ها
177	196	373	794	832	1626	Number of inbred animals	تعداد دام‌های همخون
90.30	92.01	91.19	17.18	22.49	19.54	Percent of inbred animals	درصد دام‌های همخون
0.012	0.012	0.012	0.012	0.012	0.012	Minimum inbreeding (%)	حداقل همخوانی (%)
25.4	16.43	25.4	31.2	31.2	31.2	Maximum Inbreeding (%)	حداکثر همخوانی (%)
1.41	1.31	1.36	0.76	0.96	0.85	Mean inbreeding (%)	میانگین همخوانی (%)
1.57	1.42	1.49	4.46	4.28	4.37		میانگین همخوانی دام‌های همخون (%)
						Mean inbreeding of inbred animals (%)	

معرف عملکرد واقعی برنامه آمیزی و اصلاح نژادی بکار رفته در این مرکز از نظر تولید دام‌های همخون باشد.

روند تغییرات میانگین ضریب همخونی دامها و میانگین ضریب همبستگی بین همه دامها در طول سال‌های مورد مطالعه در شکل ۳ نشان داده شده است. میانگین همخونی دامها در سال‌های اولیه به علت نبود اطلاعات شجره‌ای کافی صفر می‌باشد. با این وجود، از آنجا که در برآورد میانگین ضریب همبستگی، تمام آمیزش‌های فرضی بین دامها مد نظر قرار می‌گیرند، مقدار عددی میانگین ضریب همبستگی دامها در سال‌های اولیه بیشتر از مقدار همخونی و عددی بالاتر از صفر می‌باشد. با گذشت زمان و افزایش سطح تکامل شجره امکان یافتن جد مشترک و برآورد همخونی افراد متولد شده در هر سال فراهم گشته و میانگین ضریب همخونی دامها افزایش یافته است. میانگین ضریب همبستگی دامها پیش‌بینی کننده میانگین ضریب همخونی آینده دامها در صورت آمیزش تصادفی می‌باشد. با توجه به شکل ۳ در اکثر سال‌های مورد بررسی، میانگین ضریب همخونی دامها بیشتر از میانگین ضریب همبستگی دامها می‌باشد. بدین ترتیب ضریب همبستگی والدینی که برای تولید مثل از آنها استفاده شده است بیشتر از میانگین ضریب همبستگی بین همه دامها بوده است و در نتیجه مقدار همخونی ایجاد شده بیشتر از حالت آمیزش تصادفی بوده است. علت این وضعیت می‌تواند برنامه‌های اصلاح نژادی بکاررفته در این مرکز و استفاده از دام‌های خویشاوند جهت تولید نسل بعد باشد.

مقادیر همخونی در کل دام‌های جمعیت مورد مطالعه و همچنین در افراد جمعیت مرجع در جدول ۱ ارائه شده است. بالاترین مقدار همخونی در کل جمعیت و جمعیت مرجع به ترتیب $31/2$ و $25/4$ درصد و کمترین میزان نیز در هر دو جمعیت $0/012$ درصد بود.

توزیع ضرایب همخونی جمعیت مورد مطالعه نشان داد که از کل افراد موجود در شجره، $19/54$ درصد افراد همخون بوده‌اند. بعبارت دیگر $80/46$ درصد افراد این جمعیت غیر همخون می‌باشند. دلیل پایین بودن درصد افراد همخون در کل جمعیت می‌تواند به عواملی همچون سطح پایین میانگین همبستگی کل جمعیت در سال‌های اولیه تشکیل گله، کنترل آمیزش‌ها و جلوگیری از آمیزش حیوانات با خویشاوندی نزدیک و همچنین سطح تکامل شجره پایین برخی دامها بخصوص دام‌های متولد شده در سال‌های اولیه فایل شجره مربوط گردد. با این وجود، در جمعیت مرجع که حیوانات متولد شده در ۴ سال آخر فایل شجره با شاخص تکامل شجره بالای $0/6$ را شامل می‌گردد، $91/19$ درصد از افراد، همخون بودند و تنها $8/81$ درصد از افراد غیر همخون بودند. درصد بالای افراد همخون در نسل‌های اخیر گله می‌تواند به علت بالا رفتن میانگین همبستگی حیوانات گله در اثر بسته و کوچک بودن جمعیت و عدم امکان اجتناب از آمیزش دامهای خویشاوند و انتخاب شدید حیوانات ممتاز باشد. با توجه به سطح تکامل شجره قابل قبول دام‌های موجود در جمعیت مرجع، نسبت افراد همخون برآورد شده در جمعیت مرجع می‌تواند



شکل ۳- روند میانگین ضریب همخونی و ضریب همتباری کل دامها در طول سال‌های مورد مطالعه

Figure 3. Trends of mean inbreeding and coancestry coefficients of all animals during the studied years

۱۲۱ آمیزش والد - فرزند باعث بوجود آمدن ۲۵۷ رأس حیوان با همخونی بالا در کل جمعیت شده است. این در حالی است که در جمعیت مرجع، تعداد کل دامهای حاصل از این گونه آمیزش‌ها ۹ رأس می‌باشد.

بحری و همکاران (۱۳۹۳) میانگین همخونی جمعیت در نژاد قره‌گل را ۱/۵۹ درصد گزارش کردند که نسبت به میانگین بدست آمده در تحقیق حاضر (۰/۸۵) بیشتر بود. این تفاوت در میانگین همخونی می‌تواند به تفاوت در جمعیت انتخاب شده برای برآورد همخونی و الگوریتم مورد استفاده جهت برآورد همخونی مربوط گردد. در تحقیق بحری و همکاران (۱۳۹۳) سال پایه برای محاسبه همخونی سال ۱۳۷۰ در نظر گرفته شده است و همخونی حیوانات قبل از آن که همه به علت شجره نامعلوم دارای همخونی صفر بودند در برآورد میانگین وارد نگردیده است.

میانگین همخونی افراد در کل جمعیت و در جمعیت مرجع به ترتیب ۰/۸۵ و ۱/۳۶ درصد بود. این در حالی است که میانگین همخونی افراد همخون در کل جمعیت (۴/۳۷) بیشتر از جمعیت مرجع (۱/۴۹) بود. این امر حاکی از آن است که در جمعیت مرجع، اجداد مشترک که علت اصلی بروز همخونی می‌باشند، در نسل‌های دورتر شجره افراد همخون قرار گرفته‌اند. به عبارت دیگر درصد افراد همخون حاصل از آمیزش بین خویشاوندان بسیار نزدیک در جمعیت مرجع کمتر بود. آمیزش‌های بین برادر خواهران تنی، برادر خواهران ناتنی و آمیزش والد - فرزند از جمله آمیزش‌های بسیار نزدیک در گله‌ها می‌باشد که سبب تولد فرزندان با همخونی بالا می‌گردد. جدول ۲ توزیع تعداد حیوانات با ضریب همخونی بالا و آمیزش بین اینگونه خویشاوندان نزدیک را در کل جمعیت و جمعیت مرجع نشان می‌دهد. همانطور که در این جدول ملاحظه می‌شود ۲ آمیزش بین برادر خواهران تنی، ۱۳۴ آمیزش بین برادر خواهران ناتنی و

جدول ۲- تعداد حیوانات با ضریب همخونی بالا و آمیزش بین خویشاوندان نزدیک

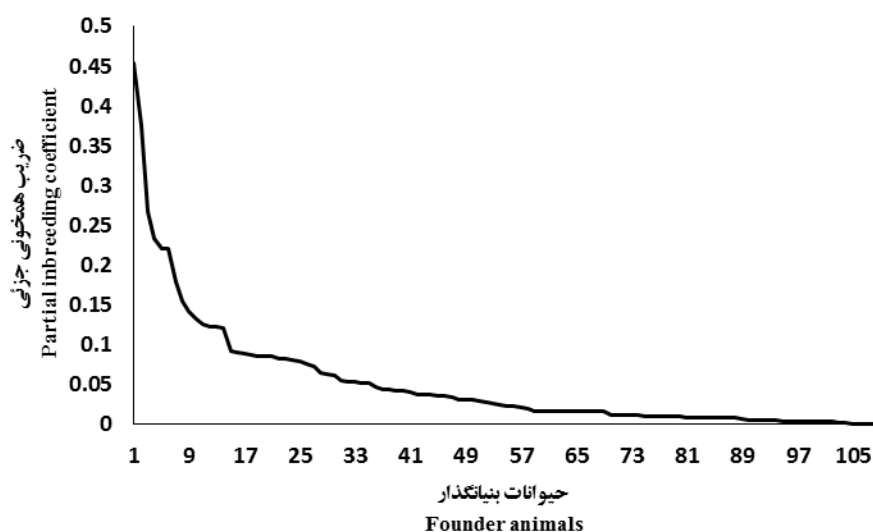
Table 2. Number of animals with high inbreeding and mating between close relatives

جمعیت مرجع Reference population		کل جمعیت Whole population		
تعداد Number	درصد (%)	تعداد Number	درصد (%)	نوع آمیزش Mating type
9		257		تعداد کل دام‌ها با همخونی بالا Number of animals with high inbreeding
4		127		تعداد دام‌های نر با همخونی بالا Number of male animals with high inbreeding
5		130		تعداد دام‌های ماده با همخونی بالا Number of female animals with high inbreeding
0	0	2	0.02	آمیزش بین برادر خواهران تنی Mating between full sibs
8	1.95	134	1.61	آمیزش بین برادر خواهران ناتنی Mating between half sibs
1	0.24	121	1.45	آمیزش بین والد - نتاج Mating between parent offspring

عواملی همچون تفاوت در ساختار و اندازه جمعیت، نسبت حیوانات نر و ماده به کار رفته به‌عنوان والدین نسل بعد، سن جایگزینی قوچ‌ها، سطح تکامل شجره و مدیریت ژنتیکی گله از لحاظ آمیزش بین خویشاوندان نزدیک و همچنین فشار انتخاب مربوط گردد.

ضریب همخونی افراد جمعیت مرجع، به ضریب همخونی جزئی حاصل از ۲۸۰ فرد بنیانگذار جمعیت مرجع تجزیه گردید. ۱۰۸ فرد از ۲۸۰ فرد بنیانگذار جمعیت مرجع (۳۸٪) در ضریب همخونی جمعیت مرجع مشارکت مثبت داشتند. میانگین و انحراف معیار ضریب همخونی جزئی این ۱۰۸ رأس به ترتیب ۵/۱۹ و ۷/۳۷ درصد بود. شکل ۴ میزان ضریب همخونی جزئی ۱۰۸ رأس حیوان بنیانگذار جمعیت مرجع را نشان می‌دهد. همانطور که در شکل ۴ دیده می‌شود، برخی افراد مشارکت بسیار بالایی در همخونی جمعیت مرجع دارند. بخش زیادی از کل ضریب همخونی جمعیت مرجع یعنی ۴۲ و ۶۶ درصد آن به ترتیب توسط ۱۰ و ۲۵ فرد بنیانگذار با بیشترین مشارکت در همخونی این جمعیت تبیین گردید.

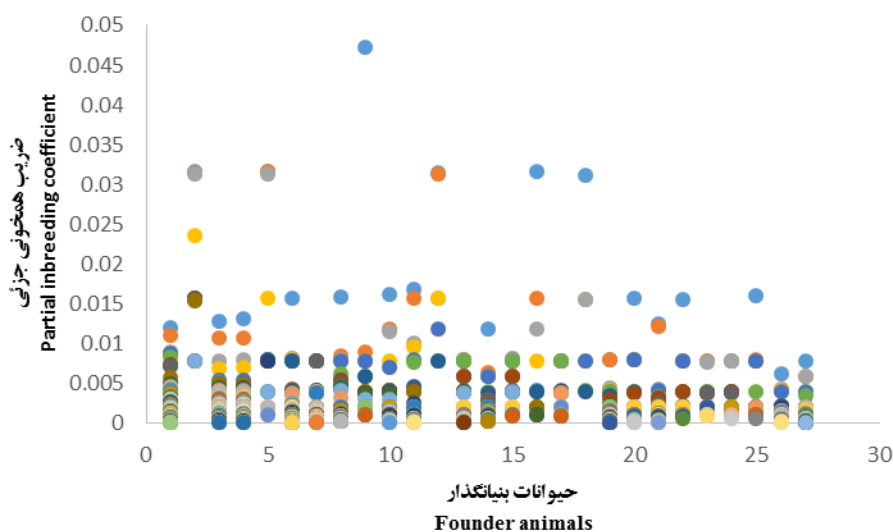
همچنین در تحقیق بحری و همکاران (۱۳۹۳) از الگوریتم ون رادن (۱۹۹۲) برای برآورد همخونی استفاده گردیده است که در این روش همخونی حیواناتی که والدین نامعلوم دارند برابر با متوسط همخونی هم گروه‌های خود با والد شناخته شده در نظر گرفته می‌شود. در مقایسه با دیگر تحقیقات انجام شده بر روی نژادهای داخل کشور، میانگین همخونی افراد جمعیت در این تحقیق (۰/۸۵) در محدوده همخونی برآورد شده برای گوسفند نژاد لری بختیاری (۰/۹۴) بود. با این وجود مقادیر مختلفی برای میانگین همخونی در نژادهای داخل کشور گزارش شده است، به طوری که میانگین همخونی بدست آمده در تحقیق حاضر بیشتر از برآوردهای حاصل برای گوسفندان نژاد مغانی (۰/۵) و کرمانی (۰/۵۱) و کمتر از مقادیر گزارش شده برای گوسفندان نژاد زندی (۱/۴۶)، بلوچی (۱/۷۹) و ایران‌بلک (۴/۱۹) بوده است. همچنین در مقایسه با نژادهای خارجی، میانگین همخونی بدست آمده در تحقیق حاضر کمتر از مقادیر گزارش شده برای نژادهای سانتائینز، لکسز، تگزل، شروپشایر و آکسفوردادون بود. علت تفاوت در میانگین همخونی در جمعیت‌های مختلف می‌تواند به



شکل ۴- ضرایب همخونی جزئی ۱۰۸ رأس حیوان بنیانگذار جمعیت مرجع
Figure 4. Partial inbreeding coefficients of 108 founder animals of the reference population

اساس میزان مشارکت آنها در پسروری ناشی از همخونی رتبه بندی و یا افراد بنیانگذار حامل ژنهای مغلوب مرتبط با برخی نقایص ژنتیکی شناسایی گردند (گالیسیجا و همکاران، ۲۰۰۶؛ کاسلز و همکاران، ۲۰۰۸؛ کاسلز و همکاران، ۲۰۰۹؛ ناقی و همکاران، ۲۰۱۰). علاوه بر این، محاسبه ضرایب همخونی جزئی برای نتایج حاصل از یک آمیزش فرضی می‌تواند از بوجود آمدن همخونی حاصل از افراد بنیانگذاری که بیشترین مشارکت را در پسروری ناشی از همخونی دارند و یا حامل ژنهای مغلوب نامطلوبی می‌باشند، جلوگیری نماید (ناقی و همکاران، ۲۰۱۰). کاک و همکاران (۲۰۰۹) با استفاده از این روش، تاثیر همخونی جزئی را بر صفات تولید مثلی خوک‌های اتریش مورد بررسی قرار دادند. در آن تحقیق، همخونی افراد به ضرایب همخونی جزئی حاصل از افراد بنیانگذار جمعیت تجزیه گردید. بر اساس نتایج آن تحقیق، میزان مشارکت هر یک از افراد بنیانگذار جمعیت در میزان پسروری ناشی از همخونی صفات تولیدی با یکدیگر متفاوت بود.

افراد بنیانگذاری که در همخونی جمعیت مرجع مشارکت مثبت داشتند از لحاظ تعداد ضرایب همخونی جزئی با هم متفاوت بودند، به طوری که برخی افراد بنیانگذار در همخونی ۱۵۳ رأس از افراد جمعیت مرجع مشارکت مثبت داشتند و برخی افراد فقط در همخونی یک فرد از جمعیت مرجع مشارکت داشتند. توزیع تعداد ضرایب همخونی جزئی ۲۵ رأس از افراد که بیشترین مشارکت را در ضرایب همخونی جمعیت مرجع داشتند در شکل ۵ نشان داده شده است. به طور کلی با در نظر گرفتن اینکه هر فرد حامل چندین ژن مغلوب نامطلوب با تاثیر منفی بر روی صفات اقتصادی دامها می‌باشد، میزان ضرایب همخونی جزئی افراد نشان دهنده توزیع ژنهای نامطلوب مغلوب در جمعیت می‌باشد (مک گریوی و نیکولاس، ۱۹۹۹ و ناقی و همکاران، ۲۰۱۰). بنابراین، تجزیه همخونی افراد به ضرایب همخونی جزئی حاصل از اجداد مشترک، امکان کاهش بیماری‌های حاصل از ژنهای مغلوب و پسروری همخونی را فراهم می‌آورد. به عنوان مثال با استفاده از ضرایب همخونی جزئی، افراد بنیانگذار جمعیت می‌توانند بر



شکل ۵- توزیع تعداد و میزان ضریب همخونی جزئی ۲۵ راس از افراد با مشارکت مثبت در ضریب همخونی جمعیت مرجع
Figure 5. Distribution of partial inbreeding coefficients of the 25 individuals with positive contribution to the inbreeding of the reference population

جدول ۳- میانگین، انحراف استاندارد، حداقل و حداکثر همخونی رایت، همخونی اجدادی بالو، همخونی اجدادی کالینفسکی و همخونی جدید در بین افراد همخون کل جمعیت و جمعیت مرجع.

Table 3. Mean, Standard deviation, Minimum and Maximum values for inbreeding, Ballou ancestral inbreeding, Kalinowski ancestral inbreeding and new inbreeding among inbred animals of the whole population and reference population.

دام‌های همخون جمعیت مرجع Inbred animals of the reference population				دام‌های همخون کل جمعیت Inbred animals of the whole population				
ماکزیمم Max	مینیمم Min	انحراف استاندارد SD	میانگین Mean	ماکزیمم Max	مینیمم Min	انحراف استاندارد SD	میانگین Mean	
25.4	0.012	2.84	1.49	31.2	0.01	7.19	4.37	همخونی رایت Wright inbreeding
15.48	0	2.87	2.12	15.48	0	2.39	1.17	همخونی اجدادی بالو Ballou ancestral inbreeding
1.86	0	0.17	0.04	4.78	0	0.35	0.07	همخونی اجدادی کالینفسکی Kalinowski ancestral inbreeding
25	0.01	2.75	1.45	28.13	0.01	0.01	4.3	همخونی جدید New inbreeding

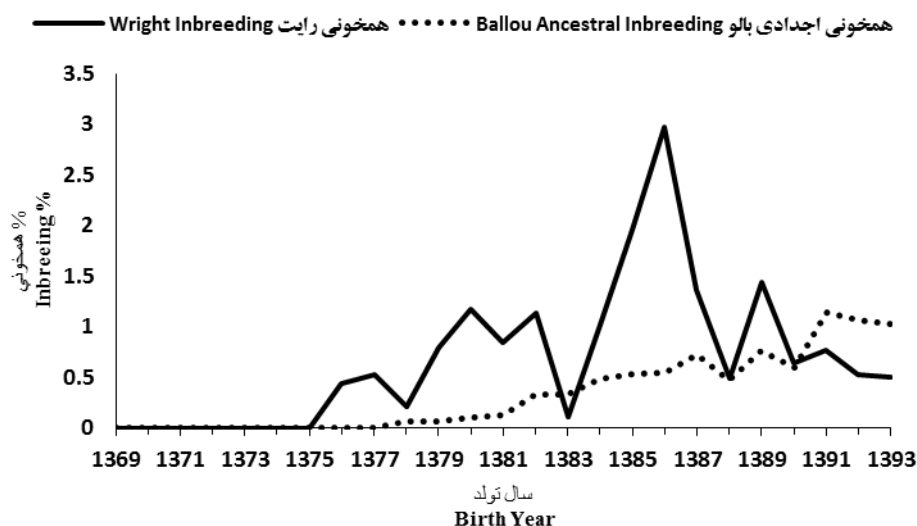
همخونی اجدادی بالو در این افراد ۱/۱۷ درصد می‌باشد. میزان همخونی اجدادی بالو در این افراد از ۰ تا ۱۵/۴۸ درصد متغیر بوده و انحراف استاندارد آن ۲/۳۹ درصد بود. اما در جمعیت مرجع که از سطح تکامل شجره بالاتری برخوردار است، میانگین همخونی اجدادی بالو افراد ۲/۱۲ درصد بود که این

جدول ۳ میانگین، انحراف استاندارد، کمینه و بیشینه ضریب همخونی رایت، همخونی بالو، همخونی کالینفسکی و همخونی جدید را در بین افراد همخون کل جمعیت و جمعیت مرجع نشان می‌دهد. با توجه به جدول ۳، میانگین همخونی رایت افراد همخون در کل جمعیت ۴/۳۷ درصد و میانگین

را معنی دار گزارش کردند به طوریکه با افزایش ضریب همخونی اجدادی بالو، وزن تولد دامها افزایش و میزان مرده‌زایی کاهش یافته بود. این نتایج حاکی از تاثیر پالایش ژنتیکی بر پسروری همخونی در این جمعیت بود. مک پارلند و همکاران (۲۰۰۷) تاثیر ضریب همخونی رایت، ضریب همخونی اجدادی بالو و ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی بر صفات تولید شیر، چربی و پروتئین و همچنین فاصله گوساله‌زایی، سن اولین زایش و زنده‌مانی در گاوهای شیری هلشتاین ایرلند را مورد بررسی قرار دادند. میانگین ضریب همخونی اجدادی بالو، ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی و ضریب همخونی جدید در آن تحقیق به ترتیب ۶/۷۵۰، ۲/۱۵ و ۰/۴۳ درصد بود. تاثیر ضریب همخونی اجدادی بالو بر صفات تولید شیر و تولید پروتئین مثبت و به ترتیب ۴/۸۵ و ۰/۱۲ کیلوگرم بود. بر اساس نتایج آن تحقیق، در جمعیت گاوهای هلشتاین ایرلند به علت اجرای برنامه انتخاب چندین ساله برای صفات تولید شیر و تولید پروتئین، پالایش ژنهای نامطلوب در دامهای همخون رخ داده بود.

مقدار بیشتر از میانگین همخونی رایت در این جمعیت یعنی ۱/۴۹ درصد بود. این امر نشان از وابستگی بالای ضریب همخونی اجدادی بالو به سطح تکامل شجره دارد (هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵). از بین ۸۳۲۰ حیوان موجود در فایل شجره، ۶۶۹۴ حیوان غیر همخون بودند. با این وجود ۱۰۷۰ فرد از این افراد غیرهمخون، دارای همخونی اجدادی بالوی بالاتر از صفر بودند.

شکل ۶ روند میانگین ضریب همخونی رایت و ضریب همخونی اجدادی بالو را در کل جمعیت در طول سال‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد. با افزایش میانگین همخونی رایت دامها، ضریب همخونی اجدادی بالو نیز با نوسانات کمتری روند افزایشی داشته است و در برخی سالها میزان آن از میانگین ضریب همخونی رایت نیز بالاتر بوده است. هینریچ و همکاران (۲۰۱۵) میانگین ضریب همخونی رایت و ضریب همخونی اجدادی بالو را در بین افراد همخون جمعیت گاوهای شیری هلشتاین کشور آلمان به ترتیب ۳ و ۸ درصد برآورد نمودند. این محققین تاثیر ضریب همخونی اجدادی بالو بر صفات وزن تولد و مرده‌زایی



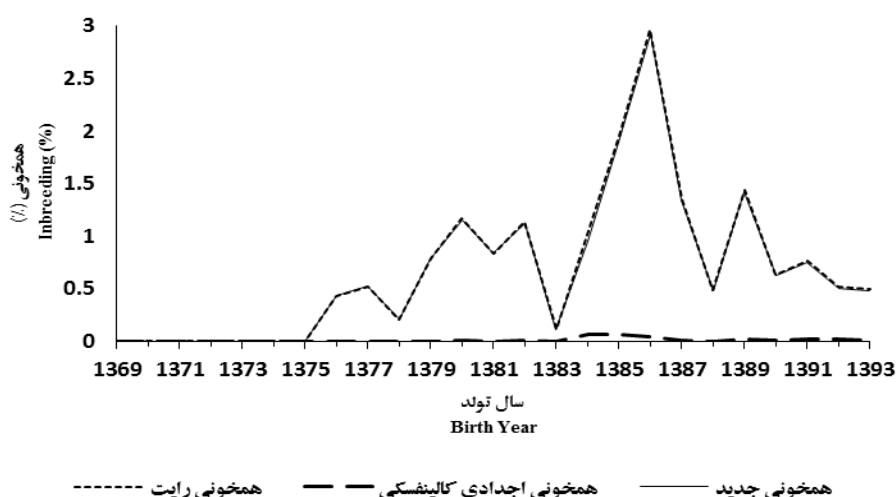
شکل ۶- روند میانگین ضریب همخونی رایت و ضریب همخونی اجدادی بالو در سال‌های مورد مطالعه

Figure 6. Trends of mean Wright inbreeding and Ballou ancestral inbreeding during the studied years

اعظم همخونی مشاهده شده در افراد، مربوط به همخونی جدید یا آل‌هایی بوده است که برای اولین بار به صورت هموزیگوت در کنار هم قرار می‌گرفتند. با این وجود میانگین همخونی اجدادی کالینفسکی در حیوانات جمعیت مرجع ۰/۰۴ بود که ۲/۷ درصد همخونی این جمعیت را به خود اختصاص می‌داد. هر چقدر مقدار سطح تکامل شجره دام‌های تحت بررسی بیشتر باشد امکان تشخیص همخونی اجدادی کالینفسکی برای آنها بیشتر شده و در نتیجه میزان همخونی جدید کاهش خواهد یافت (هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵). شکل ۷ روند میانگین همخونی رایت، همخونی اجدادی کالینفسکی و همخونی جدید را در طول سال‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد. همانطور که در این شکل دیده می‌شود قسمت عمده همخونی در طول سال‌های مورد مطالعه به همخونی جدید مربوط می‌گردد، بطوریکه روند میانگین همخونی رایت و همخونی جدید تقریباً بر هم منطبق هستند و مقدار کمی از همخونی در هر سال به همخونی اجدادی کالینفسکی مربوط می‌گردد. بنابراین همخونی اجدادی موجود در این جمعیت بیشتر با تعریف بالو برای همخونی منطبق می‌باشد.

با اینکه میانگین ضریب همخونی بالو در جمعیت مورد بررسی در تحقیق حاضر نسبت به میانگین این پارامتر در تحقیق هینریچ و همکاران (۲۰۱۵) و مک پارلند و همکاران (۲۰۰۷) کمتر بود، با این وجود با توجه به ضریب همخونی اجدادی بالو ۲/۱۲ درصد برآورد شده برای جمعیت مرجع در این تحقیق، پدیده پلایش ژنتیکی می‌تواند بر میزان پسروی همخونی در گوسفند نژاد قره‌گل نیز تاثیر داشته باشد (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹ و هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵). البته برای تایید وقوع این پدیده، بررسی میزان تاثیر ضریب همخونی اجدادی بالو بر برخی صفات اقتصادی این نژاد پیشنهاد می‌گردد.

بر اساس تفاوت موجود بین ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی و ضریب همخونی اجدادی بالو نتایج حاصل برای این دو ضریب نیز متفاوت بود. با توجه به جدول ۳ میزان همخونی اجدادی کالینفسکی در این جمعیت پایین و مقدار آن برابر با ۰/۰۷ درصد بود. به عبارت دیگر با توجه به میانگین همخونی ۴/۳۷ درصد برای کل حیوانات جمعیت تحت بررسی، تنها ۱/۶ درصد همخونی جمعیت به همخونی اجدادی کالینفسکی مربوط می‌گردد. در واقع قسمت



شکل ۷- روند میانگین همخونی رایت، همخونی اجدادی کالینفسکی و همخونی جدید در طول سال‌های مورد مطالعه

Figure 7. Trends of mean Wright inbreeding and Kalinowski ancestral inbreeding and New inbreeding during the studied years

جدول ۴ همبستگی بین ضریب همخونی رایب، اجدادی کالینفسکی و ضریب همخونی جدید را نشان می‌دهد. ضریب همخونی اجدادی بالو، ضریب همخونی

جدول ۴- همبستگی میان ضریب همخونی رایب، ضریب همخونی اجدادی بالو، ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی و ضریب

همخونی جدید

Table 4. Correlation among Wright inbreeding coefficient, Ballou ancestral inbreeding coefficient, Kalinowski ancestral inbreeding coefficient and New inbreeding coefficient

جدید	کالینفسکی	بالو	رایب	ضرایب همخونی	
New	Kalinowski	Ballou	Wright	Coefficients	
0.99	0.37	0.1	-	Wright	رایب
0.08	0.35	-	0.1	Ballou	بالو
0.32	-	0.35	0.37	Kalinowski	کالینفسکی
-	0.32	0.08	0.99	New	جدید

همخونی اجدادی بالو برای یک فرد، تمامی تعداد دفعاتی که یک آلل این فرد در افراد مختلف موجود در شجره در اثر وجود اجداد مشترک به صورت هموزیگوت درآمده، صرف نظر از اینکه این اجداد مشترک، جد مشترک فرد مورد نظر نیز هستند یا خیر، مد نظر قرار می‌گیرد. اما ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی فقط همخونی اجدادی خویشاوندان را در نظر می‌گیرد. این بدان معنی است که جد مشترک باید هم در مسیر پدری و هم در مسیر مادری فردی که ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی برای آن محاسبه می‌گردد وجود داشته باشد. بنابراین، اگر همخونی رایب برای یک فرد صفر باشد، ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی آن و ضریب همخونی جدید آن فرد نیز صفر خواهد بود. اما این شرط برای محاسبه ضریب همخونی اجدادی بالو برای یک فرد لازم نمی‌باشد (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹ و روس و همکاران، ۲۰۱۵). این امر یکی از دلایل اصلی همبستگی بالاتر بین ضرایب همخونی رایب و کالینفسکی در مقایسه با ضریب همخونی اجدادی بالو می‌باشد (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹). همچنین همبستگی بین ضرایب همخونی رایب و همخونی جدید در این تحقیق ۰/۹۹ بود که با همبستگی بدست

همبستگی بین ضریب همخونی رایب و ضریب همخونی اجدادی بالو در این تحقیق ۰/۱ بود که این میزان نسبت به مقادیر بدست آمده در تحقیقات دیگر پایین است. همبستگی بین ضرایب همخونی رایب و ضریب همخونی اجدادی بالو در گاوهای هلشتاین آلمان و ایرلند به ترتیب ۰/۷۷ و ۰/۳۶ گزارش گردیده است (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۹؛ هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵). همبستگی پایین بین ضریب همخونی رایب و ضریب همخونی اجدادی بالو در این تحقیق نشانگر این است که تنها درصد پایینی از آللهایی که در افراد همخون این جمعیت به صورت هموزیگوت در کنار هم قرار گرفته‌اند قبلاً نیز در اجداد این افراد به صورت هموزیگوت بوده‌اند. با این وجود همبستگی بین ضرایب همخونی رایب و کالینفسکی در این تحقیق ۰/۳۷ بود که نسبت به همبستگی بین ضرایب همخونی رایب و بالو بیشتر بود. همبستگی بالاتر بین ضرایب همخونی رایب و کالینفسکی به تفاوت در محاسبه ضریب همخونی اجدادی بالو و ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی مرتبط می‌باشد. ضریب همخونی اجدادی بالو نسبت به ضریب همخونی اجدادی کالینفسکی مفهوم وسیعتری را شامل می‌شود. در محاسبه ضریب

مشارکت بهینه والدین از افزایش همخونی در این گله جلوگیری نمود. تجزیه ضریب همخونی افراد جمعیت مرجع به ضرایب همخونی جزئی، حاکی از مشارکت ۱۰۸ فرد بنیانگذار در همخونی جمعیت مرجع بود. برای جلوگیری از توارث ژنهای مغلوب نامطلوب به نسل‌های بعد، تجزیه پسروی همخونی برآورد شده برای صفات تولیدی و تولید مثلی به هر کدام از حیوانات بنیانگذار و تعیین سهم هر یک از آنها در میزان پسروی همخونی پیشنهاد می‌گردد. از سوی دیگر این ضرائب همخونی جزئی می‌تواند به شناسایی حیوانات بنیانگذار حامل ژنهای نامطلوب کمک نماید. سپس از این اطلاعات در برنامه‌های آمیزشی گله جهت تولید نسل بعد دامها می‌توان استفاده نمود، به طوری که تلاقی‌ها طوری طراحی گردد که بره‌های حاصل، ضریب همخونی جزئی کمتری از حیوانات حامل ژنهای نامطلوب و یا حیوانات با بیشترین تأثیر بر پسروی همخونی داشته باشند. بر اساس نتایج این تحقیق، همخونی اجدادی بالو در دامهای این گله روند افزایشی داشته است که می‌تواند باعث بروز پدیده پالایش آلهای مغلوب در این جمعیت گردد. بر این اساس، بررسی تأثیر همخونی اجدادی بر صفات تولیدی و تولید مثلی در این گله پیشنهاد می‌گردد.

منابع

1. Ballou, J.D. 1997. Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. *J. Hered.* 88: 169–178.
2. Baumung, R., Farkas, J., Boichard, D., Mészáros, G., Sölkner, J. and Curik, I. 2015. Grain: A computer program to calculate ancestral and partial inbreeding coefficients using a gene dropping approach. *J. Anim. Breed. Genet.* 132: 100–108.
3. Boichard, D., Maignel, L. and Verrier, É. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability

آمده در تحقیق هینریچ و همکاران (۲۰۱۵) و مک پارلند و همکاران (۲۰۰۹) مطابقت داشت که این همبستگی بالا همانطور که در مطالب فوق اشاره شد به نحوه محاسبه این ضرایب همخونی مربوط می‌شود. در این تحقیق همبستگی بین ضرایب همخونی اجدادی بالو و کالینفسکی ۰/۳۵ و در محدوده مقدار بدست آمده در تحقیق مک پارلند و همکاران (۰/۳۸ – ۰/۲۸) بود. با این وجود همبستگی بین ضرایب همخونی اجدادی بالو و کالینفسکی در تحقیق هینریچ و همکاران (۲۰۱۵) بسیار قوی و در حدود ۰/۸۸ بود. وجود تفاوت در همبستگی بین ضرایب مختلف همخونی رایت و اجدادی در تحقیقات مختلف را می‌توان به تفاوت در ساختار شجره مورد استفاده در تحقیقات مختلف و تفاوت در مدیریت ژنتیکی جمعیت در طول نسل‌ها و اقدامات به عمل آمده جهت کنترل همخونی آن جوامع نسبت داد (هینریچ و همکاران، ۲۰۱۵). یکی دیگر از علل تفاوت در ضریب همبستگی بدست آمده در این تحقیق با نتایج هینریچ و همکاران (۲۰۱۵) و مک پارلند و همکاران (۲۰۰۹) می‌تواند تفاوت در سیستم آمیزشی مورد استفاده در گوسفند و گاو به لحاظ استفاده از تلقیح مصنوعی و در نتیجه تفاوت در تعداد فرزندان حاصل از نرهای برتر باشد.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج این تحقیق بسته بودن این جمعیت و آمیزش دامهای خویشاوند باعث بوجود آمدن همخونی در دامهای این گله شده است به طوری که ۹۱/۱۹ درصد افراد جمعیت مرجع که حیوانات متولد شده در ۴ سال آخر فایل شجره با شاخص تکامل شجره بالای ۰/۶ را شامل می‌گردد، همخون بودند. از این رو باید با کنترل آمیزش‌ها و استفاده از روشهایی همچون آمیزش براساس حداقل همبستگی و یا

15. MacCluer, J.W., Boyce, A.J., Dyke, B., Weitkamp, L.R., Pfenning, D.W. and Parsons, C.J. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74: 394–399.
16. Mc Parland, S., Kearney, F. and Berry, D.P. 2009. Purging of inbreeding depression within the Irish Holstein-Friesian population. *Genet. Sel. Evol.* 41: 1–8.
17. McGreevy, P.D. and Nicholas, F.W. 1999. Some practical solutions to welfare problems in dogs breeding. *J. Anim. Welf.* 8: 313–328.
18. Melka, M.G., Sargolzaei, M., Miglior, F. and Schenkel, F. 2016. Genetic diversity of Guernsey population using pedigree data and gene-dropping simulations. *Animal.* 7: 192–201.
19. Meuwissen, T. and Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24: 305–313.
20. Moreno, E., Pérez-González, J., Carranza, J. and Moya-Laraño, J. 2015. Better fitness in captive Cuvier's gazelle despite inbreeding increase: Evidence of purging. *Plos One.* 10: 1–15.
21. Nagy, I., Curik, I., Radnai, I., Cervantes, I., Gyovai, P., Baumung, R., Farkas, J. and Szendro, Z. 2010. Genetic diversity and population structure of the synthetic pannon white rabbit revealed by pedigree analyses. *J. Anim. Sci.* 88: 1267–1275.
22. Roos, L., Hinrichs, D., Nissen, T. and Krieter, J. 2015. Investigations into genetic variability in Holstein horse breed using pedigree data. *Livest. Sci.* 177: 25–32.
23. Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F. and Schenkel, F.S. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J. Dairy. Sci.* 94: 5160–75.
24. Surachai, S., Baumung, R., Solkner, J. and Curik, I. 2006. Evaluation of ancestral inbreeding coefficients: Ballou's formula versus gene dropping. *Conserv. Genet.* 8: 489–495.
25. Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Nat.* 56: 330–338.
4. Casellas, J., Piedrafita, J., Caja, G. and Varona, L. 2009. Analysis of founder-specific inbreeding depression on birth weight in Ripollesa lambs. *J. Anim. Sci.* 87: 72–79.
5. Casellas, J., Varona, L., Ibanez-Escriche, N., Quintanilla, R. and Noguera, J. L. 2008. Skew distribution of founder-specific inbreeding depression effects on the longevity of Landrace sows. *Genet. Res.* 90: 499–508.
6. Curik, I., Ferencakovic, M. and Solkner, J. 2014. Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Livest. Sci.* 166: 26–34.
7. Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman, New York.
8. Gulisija, D., Gianola, D., Weigel, K.A. and Toro, M.A. 2006. Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livest. Sci.* 104: 244–253.
9. Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: A computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172–176.
10. Hedrick, P.W. and Garcia-Dorado, A. 2016. *Understanding Inbreeding Depression, Purging, and Genetic Rescue*. *Trends Ecol. Evol.* 31: 940–952.
11. Hinrichs, D., Bennewitz, J., Wellmann, R. and Thaller, G. 2015. Estimation of ancestral inbreeding effects on stillbirth, calving ease and birthweight in German Holstein dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 132: 59–67.
12. Kalinowski, S.T., Hedrick, P.W. and Miller, P.S. 2000. Inbreeding Depression in the Speke's Gazelle Captive Breeding Program. *Conserv. Biol.* 14: 1375–1384.
13. Köck, A., Fürst-Waltl, B. and Baumung, R. 2009. Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Arch. Tierzucht.* 52: 51–64.
14. Leroy, G. 2014. Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis. *Anim. Genet.* 45: 618–628.



Analysis of inbreeding in Karakul sheep breed: partial inbreeding, Ballou and Kalinowski ancestral inbreeding coefficients

***M.R. Sheikhlou¹, S. Sadeghi² and F. Bahri Binabaj³**

¹Assistant Prof., and M.Sc. Student, Dept. of Animal Science, Ahar Faculty of Agriculture & Natural Resources, University of Tabriz, ³Assistant Prof., Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture & Natural Resources, Gonbad Kavous University

Received: 01/09/2018; Accepted: 12/01/2019

Abstract

Background and objectives: Inbreeding is the increase in homozygosity of offspring resulted from mating between related animals or animals that have common ancestors. The main effect of inbreeding is decline in performance of inbred animals known as inbreeding depression. The magnitude of inbreeding depression is not the same across the various traits and populations. Recent studies revealed that inbreeding depression also shows variation among founders within a population. Variability of inbreeding depression arises when distribution of deleterious recessive alleles among founders are not equal. Furthermore, the detrimental effects of inbreeding can be reduced if deleterious recessive alleles were removed (purged) by selection against homozygotes in earlier generations. Estimating partial and ancestral inbreeding coefficients makes it possible to assess the balance of distribution of recessive alleles among founders and incidence of purging of deleterious alleles in population. The objective of this study was to estimate Wright inbreeding, partial inbreeding, Ballou ancestral inbreeding and Kalinowski ancestral inbreeding coefficients in the Karakul sheep nucleus breeding flock.

Materials and methods: In this study the pedigree data file of Karakul sheep nucleus breeding flock containing 7477 pedigree records collected during 1989-2014 was used to estimate Wright inbreeding, partial inbreeding and ancestral inbreeding coefficients of animals. Pedigree completeness index was calculated to evaluate the quality of pedigree. Animals that born in the last four years of the pedigree with pedigree completeness index of greater than 0.6 was considered as a reference population to decompose inbreeding to partial inbreeding arises from founders. Ballou ancestral inbreeding of all animals was estimated. Also, inbreeding coefficients of animals were decomposed to the New and Kalinowski ancestral inbreeding.

Results: The mean of Wright inbreeding coefficients of animals in all population and reference population were 0.85 and 1.36, respectively. A total of 108 of 280 founder animals (38%) have a positive contribution to the inbreeding of the reference population. Mean and standard deviation of the partial inbreeding coefficients of these 108 animals were 5.19 and 7.37%, respectively. The 10 and 25 founders contributing the most to inbreeding explained a large part of the inbreeding of the reference population (i.e., 42 and 66%, respectively). Mean Ballou ancestral inbreeding of the whole and reference population were 1.17 and 2.12, respectively. Most of the animals in the population have positive Ballou ancestral inbreeding. Kalinowski ancestral inbreeding of animals was low and its mean was 0.07% in the population. Ancestral inbreeding in this population was in accordance with Ballou definition of ancestral inbreeding. Correlation of wright inbreeding coefficient with Ballou ancestral inbreeding, Kalinowski ancestral inbreeding and new inbreeding coefficients was 0.1, 0.37 and 0.99, respectively.

*Corresponding author; mr.sheikhlou@tabrizu.ac.ir

Conclusion: Based on the results of this study, Ballou ancestral inbreeding coefficients of animals in this flock has increasing trend which can lead to purging of deleterious alleles in this population. Therefore, for assessing the incidence of purging of deleterious alleles in this population, estimating of the effects of ancestral inbreeding on reproductive and production traits are suggested. Also, the estimated partial inbreeding coefficients of animals can be used to determine the contribution of each founder to observed inbreeding depression. On the other hand, estimated partial inbreeding coefficients can help to detect founders carrying deleterious alleles. Then, these information could be used in mating programs, so that, new born lambs have a less partial inbreeding arises from carrier animals or those animals which have greater contribution to inbreeding depression.

Keywords: Partial inbreeding coefficients, Ancestral inbreeding coefficients, Genetic purging, Karakul sheep.

