

## برآورد اندازه مؤثر جمعیت گوسفند نژاد سنگسری با استفاده از روش‌های مختلف مبتنی بر تجزیه و تحلیل شجره

محمد رضا شیخلو<sup>۱\*</sup> - عین الله عبدی قزلجه<sup>۱</sup> - رشید صفری<sup>۱</sup> - ذبیح الله نعمتی<sup>۱</sup>

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۱/۲۲

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۴/۰۳

### چکیده

اندازه مؤثر جمعیت به علت رابطه مستقیم با نرخ افزایش همخونی و همچنین میزان کاهش تنوع ژنتیکی حاصل از رانش ژنتیکی، یکی از فراسنجه‌های مهم در ژنتیک جمعیت و حفظ ذخایر ژنتیکی به‌شمار می‌رود. در این تحقیق از اطلاعات شجره‌ای گوسفندان نژاد سنگسری که طی ۲۷ سال (۱۳۶۸-۱۳۹۴) در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شهرستان دامغان جمع‌آوری شده بود جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از شش روش مختلف استفاده گردید. در این روش‌ها از منابع اطلاعاتی مختلفی چون تعداد والدین نر و ماده در هر سال، نرخ افزایش همخونی بین دام‌ها و والدین آنها، نرخ افزایش همخونی بین دام‌ها و نسل قبلی آنها، نرخ افزایش ضریب خویشاوندی افزایشی، ضریب رگرسیون همخونی بر سال تولد و افزایش همخونی فردی جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت استفاده گردید. برآوردهای به‌دست آمده توسط روش‌های مختلف با هم متفاوت بوده و از ۴۱ تا ۸۳۶۹ رأس متغیر بود. بهترین روش با توجه به برخی معیارها همچون بازه زمانی مورد استفاده، آزمون تشکیل یا عدم تشکیل زیرجمعیت‌ها، پایایی برآوردها و عدم برآورد منفی برای اندازه مؤثر جمعیت انتخاب گردید. با در نظر گرفتن معیارهای مورد نیاز، برآوردهای حاصل از روش افزایش همخونی فردی به‌عنوان بهترین برآورد از اندازه مؤثر جمعیت در این شجره انتخاب گردید. میانگین اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده با استفاده از این روش ۱۳۱ رأس بود. با توجه به بسته بودن این گله اصلاح نژادی و عدم ورود دام از دیگر گله‌ها، به‌کارگیری روش‌هایی جهت جلوگیری از کاهش اندازه مؤثر جمعیت همچون استفاده از روش مشارکت بهینه والدین توصیه می‌گردد.

**واژه‌های کلیدی:** اندازه مؤثر جمعیت، تجزیه و تحلیل شجره، گوسفند سنگسری، همخونی

### مقدمه

طراحی می‌شوند با افزایش همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت همراه هستند. امروزه حفظ تنوع ژنتیکی دام‌ها در جمعیت‌های بسته تحت انتخاب یکی از اساسی‌ترین چالش‌های محققین می‌باشد (۱۳). کاهش تنوع ژنتیکی باعث کاهش تنوع آلی و افزایش هموزیگوسیتی و ایجاد دام‌های همخون و به‌تبع آن کاهش عملکرد در صفات اقتصادی دام‌ها می‌گردد. یکی از معیارهای مهم سنجش سطح تنوع ژنتیکی جمعیت، اندازه مؤثر جمعیت  $N_e$  می‌باشد. این فراسنجه به علت رابطه مستقیم با سطح همخونی جمعیت، میزان شایستگی ژنتیکی و همچنین میزان کاهش تنوع ژنتیکی حاصل از رانش ژنتیکی، یکی از فراسنجه‌های مهم در ژنتیک جمعیت و حفظ ذخایر ژنتیکی به‌شمار می‌رود. به همین علت اندازه مؤثر جمعیت توسط فائو، IUCN<sup>۳</sup> و دیگر مراکز تحقیقاتی به‌عنوان یکی از معیارهای مهم بررسی خطر انقراض دام‌های اهلی به‌شمار می‌رود (۹ و ۳۲). به‌طور

گوسفند نژاد سنگسری یکی از مقاوم‌ترین نژادهای بومی کشور محسوب می‌شود که خاستگاه آن منطقه‌ای به نام سنگسر در شمال شهرستان سمنان می‌باشد. گوسفند سنگسری، به‌دلیل ظرافت، قدرت زیاد و مقاومت در مقابل عوامل محیطی یکی از بهترین نژادهای گوشتی کشور می‌باشد. گوسفندان سنگسری از حیث پرورار بی‌نظیرند و محصول گوشت آنها تقریباً ۶۰٪ وزن گوسفند پیش از ذبح شدن است (۲۳). ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند سنگسری واقع در شهرستان دامغان با هدف شناسایی خصوصیات تولیدی و تولیدمثلی و اصلاح نژاد گوسفندان اصیل سنگسری و انتخاب بهترین قوچ‌ها جهت توزیع آن‌ها در بین دامداران منطقه مشغول به فعالیت می‌باشد. معمولاً برنامه‌های انتخاب که در جمعیت‌های بسته جهت بهبود ژنتیکی دام‌ها

۱- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی اهر، دانشگاه تبریز  
(Email: mr.sheikhlo@gmail.com; \*نویسنده مسئول)

DOI: 10.22067/ijasr.v10i2.62343

2- Effective population size

3- International Union for Conservation of Nature

نسل‌های معادل کامل از طریق فرمول زیر برآورد گردید (۲۱):

$$CGE_i = \sum (1/2)^n$$

که در آن  $n$  تعداد نسل‌هایی است که حیوان را از هر والد معلومش جدا می‌کند. سپس میانگین شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل دام‌های متولد شده در هر سال تولد محاسبه گردید.

### اندازه مؤثر جمعیت

به‌طور خلاصه، اندازه مؤثر جمعیت عبارتست از تعداد افراد یک جمعیت ایده‌آل ژنتیکی که می‌تواند نرخ رانش ژنتیکی مشابه با جمعیت مورد بررسی داشته باشد (۷ و ۱۰). روش‌های مختلفی جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از داده‌های شجره ارائه شده‌اند. این در حالی است که بسته به شرایط جمعیت تحت مطالعه مانند تشکیل زیرجمعیت‌ها، سطح تکامل شجره و نمونه تحت بررسی از جمعیت، روش مناسب برآورد اندازه مؤثر جمعیت می‌تواند متفاوت باشد (۱۲ و ۱۸). در این تحقیق شش روش زیر برای برآورد اندازه مؤثر جمعیت مورد استفاده قرار گرفت:

#### ۱- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از تعداد والدین

##### نر و ماده (N<sub>e</sub>-Census)

در این روش که ساده‌ترین روش تئوریک برآورد اندازه مؤثر جمعیت می‌باشد، از نسبت جنسی بین نرها و ماده‌ها و فرمول زیر جهت برآورد استفاده می‌گردد (۱۲ و ۳۶).

$$N_e = 4 * \frac{S_n * D_n}{S_n + D_n} * 0.7$$

که در آن  $S_n$  تعداد نرها در هر نسل و  $D_n$  تعداد ماده‌ها در هر نسل می‌باشد.

#### ۲- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از نرخ افزایش

##### همخونی بین دام‌ها و والدین مستقیم آنها (N<sub>e</sub> - ΔF<sub>p</sub>)

در این روش ابتدا باید دو گروه<sup>۱</sup> از حیوانات در نسل  $t$  و نسل  $t-1$  برای محاسبه نرخ افزایش همخونی در نظر گرفته شوند. حیوانات متولد شده در یک سال به‌عنوان گروه  $t$  در نظر گرفته می‌شوند. والدین مستقیم تمام حیوانات گروه  $t$  به‌عنوان گروه  $t-1$  در نظر گرفته می‌شوند. میانگین همخونی دام‌ها در این گروه به‌عنوان  $F_{t-1}$  در نظر گرفته می‌شود. سپس نرخ افزایش همخونی و اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روابط زیر برآورد می‌گردد (۷):

کلاسیک، اندازه مؤثر جمعیت را می‌توان از افزایش همخونی بین دو نسل متوالی برآورد نمود که استفاده از این روش محدود به گونه‌های جانوری آزمایشگاهی و یا گونه‌هایی است که بتوان حیوانات متعلق به نسل‌های مختلف را از هم تفکیک نمود. در حالی که در اکثر دام‌های اهلی به‌علت نسل‌های همپوشان و آمیزش بین حیوانات متعلق به نسل‌های مختلف تعریف دقیقی از نسل کنونی و پیشین وجود نداشته و به راحتی نمی‌توان دام‌ها را به نسل‌های مختلف نسبت داد. روش‌های مختلفی برای حل این مسئله و برآورد اندازه مؤثر جمعیت، همچون استفاده از واریانس اندازه خانواده‌ها، رگرسیون همخونی دام‌ها بر واحد زمان و استفاده از افزایش همخونی فردی ارائه شده‌اند (۱۵ و ۲۷). با این وجود استفاده از همه این روش‌ها جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت در هر جمعیتی امکان‌پذیر نبوده و در برخی موارد به علت ساختار خاص شجره و نحوه مدیریت ژنتیکی گله‌ها، برآوردهای اریب و یا غیر معقول (برآوردهای منفی) برای این پارامتر به‌دست می‌آید (۱۲ و ۱۸). از این رو، بسته به ساختار شجره و نحوه مدیریت ژنتیکی و سیستم پرورشی و آمیزشی به‌کار رفته در جمعیت، باید از روش مناسب جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت استفاده نمود. هدف از تحقیق حاضر برآورد اندازه مؤثر جمعیت دام‌های ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند سنگسری دامغان با به‌کارگیری روش‌های مختلف مبتنی بر تجزیه و تحلیل شجره و انتخاب بهترین روش جهت برآورد بود.

### مواد و روش‌ها

در این تحقیق از فایل شجره گوسفندان نژاد سنگسری ایستگاه اصلاح نژاد دامغان حاوی ۷۳۱۱ رکورد شجره (۳۳۲۳ قوچ و ۳۹۸۸ میش) جمع‌آوری شده در طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۴ بود، جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش‌های مختلف استفاده گردید. قبل از انجام تجزیه و تحلیل شجره و برآورد اندازه مؤثر جمعیت ابتدا سطح تکامل شجره مورد بررسی قرار گرفت. به این منظور ابتدا درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم در فایل شجره برآورد گردید. سپس برای تمام حیوانات موجود در فایل شجره شاخص تکامل شجره با استفاده از فرمول زیر به‌دست آمد (۲۰):

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

که  $C_{sire}$  و  $C_{dam}$  به‌ترتیب 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  $i$  بوده و  $d$  تعداد نسل‌هایی است که در نظر گرفته می‌شود. در این تحقیق مقدار  $d$  پنج در نظر گرفته شد. همچنین برای هر حیوان موجود در شجره، تعداد

بین تمام آمیزش‌های ممکن بین دام‌های نر و ماده این گروه نیز محاسبه می‌گردد. سپس اندازه مؤثر جمعیت از رابطه زیر قابل برآورد خواهد بود:

$$\Delta f_g = \frac{f_t - f_{t-1}}{1 - f_{t-1}} \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

که در آن میانگین ضریب خویشاوندی ژنتیکی افزایشی افراد گروه  $t$  و  $f_{t-1}$  میانگین ضریب خویشاوندی ژنتیکی افزایشی افراد گروه  $t-1$  می‌باشد (۱۲). انتظار می‌رود که روند میانگین ضریب خویشاوندی دام‌ها در یک جمعیت نوسانات کمتری نسبت به همخونی دام‌ها داشته باشد زیرا میانگین ضریب خویشاوندی دام‌ها بر اساس تمام آمیزش‌های فرضی ممکن برآورد می‌گردد.

### ۵- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از ضریب

$$(N_e - Ln)$$

پرز انسیزو (۲۷) از رابطه زیر جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت استفاده کرد:

$$1 - F_t = \left(1 - \frac{1}{2N_e}\right)^t$$

با استفاده از رابطه فوق،  $\Delta F$  را می‌توان از رگرسیون لگاریتمی  $(1-F)$  بر شماره نسل به‌دست آورد. برای سهولت محاسبات می‌توان رگرسیون لگاریتمی  $(1-F)$  را بر روی سال تولد محاسبه کرده و سپس آن را بر اساس فاصله نسلی تصحیح نمود:

$$\Delta F_{in} = (-1)bL$$

که در آن  $b$  ضریب رگرسیون لگاریتمی  $(1-F)$  بر روی سال تولد و  $L$  فاصله نسلی می‌باشد. سپس اندازه مؤثر جمعیت از رابطه زیر قابل برآورد خواهد بود:

$$N_e = \frac{1}{\Delta F_{in}}$$

### ۶- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از افزایش

$$(N_e - Ecgi)$$

در یک جامعه با تعداد افراد  $n$  که از لحاظ ژنتیکی در حالت جمعیت ایده‌آل به سر می‌برد میزان همخونی در نسل  $t$  از رابطه زیر قابل محاسبه است:

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

با استفاده از معادله فوق و با برابر قرار دادن ضریب همخونی هر فرد با متوسط ضریب همخونی جمعیت ایده‌آل که در آن همه افراد، ساختار شجره یکسانی دارند ( $F_t = F_i$ ) میزان افزایش همخونی فردی را می‌توان به‌صورت زیر نشان داد:

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

$$\Delta F_p = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

در این روش میانگین همخونی تنها گروه کوچکی از والدین (والدین حیوانات گروه  $t$ ) در هر سال برای محاسبه نرخ افزایش همخونی مورد استفاده قرار می‌گیرد. در نتیجه انتظار می‌رود که  $N_e$  برآورد شده با توجه به آمیزش‌هایی که منجر به تولد حیوانات گروه  $t$  در هر سال تولد گشته است، نوسان کند (۱۲). با این وجود مزیت این روش این است که برآوردهای حاصل از این روش منعکس‌کننده تغییرات اخیر اندازه مؤثر جمعیت می‌باشد.

### ۳- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از نرخ افزایش

$$(N_e - \Delta F_g)$$

در این روش نیز ابتدا باید دو گروه از حیوانات در نسل  $t$  و نسل  $t-1$  برای محاسبه نرخ افزایش همخونی در نظر گرفته شوند. حیوانات متولد شده در یک سال به‌عنوان گروه  $t$  در نظر گرفته می‌شوند. سپس تمام حیوانات متولد شده در محدوده زمانی یک فاصله نسلی قبل از حیوانات گروه  $t$ ، به‌عنوان گروه  $t-1$  در نظر گرفته می‌شوند. میانگین همخونی دام‌ها در این گروه به‌عنوان  $F_{t-1}$  در نظر گرفته می‌شود. سپس نرخ افزایش همخونی و اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روابط زیر برآورد می‌گردد (۷ و ۱۲):

$$\Delta F_g = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

نکته قابل توجه اینکه در این روش حیواناتی که هیچ رابطه‌ای با حیوانات گروه  $t$  ندارند نیز می‌توانند در گروه  $t-1$  حضور داشته باشند و از سوی دیگر ممکن است تمام والدین گروه  $t$  در گروه  $t-1$  حضور نداشته باشند. انتظار می‌رود برآوردهای حاصل از این روش در مقایسه با روش قبل پایاتر بوده و نوسانات کمتری داشته باشند (۱۲).

### ۴- برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از نرخ افزایش

$$(N_e - Coan)$$

نرخ تغییرات ضریب خویشاوندی افزایشی می‌تواند به جای نرخ تغییرات همخونی، در برآورد اندازه مؤثر جمعیت به‌کار برده شود. در این روش نیز ابتدا باید دو گروه از حیوانات در نسل  $t$  و نسل  $t-1$  برای محاسبه نرخ افزایش ضریب خویشاوندی در نظر گرفته شوند. حیوانات متولد شده در یک سال به‌عنوان گروه  $t$  در نظر گرفته می‌شوند و خویشاوندی ژنتیکی افزایشی بین تمام آمیزش‌های ممکن بین دام‌های نر و ماده این گروه محاسبه می‌گردد. سپس تمام حیوانات متولد شده در محدوده زمانی یک فاصله نسلی قبل از حیوانات گروه  $t$ ، به‌عنوان گروه  $t-1$  در نظر گرفته شده و خویشاوندی ژنتیکی افزایشی

جدول ۱- روش‌های برآورد اندازه مؤثر جمعیت (Ne)

Table 1- Methods for estimating effective population size

توضیحات Description	فرمول Formula	منبع Source	روش Method
$S_n$ = number of sires per generation, $D_n$ = number of dams per generation	$N_e = 4 * \frac{S_n * D_n}{S_n + D_n} * 0.7$	Wright (1984)	$N_e - Cens$ (1)
$F_t$ = inbreeding coefficient of offspring, $F_{t-1}$ = inbreeding coefficient of direct parents	$\Delta F_p = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$	Falconer & Mackay (1996)	$N_e - \Delta F_p$ (2)
$F_{t-1}$ = inbreeding coefficient of the parents' generation	$\Delta F_g = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$	Falconer & Mackay (1996)	$N_e - \Delta F_g$ (3)
$f_t$ = additive genetic relationship (AGR) of offspring, $f_{t-1}$ = AGR of parents	$\Delta f_g = \frac{f_t - f_{t-1}}{1 - f_{t-1}}$	Falconer & Mackay (1996)	$N_e - Coan$ (4)
$b$ = slope of the logarithmic regression of $\ln(1-F)$ on year of birth, $L$ = generation interval	$\Delta F_{ln} = (-1)bL$	Perez-Enciso (1995)	$N_e - Ln$ (5)
$ecg$ = sum of all known ancestors with (1/2) <sup>n</sup> , $F_i$ = individual inbreeding coefficient	$\Delta F_i = 1 - \sqrt[ecg_i]{1 - F_i}$	Gutierrez et al. (2009)	$N_e - Ecg$ (6)

گیرد استفاده از روند تغییرات همخونی یا ضریب خویشاوندی در برآورد اندازه مؤثر جمعیت می‌باشد. اگرچه در شرایط آمیزش تصادفی نتایج حاصل از هر دو روش می‌تواند یکسان باشد، با این وجود در شرایط تقسیم جمعیت به زیرجمعیت‌ها و انتخاب داخل زیرجمعیت‌ها و تبادل کم افراد بین زیرجمعیت‌ها، میانگین همخونی افراد داخل زیر جمعیت‌ها بالا خواهد بود. درحالی که میانگین ضریب خویشاوندی بین کل افراد جمعیت بسیار کمتر خواهد بود. در این شرایط استفاده از برآوردهایی که از روند تغییرات ضریب خویشاوندی استفاده می‌کنند، جهت پایش کاهش تنوع ژنتیکی در کل افراد جمعیت مناسب‌تر خواهد بود (۱ و ۳). چهار روش از شش روش مورد اشاره در جدول یک از روند تغییرات همخونی جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت استفاده می‌کنند در حالی که روش Ne-Coan از روند تغییرات ضریب خویشاوندی جهت برآورد استفاده می‌کند. بررسی وجود ساختار در جمعیت و تشکیل زیرجمعیت‌ها از طریق تفاوت بین میانگین برآوردهای حاصل از روش Ne-Coan و روش  $N_e - \Delta F_g$  انجام می‌پذیرد. مقایسه بین دو برآورد حاصل از روش‌های فوق نشان‌دهنده چگونگی تفاوت سیستم آمیزشی موجود از حالت آمیزش تصادفی خواهد بود (۳ و ۱۲). اگر برآورد حاصل از روش Ne-Coan بسیار بیشتر از برآورد حاصل از روش  $N_e - \Delta F_g$  باشد، می‌توان به تشکیل زیرجمعیت‌ها پی برده و برآورد حاصل از روش Ne-Coan را به‌عنوان برآوردی معتبر از اندازه مؤثر واقعی جمعیت مورد قبول قرار داد.

مسئله دیگر در انتخاب بهترین روش بازه زمانی مورد استفاده جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت می‌باشد. روش‌های مختلف برآورد

که در آن  $ecg$  مقدار تعداد نسل‌های معادل کامل<sup>۱</sup> می‌باشد (۱۵). بدین ترتیب مقادیر  $\Delta F_i$  محاسبه شده برای همه افراد جمعیت تحت بررسی بدون نیاز به منسوب کردن افراد به نسل‌های مجزا و با توجه به عمق شجره آنها، می‌تواند برای برآورد Ne مورد استفاده قرار گیرد. با استفاده از میانگین مقادیر  $\Delta F_i$  محاسبه شده برای افراد، می‌توان  $\overline{\Delta F}$  را برای جمعیت تحت بررسی محاسبه نمود. سپس میانگین اندازه مؤثر تحقق یافته جمعیت را می‌توان با استفاده از رابطه زیر به‌دست آورد:

$$\overline{N_e} = \frac{1}{\overline{\Delta F}}$$

گویتیز و همکاران (۱۴) با در نظر گرفتن تأخیر یک نسلی بین تغییر در فراوانی آلی ایجاد شده در اثر رانش ژنی تصادفی در نسل گذشته و همخونی فرزندان نسل کنونی، فرمول محاسبه افزایش همخونی فردی را به شکل زیر تغییر دادند:

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

که با استفاده از فرمول اخیر، برآوردهای حاصل از این روش در جمعیت‌های واقعی بهبود یافت.

شش روش به‌کار رفته برای برآورد اندازه مؤثر جمعیت در این تحقیق و اطلاعات مورد استفاده در برآورد روند تغییرات همخونی و ضریب خویشاوندی به‌طور خلاصه در جدول ۱ آورده شده است.

### انتخاب مناسب‌ترین روش

اولین مسئله‌ای که در انتخاب بهترین برآورد باید مورد توجه قرار

1- Equivalent Complete Generations

استفاده می‌کنند مرتب گردیده‌اند و سپس روش Ne-Cens به‌عنوان آخرین انتخاب که نامناسب‌ترین روش در نظر گرفته می‌شود در رتبه آخر قرار داده شده است.

اندازه مؤثر جمعیت از بازه‌های زمانی مختلفی جهت برآورد استفاده می‌کنند. روشی که کوتاه‌ترین بازه زمانی اخیر را جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت به کار می‌برد، مناسب‌ترین روش خواهد بود (۱۲). در جدول ۲ روش‌های مختلف بر اساس بازه زمانی که جهت برآورد

جدول ۲- روش‌های مورد استفاده جهت برآورد Ne با توجه به بازه زمانی اطلاعات مورد استفاده در هر روش

Table 2- Methods and time period of data used for estimating effective population size

Time period of data used for estimation	بازه زمانی اطلاعات مورد استفاده در برآورد	روش
Animals born in generation t	حيوانات متولد شده در نسل t	$N_e - Ln$
Animals and their parents born in generation t	حيوانات متولد شده در نسل t و والدين آنها	$N_e - \Delta F_p$
Animals born in generation t and t-1	حيوانات متولد شده در نسل t و نسل t-1	$N_e - \Delta F_g$
Animals born in generation t+1 and t	حيوانات متولد شده در نسل t+1 و نسل t	$N_e - Coan$
Animals with their complete ancestors born in generation t	حيوانات متولد شده در نسل t به همراه تمام اجداد موجود آنها در شجره	$N_e - Ecg$
Parents of animals born in generation t	والدين حيوانات متولد شده در نسل t	$N_e - Cens$

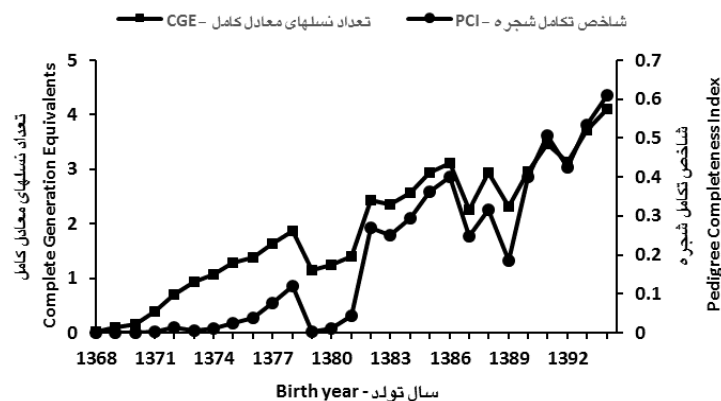
همانطوری که در جدول ۲ دیده می‌شود بازه زمانی مورد استفاده توسط روش‌های مختلف جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت متفاوت بوده و در نتیجه حساسیت آنها در پاسخ به تغییرات سریع در اندازه جمعیت متفاوت خواهد بود. بر اساس جدول ۲ و با در نظر گرفتن بازه زمانی مورد استفاده توسط روش‌های مختلف، بهترین روشی که ابتدا در نظر گرفته خواهد شد روش Ne-Ln خواهد بود. سپس برآوردهای حاصل از این روش از لحاظ احراز شرایط مورد نیاز جهت برآورد قابل قبول مورد بررسی قرار می‌گیرند. شرایط مورد نیاز جهت برآورد قابل قبول عبارتند از پایداری برآوردها و همچنین عدم برآورد منفی برای اندازه مؤثر جمعیت در بازه زمانی مورد استفاده جهت برآورد. اگر شرایط مورد نیاز جهت حصول برآورد قابل قبول برقرار نباشد روش بعدی یا همان  $N_e - \Delta F_p$  در نظر گرفته می‌شود و به همین ترتیب ادامه خواهد یافت.

همانطوری که در جدول ۲ دیده می‌شود بازه زمانی مورد استفاده توسط روش‌های مختلف جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت متفاوت بوده و در نتیجه حساسیت آنها در پاسخ به تغییرات سریع در اندازه جمعیت متفاوت خواهد بود. بر اساس جدول ۲ و با در نظر گرفتن بازه زمانی مورد استفاده توسط روش‌های مختلف، بهترین روشی که ابتدا در نظر گرفته خواهد شد روش Ne-Ln خواهد بود. سپس برآوردهای حاصل از این روش از لحاظ احراز شرایط مورد نیاز جهت برآورد قابل قبول مورد بررسی قرار می‌گیرند. شرایط مورد نیاز جهت برآورد قابل قبول عبارتند از پایداری برآوردها و همچنین عدم برآورد منفی برای اندازه مؤثر جمعیت در بازه زمانی مورد استفاده جهت برآورد. اگر شرایط مورد نیاز جهت حصول برآورد قابل قبول برقرار نباشد روش بعدی یا همان  $N_e - \Delta F_p$  در نظر گرفته می‌شود و به همین ترتیب ادامه خواهد یافت.

در این تحقیق جهت محاسبه شاخص تکامل شجره از نرم‌افزار

### نتایج و بحث

بر اساس نتایج حاصل، ۷۰٪ حیوانات موجود در فایل شجره دارای پدر و مادر معلوم بودند. روند شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل در طول سال‌های مورد مطالعه در شکل ۱ نشان داده شده است.



شکل ۱- روند شاخص تکامل شجره (PCI) و تعداد نسل‌های معادل کامل (CGE) در طول سال‌های مورد مطالعه

Figure 1- Evolution of pedigree completeness index (PCI) and complete generation equivalent (CGE) in the studied years

جهت برآورد همخونی و ضریب خویشاوندی دام‌ها و به تبع آن برآورد اندازه مؤثر جمعیت در سطح قابل قبولی قرار داشت. مقادیر اندازه مؤثر جمعیت (Ne) به‌دست آمده با روش‌های مختلف به همراه بازه زمانی مورد استفاده و اشتباه استاندارد برآوردها در جدول ۳ نشان داده شده است.

همانطور که در شکل ۱ دیده می‌شود، سطح تکامل شجره در سال‌های اولیه شروع به کار مرکز کم بوده و با ادامه روند ثبت مشخصات دام‌های متولد شده در هر سال، به تدریج میزان سطح تکامل شجره دام‌ها افزایش یافته است. میانگین شاخص تکامل شجره و تعداد نسل‌های معادل کامل دام‌های متولد شده در سال‌های انتهایی فایل شجره به ترتیب در حدود ۰/۶۱ و ۴/۱ بود که این مقادیر

جدول ۳- مقادیر برآوردهای اندازه مؤثر جمعیت توسط روش‌های مختلف

Table 3- Effective population size estimated with different methods

Ne-Ecg	Ne-Ln	Ne-Coan	$N_e - \Delta F_g$	$N_e - \Delta F_p$	Ne-Cens	سال Year
153	126	41	91	-25628	98	1394
140	62	77	115	454	121	1393
120	332	-256	460	8369	112	1392
113	61	-391	258	237	115	1391
135	180	-168	1665	198	121	1390
146	-290	-259	432	139	138	1389
1368-1394	1391-1394	1391-1398	1387-1394	1387-1394	1387-1390	بازه زمانی مورد استفاده Data history
3.8	156.5	108.1	158.8	12101.1	9.9	اشتباه استاندارد Standard Error

برای اندازه مؤثر جمعیت به‌دست نیامده باشد. با توجه به نتایج جدول ۳، در برآوردهای حاصل از روش ۲ و ۴ مقدار عددی Ne برآورد شده برای برخی سال‌ها در بازه زمانی مورد استفاده جهت برآورد منفی می‌باشد که این اعداد نمی‌توانند به‌عنوان یک برآورد منطقی و قابل قبول مد نظر قرار گیرند.

یکی از معیارهایی که می‌تواند جهت بررسی میزان تغییرات Ne مورد استفاده قرار گیرد ریشه دوم واریانس باقی‌مانده‌ها پس از برازش خط رگرسیونی برآوردها بر سال تولد می‌باشد که در این تحقیق و بر اساس پیشنهاد نرم‌افزار مورد استفاده (POPREP) حداکثر مقدار قابل قبول این معیار ۲۰ در نظر گرفته شد (۱۲). با توجه به نتایج جدول ۳، مقدار این آماره برای روش‌های ۲، ۳، ۴ و ۵ بیشتر از آستانه مورد نظر یعنی ۲۰ بود و در بین روش‌های به‌کار گرفته شده تنها برآوردهای حاصل از روش‌های ۱ و ۶ دارای اشتباه استاندارد کمتر از آستانه مورد نظر بودند که مقدار این پارامتر در روش ۶ از همه روش‌های دیگر کمتر بود.

با توجه به ساختار شجره مورد استفاده در این تحقیق و با در نظر گرفتن شرایط مورد نیاز جهت برآورد قابل قبول از اندازه مؤثر جمعیت، روش ۶ (Ne-Ecg) به‌عنوان بهترین روش برای برآورد اندازه مؤثر جمعیت گوسفندان نژاد سنگسری انتخاب گردید. میانگین برآوردهای Ne حاصل از این روش در بازه زمانی یک فاصله نسلی قبل از آخرین سال تولد حدود ۱۳۱ راس بود.

بر طبق پیشنهادات فائو (۸) اندازه مؤثر جمعیت حداقل باید ۵۰

با استفاده از برآوردهای جدول ۳ می‌توان جمعیت مورد نظر را از لحاظ تشکیل زیرجمعیت‌ها و آمیزش بین افراد داخل زیرجمعیت‌ها مورد بررسی قرار داد. در حالی که آمیزش‌ها داخل افراد زیرجمعیت‌ها انجام بگیرد میانگین همخونی افراد داخل زیرجمعیت‌ها به‌سرعت بالا خواهد رفت، در حالی که میانگین خویشاوندی ژنتیکی افزایشی بین تمام افراد جمعیت هنوز در سطح پایین‌تری از میانگین همخونی جمعیت قرار خواهد داشت. برای بررسی تشکیل زیرجمعیت‌ها در داخل جمعیت، میانگین برآوردهای حاصل از روش ۴ با میانگین برآوردهای حاصل از روش ۲ مورد مقایسه قرار گرفت. همانطور که در جدول ۳ نشان داده شده، میانگین برآوردهای حاصل از روش ۴ از لحاظ عددی (۱۳۲/۲۵-) کمتر از میانگین برآوردهای حاصل از روش ۲ (۲۳۱) بود که نشان‌دهنده عدم تقسیم جمعیت به زیرجمعیت‌ها می‌باشد.

حداقل بازه زمانی مورد نیاز جهت برآورد اندازه مؤثر جمعیت در روش‌های مختلف به اندازه یک فاصله نسلی می‌باشد. در برخی موارد روند تغییرات همخونی و ضریب خویشاوندی در طول بازه زمانی مورد استفاده جهت برآورد، به‌صورت نزولی می‌باشد که منجر به برآوردهای منفی برای اندازه مؤثر جمعیت خواهد گردید. این گونه برآوردها غیر منطقی و بی‌مفهوم بوده و نمی‌توانند به‌عنوان یک برآورد منطقی از اندازه مؤثر جمعیت مد نظر قرار گرفته شوند (۱۲ و ۱۵). بنابراین یکی از شرایط لازم جهت برآورد قابل قبول که توسط نتایج خود نرم‌افزار POPREP نیز مد نظر قرار گرفته می‌شود، عبارت‌است از اینکه در بازه زمانی که از آن جهت برآورد استفاده می‌گردد هیچ برآورد منفی

تحقیق (روش افزایش همخونی فردی) به‌ترتیب ۲۳۱، ۱۸۲، ۱۰۸، ۷۸، ۱۷۲ و ۱۵۴ رأس برآورد کردند. اندازه مؤثر جمعیت کمتر نژاد رومانو در مقایسه با نژادهای دیگر به پیش‌بینی ارزش ارثی و انجام آزمون نتاج و فشار انتخاب بیشتر در این نژاد نسبت به نژادهای دیگر نسبت داده شده است. لی و همکاران (۱۹) با استفاده از روش مشابه به‌کار رفته در تحقیق حاضر، اندازه مؤثر جمعیت گوسفند فینشپ فنلاند را ۱۲۲ رأس گزارش کردند. همچنین اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده در این تحقیق با برآوردهای به‌دست آمده برای نژادهای گوسفند داخل کشور قابل مقایسه می‌باشد. اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده برای گوسفند نژاد سنگسری در محدوده برآوردهای حاصل برای برخی نژادهای گوسفند ایرانی از جمله گوسفندان نژاد بلوچی (۱۳۴)، کرمانی (۱۰۰) و لری بختیاری (۱۰۱) می‌باشد (۳۳، ۲۹ و ۲۴).

با توجه به بسته بودن این گله هسته اصلاح نژادی و با در نظر گرفتن عدم ورود دام از خارج گله به داخل، اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده برای این دام‌ها در سطح مطلوبی قرار دارد. با این وجود به علت بسته بودن جمعیت و همچنین وقوع رانش ژنتیکی تصادفی که از خصوصیات جمعیت‌های بسته می‌باشد، برای جلوگیری از کاهش اندازه مؤثر جمعیت در آینده می‌توان از روش‌های کنترل افزایش همخونی در این گله استفاده نمود. روش‌های مختلفی برای مدیریت اندازه مؤثر جمعیت در کنار برنامه انتخاب و بهینه کردن روند همخونی جمعیت و پیشرفت ژنتیکی ارائه شده است که در بین آنها تئوری مشارکت بهینه والدین بهترین نتایج را در گله‌های اصلاح نژادی ارائه داده است (۲۸، ۳۴ و ۳۵). در این روش پس از پیش‌بینی ارزش‌های ارثی دام‌ها، روابط خویشاوندی بین همه دام‌ها محاسبه می‌گردد و سپس با استفاده از مدل‌های ریاضی، دام‌ها به نحوی انتخاب می‌گردند که تا جایی که امکان دارد هم بهترین دام‌ها از نظر ارزش ارثی انتخاب گردند و هم پس از محاسبه میزان مشارکت والدین در تولید نسل بعد، میانگین همخونی فرزندان آن‌ها در حالت آمیزش تصادفی حداقل گردد (۲۸). به‌کارگیری روش مشارکت بهینه والدین در این گله دور از دسترس نبوده و با توجه به ثبت شجره دام‌ها و رکورددگیری صفات اقتصادی، استفاده از این روش به‌عنوان کارآمدترین روش مدیریت اندازه مؤثر جمعیت در گله‌های هسته تحت انتخاب در این گله نیز توصیه می‌گردد.

### سیاسگزاری

این مقاله مستخرج از طرح پژوهشی مصوب به شماره ۲۷/۳۳۸۸ص در نشست کمیسیون پژوهشی دانشگاه تبریز بوده و با حمایت مالی دانشگاه تبریز اجرا شده است که بدین‌وسیله از مساعدت و همکاری حوزه معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه تبریز تشکر و قدردانی می‌گردد. همچنین نویسندگان، از مسئولین محترم ایستگاه

رأس باشد. این در حالی است که بر اساس پیشنهاد مویسن (۲۲) با در نظر گرفتن جهش و رانش ژنی میزان قابل قبول اندازه مؤثر جمعیت باید بین ۵۰ تا ۱۰۰ رأس در نظر گرفته شود. البته این حدود آستانه‌ای، اعداد قطعی برای جمعیت‌های اصلاحی نمی‌باشند، بلکه از تئوری‌های ژنتیک کمی و با در نظر گرفتن اینکه انتخاب طبیعی اثرات افت هم‌خونی را خنثی می‌نماید، استخراج شده‌اند (۲۶ و ۳۰). اگر کاهش واریانس پاسخ به انتخاب در اثر رانش ژنتیکی تصادفی به‌عنوان یک معیار و هدف در نظر گرفته شود میزان قابل قبول اندازه مؤثر جمعیت باید خیلی بیشتر از این مقادیر باشد (۱۰، ۱۱، ۲۵، ۲۸ و ۳۵). لروی و همکاران (۱۸) اندازه مؤثر جمعیت ۱۴۰ جمعیت شامل ۴۰ نژاد گوسفند، ۲۰ نژاد گاو، ۲۰ نژاد اسب و ۶۰ نژاد سگ را با استفاده از اطلاعات شجره و با شش روش مختلف مورد بررسی قرار دادند. بر طبق نتایج این محققین، تعیین یک حد آستانه‌ای مطلق به‌عنوان یک مقدار قابل قبول از اندازه مؤثر جمعیت امکان‌پذیر نبوده و اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده باید با در نظر گرفتن عواملی چون روش به‌کار گرفته شده جهت برآورد، گونه دامی و ساختار جمعیت تحت بررسی مورد تفسیر قرار گیرد.

با این وجود، برآورد به‌دست آمده در این تحقیق برای گوسفند نژاد سنگسری بالاتر از مقادیر بحرانی ۵۰ تا ۱۰۰ اعلام شده توسط فائو (۸) و مویسن (۲۲) می‌باشد. همچنین همانند اکثر نژادهای دیگر گوسفند، برآورد به‌دست آمده در این تحقیق در مقایسه با اعداد به‌دست آمده برای نژادهای گاو شیری وضعیت بهتری دارد. در اکثر نژادهای گاو شیری برخلاف تعداد زیاد جمعیت کنونی آنها، اندازه مؤثر جمعیت کمتر از مقادیر بحرانی می‌باشد. ویگل (۳۴) اندازه مؤثر جمعیت نژادهای آیرشایر، براون سویس، گرنزی، هلشتاین و جرسی را در ایالات متحده آمریکا به‌ترتیب ۱۶۱، ۶۱، ۶۵، ۳۹ و ۳۰ رأس گزارش نمود. وی خاطر نشان نمود که اندازه مؤثر کل جمعیت‌های این نژادها نمی‌تواند از مقادیر به‌دست آمده در کشور آمریکا بیشتر باشند، چرا که گاوهای نر معروف در اکثر کشورها به‌وفور مورد استفاده قرار گرفته‌اند. برآوردهای اندازه مؤثر به‌دست آمده برای گاوهای شیری دانمارک، آلمان، فرانسه و کانادا تأییدی برای این ادعا می‌باشند (۵، ۱۷، ۱۸، ۲۱، ۳۰ و ۳۱).

در مقایسه با گاوهای شیری، نژادهای گوسفند از نظر اندازه مؤثر جمعیت در وضعیت بهتری به سر می‌برند که این وضعیت بهتر تا حدودی می‌تواند به عدم استفاده از تلفیح مصنوعی و در نتیجه عدم امکان ایجاد اختلاف زیاد در تعداد فرزندان قوچ‌ها مربوط گردد (۶). اندازه مؤثر جمعیت برآورد شده در این تحقیق در محدوده برآوردهای گزارش شده برای برخی نژادهای گوسفند فرانسه و نژاد فینشپ فنلاند قرار دارد. دانچین برگ و همکاران (۶) اندازه مؤثر جمعیت نژادهای بلودومین، چارومایز، کنتین، رومانو، روسین دلاهاگو و سولوگوت فرانسه را با استفاده از روش مشابه به‌کار رفته در این

پرورش و اصلاح نژاد گوسفند سنگسری دامغان به دلیل در اختیار قرار دادن داده‌های مورد نیاز، کمال تشکر و قدردانی را به عمل می‌آورند.

## منابع

1. Bartolomé, E., F. Goyache, A. Molina, I. Cervantes, M. Valera, and J.P. Gutiérrez. 2010. Pedigree estimation of the (sub) population contribution to the total gene diversity: the horse coat colour case. *Animal*, 4:867-870.
2. Berg, P., J. Nielsen, and M. K. Sørensen. 2006. EVA: realized and predicted optimal genetic contributions. Page 13-18 In Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil.
3. Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera, and J. P. Gutiérrez. 2011. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128:56-63.
4. Cervantes, I., F. Goyache, A. Molina, M. Valera, and J.P. Gutierrez. 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125:301-310.
5. Danchin-Burge, C., S. J. Hiemstra, and H. Blackburn. 2011. Ex situ conservation of Holstein-Friesian cattle: comparing the Dutch, French, and US germplasm collections. *Journal of Dairy Science*, 94:4100-4108.
6. Danchin-Burge, C., I. Palhière, D. François, B. Bibé, G. Leroy, and E. Verrier. 2010. Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *Journal of Animal Science*, 88:505-516.
7. Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman Group Ltd., Edinburgh.
8. FAO. 2007. *The State of World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. United states Food and Agriculture Organization.
9. FAO. 2013. *In vivo conservation of animal genetic resources*. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome.
10. Frankham, R., D. A. Briscoe, J. D. Ballou, and D. A. Briscoe. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press. Cambridge.
11. Franklin, I., and R. Frankham. 1988. How large must populations be to retain evolutionary potential? *Animal Conservation*, 1:69-70.
12. Groeneveld, E., B. D. Westhuizen, A. Maiwashe, F. Voordewind, and J. B. Ferraz. 2009. POPREP: a generic report for population management. *Genetic and Molecular Research*, 8:1158-1178.
13. Groeneveld, L. F., J. A. Lenstra, H. Eding, M. A. Toro, B. Scherf, D. Pilling, R. Negrini, E. K. Finlay, H. Jianlin, E. Groeneveld, and S. Weigend. 2010. Genetic diversity in farm animals - A review. *Animal Genetics*, 41:6-31.
14. Gutierrez, J. P., I. Cervantes, and F. Goyache. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126:327-332.
15. Gutiérrez, J. P., I. Cervantes, A. Molina, M. Valera, and F. Goyache. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetic Selection Evolution*, 40:359-378.
16. Gutiérrez, J. P., and F. Goyache. 2005. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122:172-176.
17. Koenig, S., and H. Simianer. 2006. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock Science*, 103:40-53.
18. Leroy, G., T. Mary-Huard, E. Verrier, S. Danvy, E. Charvolin, and C. Danchin-Burge. 2013. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genetic Selection Evolution*, 45:1-8.
19. Li, M. H., I. Strandén, and J. Kantanen. 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *Journal of Animal Science*, 87:1598-1605.
20. MacCluer, J. W., A. J. Boyce, B. Dyke, L. R. Weitkamp, D. W. Pfenning, and C. J. Parsons. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*, 74:394-399.
21. Maignel, L., D. Boichard, and E. Verrier. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*, 14:49-54.
22. Meuwissen, T. 1999. Operation of conservation schemes. Pages 91-112 in *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*, Lelystad, Netherlands.
23. Miraei-Ashtiani, S. R., S. A. R. Seyedalian, and M. Moradi Shahrabak. 2007. Variance components and heritabilities for body weight traits in Sangsari sheep, using univariate and multivariate animal models. *Small Ruminant Research*, 73:109-114.
24. Mokhtari, M. S., M. M. Shahrabak, A. K. Esmailzadeh, R. Abdollahi-Arpanahi, and J. P. Gutierrez. 2013. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. *Small Ruminant Research*, 114:202-205.
25. Nomura, T., T. Honda, and F. Mukai. 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, 79:366-370.



26. Norberg, E., and A. C. Sørensen. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *Journal of Animal Science*, 85:299-304.
27. Pérez-Enciso, M. 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 112:327-332.
28. Pong-Wong, R., and J. a Woolliams. 2007. Optimisation of contribution of candidate parents to maximise genetic gain and restricting inbreeding using semidefinite programming. *Genetic Selection Evolution*, 39:3-25.
29. Sheikhlou, M., and M. A. Abbasi. 2016. Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. *Small Ruminant Research*, 141:99-105.
30. Sørensen, A. C., M. K. Sørensen, and P. Berg. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 88:1865-1872.
31. Stachowicz, K., M. Sargolzaei, F. Miglior, and F. S. Schenkel. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science*, 94:5160-75.
32. Taberlet, P., A. Valentini, H. R. Rezaei, S. Naderi, F. Pompanon, R. Negrini, and P. Ajmone-Marsan. 2008. Are cattle , sheep , and goats endangered species ? *Molecular Ecology*, 17:275-284.
33. Tahmoorespur, M., and M. Sheikhlou. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 99:1-6.
34. Weigel, K. A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of Dairy Science*, 84:177-184.
35. Woolliams, J. A., P. Berg, B. S. Dagnachew, and T. H. E. Meuwissen. 2015. Genetic contributions and their optimization. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132:89-99.
36. Wright, S. 1984. *Evolution and the genetics of populations*. University of Chicago Press, Chicago.

## Estimating the Effective Population Size of Sangsari Sheep Using Different Methods Based on Pedigree Analysis

M.R. Sheikhlou<sup>1\*</sup> - E. Abdi Ghezeljeh<sup>1</sup> - R. Safari<sup>1</sup> - Z. Nemati<sup>1</sup>

Received: 10-02-2017

Accepted: 24-06-2017

**Introduction:** The practices that make breeding programs effective in generating genetic gain results the reduction in genetic diversity. The loss of diversity and the resulting increase in homozygosity may result in decreased production and fitness of inbred animals. One of the important parameters in assessing the level of genetic diversity of population is effective population size. Effective population size is a key parameter in population and conservation genetics due to its direct relationship with the rate of inbreeding and the amount of genetic variation lost because of random genetic drift. As a consequence, effective population size is usually considered as a useful criterion for classifying the livestock breeds according to the degree of endangerment. Classically, effective population size can be estimated from the rate of inbreeding between two successive generations. However, in real populations with overlapping generations, the definition of a 'previous' generation is quite difficult to establish and assignment of animals to various generations is not simple. A number of methods are available to estimate the effective population size on the basis of pedigree in livestock populations. However, when it comes to monitoring animal genetic resources not all methods are equally well suited and depending on the conditions in the population under consideration, different methods may have to be chosen. The objective of this study was to estimate effective population size in the breeding flock of sangsari sheep using different methods and to select the best estimates among them according to the pedigree structure.

**Material and Methods:** In this study the pedigree information of Sangsari sheep collected in 28 years (1988-2015) at breeding station of Damghan were used to estimate effective population size. The quality of available pedigree information is of great importance when interpreting the results of pedigree analysis. Thus, the degree of completeness of pedigree was assessed before analysis. For the whole file, the proportion of animals with both parents known was computed by simple counting. The pedigree completeness index (PCI) was used to describe the degree of completeness of pedigree. In addition, for each individual, the number of equivalent complete generations (EqG) was computed. Effective population size was estimated using the six different methods. The best method was selected considering some criteria such as time period used, subpopulation stratification, stability of estimates and negative estimate for effective population size.

**Results and Discussion:** The proportion of animals from the whole file with two known parents was 70%. The completeness of pedigree was low in the early years of the foundation of the center, however, pedigree filling improved over time, with the most recent cohort of lambs having pedigree completeness index of 0.61 and equivalent complete generations of 4.1. Accordingly, the pedigree had an acceptable completeness level for estimation of the effective population size. Estimates for effective population size were different according to the methods used for estimation. Estimated effective population size from  $N_e - \Delta F_p$  and Ne-Coan resulted negative values for some years in the time period of last generation interval, which is clearly meaningless and leads to the rejection of these estimates. Another criteria for choosing the best method is the variability of estimates that should be as small as possible. Here, we consider the square root of the residual after fitting a linear regression to the yearly Ne estimates that should not be greater than 20. In all methods this criteria was greater than the critical value (20) except for the methods Ne-Cens and Ne-Ecg, and Ne-Ecg has the smaller value between the methods. Considering the necessary criteria, estimates from the method of individual increase in inbreeding (Ne-Ecg) were chosen as the best estimates for effective population size in this pedigree. Average estimated effective population size using this method was 131 animals.

**Conclusion:** Estimated realized effective population size was greater than the critical levels reported by FAO (50) and Meuwissen (100). Also, the estimated effective population size in this study was in the range of

1- Assistant professor, Department of Animal Science, Ahar Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tabriz, Iran.

(\*- Corresponding author email: mr.sheikhlou@gmail.com)

estimates for some foreign and Iranian sheep breeds. Considering the closed nucleus with no entry of animals from other herds, implementation of methods for preventing the losses of effective population size in the future such as optimum contribution of parents is suggested.

**Keywords:** Effective population size, Inbreeding, Pedigree analysis, Sangsari sheep

