

تحلیل شجره و بررسی همخونی در گوسفند نژاد لری بختیاری

محمد کشاورزپور¹ - محمد رضا بحرینی بهزادی^{2*} - مصطفی محقق دولت‌آبادی³

تاریخ دریافت: 1395/06/27

تاریخ پذیرش: 1395/10/01

چکیده

هدف از این پژوهش بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی و همچنین بررسی کاهش عملکرد ناشی از همخونی صفات وزن بدن در سنین مختلف در گوسفندان لری بختیاری بود. از اطلاعات مربوط به 7693 رأس دام (2478 رأس بره نر و 5215 رأس بره ماده) متولد سال‌های 1368 تا 1389 حاصل از 274 رأس قوچ و 2006 رأس میش استفاده شد. برای محاسبه ضرایب همخونی از نرم‌افزار CFC، تحلیل‌های شجره از نرم‌افزار ENDOG و محاسبه تابعیت صفات از همخونی، از نرم‌افزار WOMBAT استفاده شد. برای توصیف تنوع ژنتیکی این جمعیت از فراسنجه‌های تحلیل احتمال منشأ ژن استفاده گردید. تعداد حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار به ترتیب 506، 105، 90، 65 و 181 رأس برآورد شد. میانگین فاصله نسل در این جمعیت 4/23 سال و اندازه مؤثر جمعیت 249 رأس بود. متوسط هم‌تباری و متوسط ضریب همخونی به ترتیب 0/76 و 0/56 درصد برآورد شد. ضریب تابعیت وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی از همخونی به ترتیب 11-، 106/6-، 259/7-، 161/2- و 239/9- گرم محاسبه شد. نتایج حاصل از فراسنجه‌های تحلیل احتمال منشأ ژن نشان دهنده کاهش تنوع ژنتیکی این جمعیت بود. میزان کاهش عملکرد ناشی از همخونی صفات وزن بدن در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه نسبت به گزارش‌های سایر نژادها در ایران بیشتر بود که نشان دهنده جفتگیری‌های افراد خویشاوند در این گله می‌باشد. همچنین وجود کاهش عملکرد ناشی از همخونی صفات وزن بدن نیز کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه را تأیید کرد.

واژه‌های کلیدی: ساختار شجره، صفات رشد، گوسفند لری بختیاری، همخونی.

مقدمه

می‌توان به صورت توانایی پاسخ به تغییرات محیطی تعریف کرد (30). افزایش خویش آمیزی سبب کاهش اندازه مؤثر جمعیت، افزایش همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت خواهد شد. افزایش همخونی و هم‌تباری در جمعیت نیز می‌تواند موجب کاهش واریانس ژنتیکی داخل لاین و افزایش واریانس ژنتیکی بین لاین‌ها شود (9). تحلیل شجره ابزاری مهم برای توصیف تنوع ژنتیکی و تغییرات آن در طی نسل‌های مختلف است.

از طریق تحلیل شجره فراسنجه‌های نشان‌دهنده ساختار جمعیت محاسبه می‌شوند. برخی از فراسنجه‌های جمعیت که تحت تأثیر مدیریت و نظام پرورشی هستند اثر زیادی روی تنوع ژنتیکی دارند. برای کاربردی کردن برنامه‌های اصلاح نژادی ضروری است که عوامل مختلف اثرگذار بر انتخاب و پیشرفت ژنتیکی که فراسنجه‌های جمعیت هستند مانند اندازه مؤثر جمعیت، فاصله نسل و همخونی در دسترس فرد اصلاح‌گر باشند. اندازه مؤثر جمعیت که با استفاده از نرخ همخونی محاسبه می‌شود به‌عنوان شاخصی از تنوع ژنتیکی و رانش ژنی بوده و برای تشخیص خطر انقراض جمعیت‌های دامی و همچنین تشخیص تنوع ژنتیکی مورد نیاز برای انجام انتخاب استفاده می‌شود

گوسفند لری بختیاری یکی از نژادهای بزرگ جثه و دنبه‌دار کشور است. هدف اصلی پرورش این نژاد تولید گوشت بوده و دارای ظرفیت بالقوه برای سود بیشتر از طریق مدیریت بهتر و بهبود ژنتیکی است. این نژاد با جمعیتی بیش از 1700000 رأس، عمدتاً در استان چهارمحال و بختیاری و تحت نظام‌های عشایری و روستایی پرورش می‌یابد و سالانه با تولید بیش از 23 هزار تن گوشت قرمز نقش مهمی در تولید پروتئین حیوانی دارا می‌باشد (35).

بررسی تنوع ژنتیکی نژادها یکی از مباحث مهم اصلاح نژاد دام بوده و تلاش‌های زیادی برای ارائه برنامه‌های مناسب به منظور حفظ تنوع ژنتیکی در سطح مطلوب انجام می‌شود. در واقع یکی از وظایف اصلی برنامه‌های اصلاح نژادی حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت برای اطمینان از پاسخ به انتخاب بلند مدت است (3). تنوع ژنتیکی را

1، 2 و 3- به‌ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج.

(* - نویسنده مسئول: Email: bahreini@yu.ac.ir)

گوسفند لری بختیاری شامل 2478 رأس بره نر و 5215 رأس بره ماده حاصل از 274 رأس قوچ و 2006 رأس میش استفاده شد. رکوردها طی سال‌های 1368 تا 1389 در ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری شهرستان شهرکرد جمع‌آوری شده بود. از نرم‌افزار Excel برای آماده‌سازی فایل شجره و فایل‌های داده و بر طرف نمودن خطاهای احتمالی استفاده شد. نرم‌افزار CFC برای محاسبه ضرایب همخونی و نرم‌افزار ENDOG (نسخه 4/8) برای انجام سایر تحلیل‌های شجره مورد استفاده قرار گرفت (15 و 31). فاصله نسل در چهار مسیر احتمالی پدر - پسر (L_{mm})، پدر - دختر (L_{mf})، مادر - پسر (L_{fm}) و مادر - دختر (L_{ff}) محاسبه و میانگین فاصله نسل به صورت میانگین این چهار مسیر تعیین شد. ضریب همخونی حیوانات موجود در شجره با استفاده از روش میوویسن و لویو (22) موجود در نرم‌افزار CFC محاسبه گردید. اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از فرمول 1 محاسبه شد که در آن t تعداد نسل‌های معادل کامل برای آن حیوان، F_i میزان همخونی حیوان و ΔF_i افزایش ضریب همخونی در هر نسل می‌باشد (16).

$$\Delta F_i = 1 - t \sqrt{1 - F_i} \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F_i} \quad (1)$$

تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با استفاده از رابطه $f_g = 1 / \sum p_i^2$ برآورد شد که در آن p_i میزان مشارکت مورد انتظار هر یک از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع است (5). تعداد مؤثر اجداد با استفاده از رابطه $f_g = 1 / \sum p_k^2$ تعیین شد که در آن p_k میزان مشارکت تصحیح شده مورد انتظار هر یک از اجداد اصلی تعیین‌کننده تنوع ژنتیکی جمعیت می‌باشد (4). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از فرمول $N_g = 1 / 2f_g$ محاسبه شد که در آن f_g متوسط هم‌تباری افراد در جمعیت مرجع است. برای محاسبه تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار نیز از فرمول $f_{ng} = 1 / (\frac{1}{N_g} - \frac{1}{f_g})$ استفاده شد (5).

با توجه به اینکه یکی از پیامدهای کاهش تنوع ژنتیکی، افزایش روابط خویشاوندی در جمعیت و در نتیجه کاهش عملکرد ناشی از همخونی است، این پدیده در صفات وزن بدن در سنین مختلف این نژاد مورد بررسی قرار گرفت. برای این منظور از تعداد 6433 رکورد وزن تولد، 6324 رکورد وزن شیرگیری، 4928 رکورد وزن شش ماهگی، 3328 رکورد وزن نه ماهگی و 3132 رکورد وزن یک سالگی استفاده شد. برای محاسبه تابعیت صفات از همخونی، از نرم‌افزار WOMBAT و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و الگوریتم میانگین اطلاعات (AI) و برازش 6 مدل دام مختلف استفاده شد (23). این مدل‌ها اهمیت وجود یا عدم وجود اثر عوامل مادری را تعیین می‌کنند. ابتدا تجزیه واریانس عوامل ثابت مؤثر بر صفات مورد مطالعه با استفاده از رویه GLM برنامه آماری SAS انجام شد. اثر

(8). کاهش اندازه مؤثر جمعیت با پدیده‌های نامطلوب مختلفی از جمله کاهش عملکرد ناشی از همخونی در صفات مرتبط با شایستگی در ارتباط است که علت آن کاهش تنوع ژنتیکی می‌باشد. چون بسیاری از افراد سهمی اندک و یا در برخی موارد هیچ سهمی در خزانه ژنی نسل‌های آینده ندارند، اندازه مؤثر جمعیت غالباً از تعداد واقعی مولدها کمتر است (24). در مورد اثر همخونی بر صفات رشد در نژادهای مختلف گوسفند پژوهش‌های متعددی انجام شده است که در بیشتر آنها اثر منفی همخونی بر صفات مورد مطالعه گزارش شده است (1، 2 و 7).

در سال‌های اخیر تحلیل شجره به‌عنوان یک روش مناسب برای بررسی اثر نوع آمیزش و اجرای برنامه انتخاب بر تنوع ژنتیکی جمعیت و اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی باقی‌مانده در جمعیت و ارائه راهبردهای اصلاح نژادی در ایران مورد استفاده قرار گرفته است (11، 12، 25، 33 و 34). گزارش شده است که انجام انتخاب بر مبنای محاسبه ارزش اصلاحی به روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی منجر به افزایش روابط خویشاوندی در جامعه خواهد شد (11 و 12). همچنین با بررسی تنوع ژنتیکی گوسفندان بلوچی مرکز اصلاح نژاد دام شمال شرق کشور و توده‌های بسته بز مرخز، مشخص شد که این جمعیت‌ها از تنوع ژنتیکی نسبتاً مناسبی برخوردار هستند (25 و 34). پژوهش انجام شده در گوسفندان ماکویی نشان داده است که به‌علت اجرای برنامه انتخاب و وقوع گردنه‌ها در شجره و رانش ژنتیکی تصادفی، تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه در مقایسه با جمعیت حیوانات بنیان‌گذار کاهش یافته است (33). همچنین گزارش شده است که استفاده نامتعادل از حیوانات برتر برای تولید نسل و یا به عبارت دیگر استفاده از چندین حیوان برتر به‌عنوان والدین نسل بعد می‌تواند سبب کاهش تنوع ژنتیکی در یک نژاد شود (4). لذا آگاهی از ساختار شجره، سطوح همخونی و اندازه مؤثر جمعیت می‌تواند برای جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی و کاهش شایستگی ناشی از همخونی (مثلاً کاهش باروری) استفاده شود.

چندین سال است که ایستگاه‌های اصلاح نژاد در کشور راه اندازی شده و فعالیت می‌کنند و بررسی تنوع ژنتیکی مرتبط با صفات اقتصادی یکی از ضروریات حوزه اصلاح نژاد است. لذا هدف اساسی پژوهش حاضر استفاده از تحلیل شجره برای بررسی ساختار جمعیت و تنوع ژنتیکی در گوسفندان نژاد لری بختیاری بود. همچنین با توجه به اینکه افزایش همخونی و در نتیجه کاهش عملکرد ناشی از همخونی می‌تواند از پیامدهای کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت باشد، هدف دیگر این پژوهش تعیین و بررسی میزان کاهش عملکرد ناشی از همخونی در صفات وزن بدن در سنین مختلف بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش برای تحلیل شجره از اطلاعات مربوط به 7693

شده است (2 و 13). میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و افراد همخون در پژوهش حاضر نزدیک به گزارش موجود در گوسفند مغانی می‌باشد (13). در گوسفند بلوچی نیز میانگین ضریب همخونی کل جمعیت 1/95 درصد گزارش گردید (32).

توزیع ضرایب همخونی جمعیت مورد مطالعه نشان داد که 72 درصد افراد جمعیت غیر همخون و 28 درصد دارای همخونی بودند. از 28 درصد افراد دارای همخونی، تقریباً 25 درصد آنها $0 < F \leq 5$ ، 1/6 درصد آنها $5 < F \leq 10$ و 1/4 درصد باقیمانده نیز $10 < F \leq 25$ درصد همخونی داشتند. به طور کلی تعداد زیاد افراد غیر همخون در این جمعیت و همچنین این نکته که 91 درصد افراد همخون دارای ضریب همخونی مساوی یا کمتر از 5 درصد بودند، نشان دهنده پایین بودن میزان همخونی در این جمعیت است. درصد افراد همخون گزارش شده در جمعیت گوسفندان مغانی نزدیک به پژوهش حاضر و برابر با 29 درصد بود (13). در شکل 1 تعداد افراد همخون و تعداد افراد جمعیت گوسفند لری بختیاری مورد مطالعه در طی سال‌های مختلف با هم مقایسه شده است. همان‌طور که در این شکل نمایان است، تعداد افراد همخون در طی سال‌های انجام پژوهش دارای روندی افزایشی است.

از سال 1368 تا سال 1376 تعداد حیوانات همخون بسیار کم بود و یا اصلاً در گله وجود نداشت. از سال 1377 تا سال 1388 تعداد افراد همخون در این جمعیت افزایش می‌یابد به طوری که این تعداد در سال 1388 به 345 رأس می‌رسد که بیشترین تعداد افراد همخون در بین تمام سال‌های مطالعه می‌باشد. بیشترین و کمترین تعداد افراد جمعیت به ترتیب در اولین و دومین سال پژوهش با 506 و 174 رأس بود. از سال 1370 به بعد جمعیت گوسفند لری بختیاری در طی سال‌های مختلف دارای روند تغییرات تقریباً متعادلی بود. تعداد افراد جمعیت و تعداد حیوانات همخون جمعیت در سال‌های پایانی به هم نزدیک شده است که نشان دهنده افزایش نسبت تعداد افراد همخون به تعداد افراد جمعیت می‌باشد.

ساده‌ترین روش بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم می‌باشد که در مطالعه حاضر 92 درصد حیوانات دارای والدین معلوم بودند. این فراسنجه در گوسفندان بلوچی و بز مرخز به ترتیب به میزان 88 و 65 درصد گزارش شده است (25 و 34). روش دیگر بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین حداکثر تعداد نسل ردیابی شده است. حداکثر تعداد نسل ردیابی شده با شمارش تعداد نسل بین حیوان تا قدیمی‌ترین جدش محاسبه می‌شود (21). سطح کامل بودن شجره توسط این شاخص در جمعیت گوسفند لری بختیاری مورد مطالعه 8 نسل بود. به عبارت دیگر با گذشت زمان و کامل شدن شجره، آخرین بره‌های مورد مطالعه دارای شجره‌ای با 8 نسل عمق بودند. هر چه قدر که یک شجره عمیق بوده و از سطح

عوامل ثابت سال تولد، سن مادر، تیپ تولد و جنس بره برای همه صفات معنی‌دار ($p < 0/05$) بودند و وارد مدل آماری شدند. به دلیل اینکه وزن کشتی بره‌ها در ایستگاه هم‌زمان انجام نمی‌شود، اثر سن بره در زمان وزن‌کشی نیز به صورت متغیر همراه در مدل‌های مربوط به همه صفات به جز صفت وزن تولد وارد شد. پس از برازش 6 مدل دام زیر برای هر صفت، مناسب‌ترین مدل دام بر اساس آزمون نسبت درستنمایی انتخاب شد. سپس با در نظر گرفتن ضریب همخونی به عنوان متغیر همراه در مناسب‌ترین مدل دام، میزان تابعیت صفات از همخونی محاسبه گردید.

$$y = Xb + Z_a a + e \quad (2)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e \quad (3)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (4)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (5)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \sigma_{am} = 0 \quad (6)$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \sigma_{am} \neq 0 \quad (7)$$

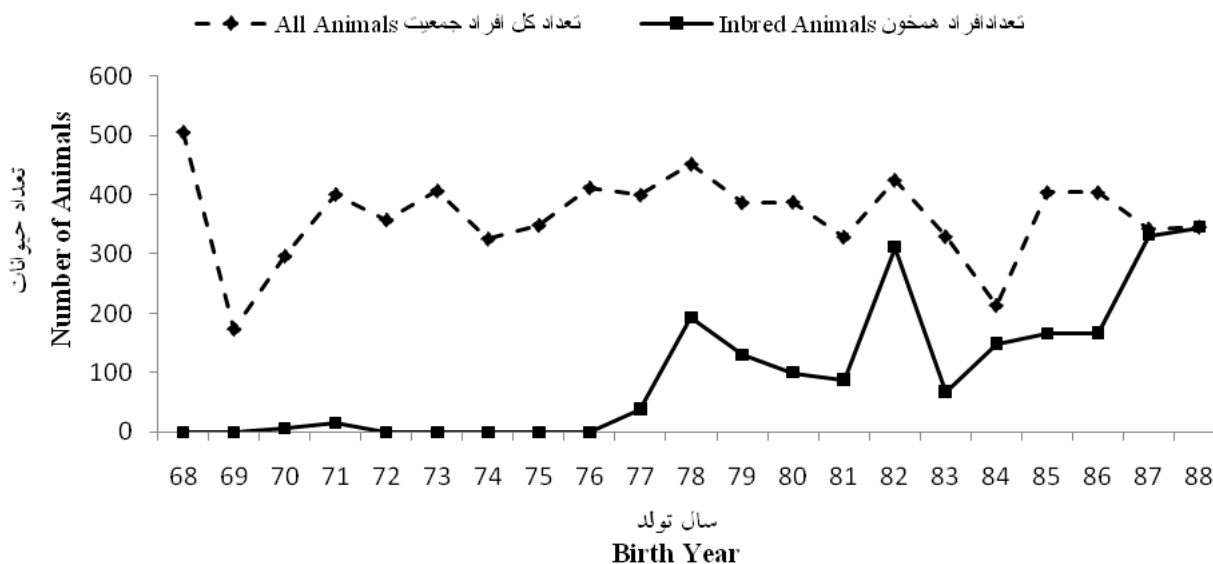
در این مدل‌ها y بردار مشاهدات هر صفت، b بردار اثر عوامل ثابت (سال تولد، سن مادر، تیپ تولد و جنس بره)، a بردار اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم مربوط به حیوان، m بردار اثر ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثر محیط دائم مادری، e بردار اثر باقی‌مانده و σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیکی افزایشی مادری است. ماتریس‌های X ، Z_a ، Z_c و Z_m ماتریس‌های طرحی هستند، که به ترتیب ارتباط عوامل ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیط دائم مادری و ژنتیکی افزایشی مادری را با بردار مشاهدات ایجاد می‌کنند.

نتایج و بحث

از تعداد کل گوسفندان نر و ماده مورد بررسی تقریباً 29/7 درصد آنها دارای نتاج و 70/3 درصد بدون نتاج بودند. همچنین تعداد افراد جمعیت پایه دارای یک یا دو والد ناشناخته، 609 حیوان و تعداد افراد جمعیت پایه تنها با یک والد ناشناخته 557 حیوان بود. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و افراد همخون به ترتیب 0/56 و 2 درصد محاسبه شد. در پژوهشی دیگر در گوسفندان لری بختیاری میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و افراد همخون به ترتیب 0/94 و 2/4 درصد گزارش شده است که اندکی از نتایج پژوهش حاضر بیشتر است (29). این تفاوت می‌تواند ناشی از ویرایش متفاوت اطلاعات و در نتیجه یکسان نبودن ساختار داده مورد استفاده در این دو پژوهش باشد. در گوسفندان قره‌گل و مغانی میانگین ضریب همخونی کل جمعیت به ترتیب 1/52 و 0/51 درصد و میانگین ضریب همخونی افراد همخون به ترتیب 4/15 و 1/74 درصد گزارش

فراسنجه‌هایی چون همخونی، ضریب خویشاوندی و اندازه مؤثر جمعیت دارد و با افزایش سطح کامل بودن شجره احتمال یافتن جد مشترک برای افراد نسل حاضر بیشتر می‌شود (6).

تکامل بالاتری برخوردار باشد بهتر می‌تواند گویای تغییرات روش آمیزش و تغییرات در ساختار جمعیت و روند تغییرات جمعیت از گذشته تاکنون باشد. همچنین این شاخص تأثیر مستقیمی بر برآورد



شکل 1- تعداد افراد کل جمعیت و افراد همخون در طی سال‌های مختلف مورد مطالعه

Figure 1- Number of individuals in the whole population and number of inbred animals through the studied period

1 نشان داده شده است. برای بررسی میزان ظهور و مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در نسل کنونی یک جمعیت و همچنین بررسی کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار می‌توان از فراسنجه تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار استفاده نمود (4 و 18).

یکی از سنجه‌های مهم در بررسی خطر انقراض نژادهای دام اهلی اندازه مؤثر جمعیت است (10). افزایش خویش آمیزی سبب کاهش اندازه مؤثر جمعیت می‌شود و این امر موجب افزایش همخونی و در نتیجه باعث کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت خواهد شد (9). به منظور انجام انتخاب مؤثر و جلوگیری از کاهش صفات مربوط به شایستگی مانند باروری و زنده‌مانی حیوانات در نسل آینده، حداقل اندازه مؤثر جمعیت دامی برابر با 100 توسط سازمان خواربار جهانی توصیه شده است (10). همچنین این سازمان سطح بحرانی اندازه مؤثر جمعیت را 50 رأس در نظر گرفته است. اندازه مؤثر جمعیت در گوسفند لری بختیاری 249 رأس برآورد شد که این برآورد در سطح بالاتری از مقادیر بحرانی اعلام شده توسط سازمان خواربار جهانی قرار دارد. مقایسه این نتیجه نسبت به برآوردهای به دست آمده برای بعضی نژادهای داخلی و خارجی نشان دهنده وضعیت نسبتاً مناسب اندازه مؤثر جمعیت در این نژاد است. لازم به ذکر است که برآورد اندازه مؤثر جمعیت، وابسته به زمان بوده و قابل تغییر است. سطح همخونی جمعیت عامل اثرگذار بر اندازه مؤثر جمعیت بوده و با افزایش یا کاهش نرخ همخونی در آینده، اندازه مؤثر جمعیت نیز می‌تواند کاهش یا افزایش یابد. در یک جامعه با ساختار ثابت، انتظار است که اندازه مؤثر جمعیت در طی نسل‌های مختلف یکسان باقی بماند (4). فراسنجه‌های به دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن در جدول

جدول 1- فراسنجه‌های محاسبه شده از تحلیل احتمال منشأ ژن

Table 1- Parameters calculated from the probability of gene origin

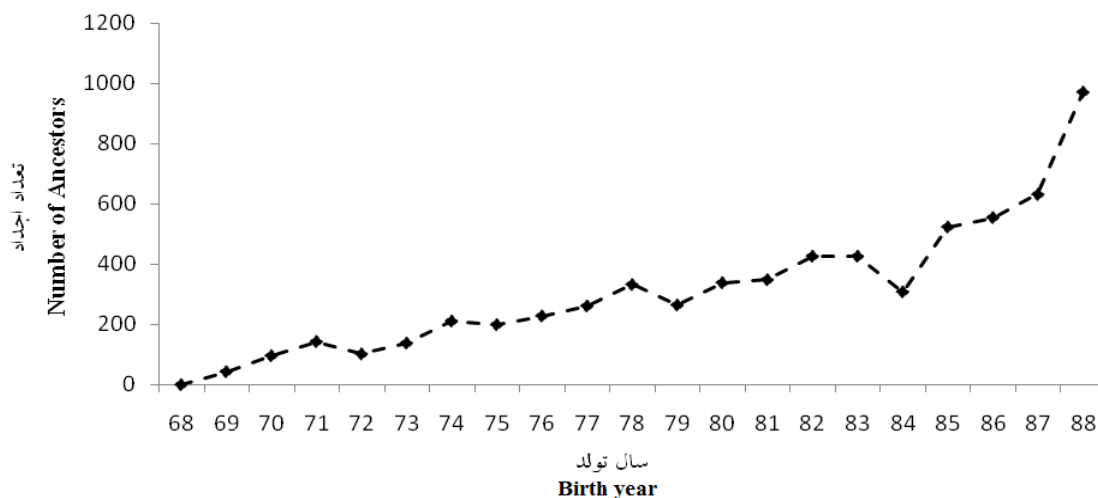
پارامتر Parameter	تعداد Number
تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار (f) (Total number of founder animals)	506
تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار (f _e) (Effective number of founder animals)	105
تعداد مؤثر اجداد (f _a) (Effective number of ancestors)	90
تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N _g) (Effective number of founder genomes)	65
f_e / f	0.21
N_g / f	0.13

تعداد حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب

حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر اجداد کمتر بود. کم بودن تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار نشان دهنده این است که سهم کمتری از ژن‌های حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت وجود دارد (4). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار یکی از پارامترهایی است که مقدار اثر رانش ژنی بعد از نسل پایه را محاسبه می‌کند. با استفاده از این پارامتر می‌توان علت کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت را مشخص کرد. در جمعیت مطالعه شده تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار 181 بود. با توجه به اینکه در این مطالعه تعداد مؤثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار بیشتر از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار است می‌توان گفت که مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار عامل اصلی کاهش تنوع ژنتیکی است. شکل 2 تعداد اجداد را در جمعیت گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه در طی سال‌های مختلف نشان می‌دهد. تعداد اجداد در سال‌های ابتدایی کم و با گذشت زمان افزایش پیدا کرد به طوری که تعداد اجداد در سال 88 به بیشترین مقدار خود 970 رأس حیوان رسید. تعداد مؤثر اجداد در این جمعیت 90 رأس و تعداد اجدادی که 50 درصد تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه از آنها منشأ گرفته است نیز 35 رأس محاسبه شد. تعداد مؤثر اجداد توجیه‌کننده وجود تنگه ژنتیکی در شجره بوده و همیشه مساوی یا کوچکتر از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار است (4).

506 و 105 رأس محاسبه شد. این تفاوت نشان دهنده استفاده زیاد از برخی افراد به‌عنوان والدین نسل آینده است که می‌تواند باعث کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار شود. در گوسفندان بلوچی، زندی، افشاری و زالد، تعداد حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب 347، 615، 243 و 329 رأس و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب 80، 86، 40 و 80 رأس گزارش شده است (11، 12، 14 و 34). هرچه نسبت تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار کوچکتر باشد نیز نشان دهنده استفاده بیشتر از برخی حیوانات بنیان‌گذار نسبت به بقیه در فرآیند تولید مثل است. این نسبت در پژوهش حاضر حدود 0/21 می‌باشد که از گزارش‌های مربوط به گوسفندان زندی و افشاری بزرگتر و از گزارش‌های مربوط به گوسفندان بلوچی و زالد کوچکتر است (11، 12، 14 و 34). این نسبت نشان دهنده این است که نژاد لری بختیاری دارای مشارکت نامتعادل تری از حیوانات بنیان‌گذار نسبت به نژادهای بلوچی و زالد است.

تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار نشان دهنده این است که چه تعداد از ژن‌های حیوانات بنیان‌گذار در جامعه حفظ شده است. تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه 65 رأس بود و همانطور که انتظار می‌رفت از تعداد مؤثر



شکل 2- تعداد اجداد در طی سال‌های مختلف

Figure 2- Number of ancestors through the studied period

استفاده شده است. فاصله نسل به نظام پرورشی و ساختار برنامه اصلاح نژادی بستگی دارد (9).

متوسط فاصله نسل جمعیت گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه در جدول 2 نشان داده شده است. فاصله نسل عبارت است از میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج آن‌ها که برای تولید مثل از آنها

جدول 2- متوسط فاصله نسل جمعیت مورد مطالعه در چهار مسیر مختلف انتخاب

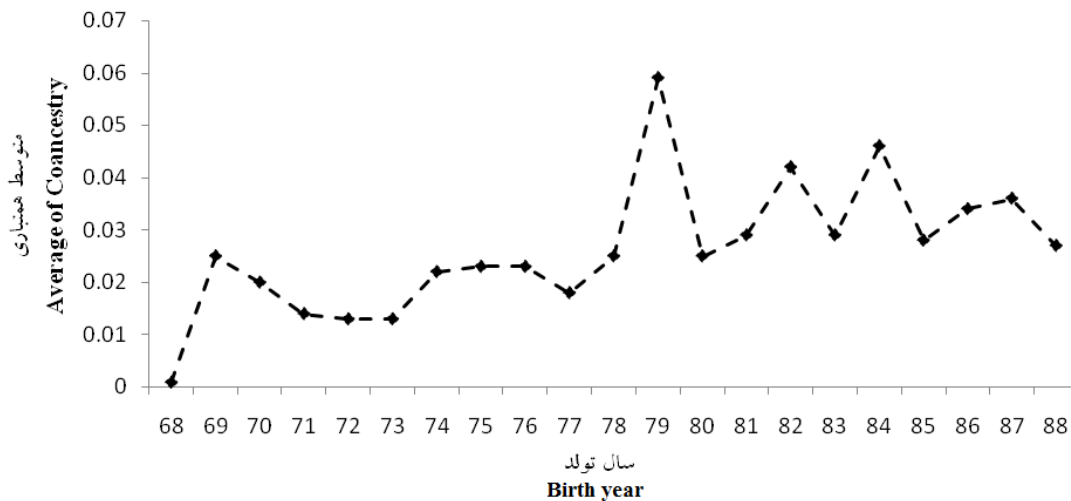
Table 2- Average generation interval of studied population in four selection pathways

مسیر برآورد Pathway	تعداد حیوانات Number of animals	فاصله نسل Generation interval
پدر - بره نر (Father-Son)	70	4.53
پدر - بره ماده (Father-Daughter)	578	4.23
مادر - بره نر (Mother-Son)	74	4.13
مادر - بره ماده (Mother-Daughter)	616	4.21
کل (Total)	1338	4.23

باشد.

احتمال مشابه بودن ژنی تصادفی در یک جایگاه ژنی معین در دو فرد را ضریب همبستگی (f) بین دو فرد می‌نامند. در این روش به جای همخونی فرزندان به میزان رابطه خویشاوندی بین والدین تکیه می‌شود. به طوری که ضریب همخونی نتاج معادل با ضریب همبستگی دو والد است (9). تغییرات همبستگی در طی سال‌های مختلف در شکل 3 نشان داده شده است. همان طور که مشاهده می‌شود ضریب همبستگی گوسفندان لری بختیاری در سال‌های ابتدایی کم و با گذشت زمان افزایش پیدا کرده است و به طور کلی دارای روندی صعودی است.

میانگین فاصله نسل در جمعیت گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه 4/23 سال محاسبه شد که کمتر از فاصله نسل در گوسفندان نژاد زندی با مقدار 4/66 سال بود (11). فاصله نسل نژادهای گوسفند بلوچی، افشاری، ماکویی و بز مرخز به ترتیب 3/33، 3/55، 3/95 و 4/11 سال گزارش شده است که کمتر از فاصله نسل در گوسفندان نژاد لری بختیاری می‌باشد (12، 25، 33 و 34). نتایج نشان داد که در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه، فاصله نسل در مسیر پدر - نتاج طولانی‌تر از مسیر مادر - نتاج است که مغایر با نتیجه حاصل در نژادهای گوسفند بلوچی، افشاری و گوسفند سومالی برزیلی می‌باشد (12، 27 و 34). کوتاه‌تر بودن فاصله نسل در مسیر مادر - نتاج می‌تواند به دلیل تفاوت موجود در قوانین جایگزینی نرها و ماده‌ها

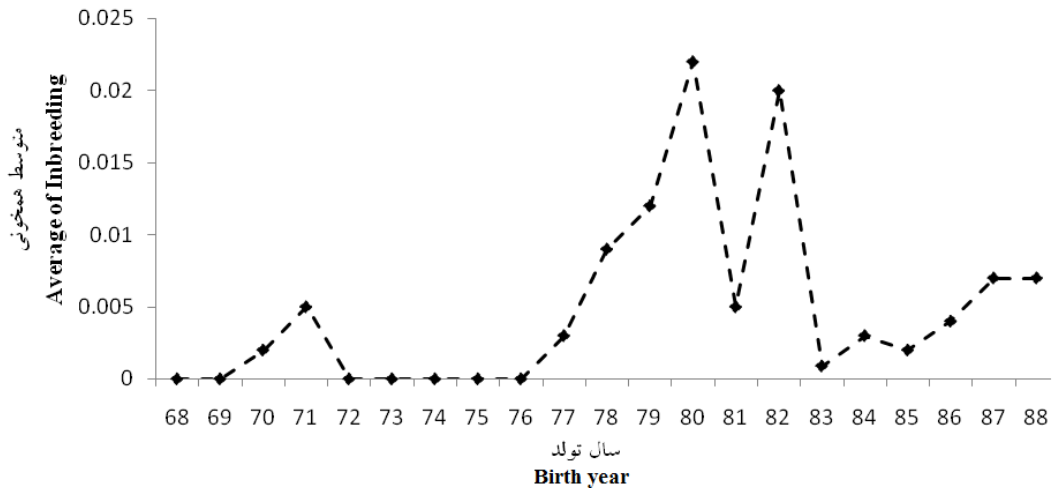


شکل 3- متوسط همبستگی در طی سال‌های مختلف
Figure 3- Average of coancestry through the studied period

همبستگی کل در جمعیت گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه به میزان 0/76 درصد بیشتر می‌باشد (11 و 12). همبستگی ناشی از

متوسط همبستگی کل در جمعیت گوسفندان نژاد افشاری و زندی به ترتیب 2/1 و 1/21 درصد گزارش شده است که از متوسط

با افزایش همخونی همراه هستند که این افزایش همخونی می‌تواند سبب ایجاد اثرات منفی در عملکرد تولیدی دام‌ها شود. در نتیجه برای حفظ ساختار ژنتیکی هر جمعیت و جلوگیری از آثار زیانبار همخونی و کمک به برنامه‌های اصلاح نژادی باید مقدار ضریب همخونی در جمعیت محاسبه شود. در شکل 4 متوسط همخونی جمعیت مورد مطالعه در طی سال‌های مختلف نشان داده شده است.



شکل 4- متوسط همخونی در طی سال‌های مختلف

Figure 4- Average of inbreeding through the studied period

در سال و در نژادهای چارولایز و لیموزین فرانسه به ترتیب 0/11 و 0/36 درصد و در نژاد فین شیپ فنلاند 0/1 درصد در سال گزارش شده است (17، 19 و 26).

افزایش همخونی جمعیت می‌تواند اثرات منفی روی صفات تولیدی داشته باشد. برای صفات وزن تولد و وزن شش ماهگی، مدل دام 2 به‌عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که شامل اثر ژنتیکی مستقیم حیوان و اثر محیط دائم مادری است. برای صفت وزن شیرگیری، مدل دام 5 به‌عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که علاوه بر اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری شامل اثر محیط دائم مادری نیز می‌باشد. برای صفات وزن نه ماهگی و وزن یک سالگی، مدل دام 3 به‌عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد که دارای اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری است. ضریب تابعیت صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی از همخونی بر طبق نتایج مناسب‌ترین مدل دام به ترتیب 11-، 6/106-، 7/259-، 2/161- و 9/239- محاسبه شد. این نتایج نشان می‌دهد که صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی به ترتیب 11، 6/106، 7/259 و 2/161 گرم کاهش به ازاء یک درصد افزایش در همخونی داشتند که خود می‌تواند دلیلی بر کاهش تنوع ژنتیکی در گوسفندان این ایستگاه باشد.

آمیزش بین حیوانات خویشاوند است و سبب افزایش خویشاوندی حیوانات همخون نسبت به میانگین جمعیت می‌شود. هم‌تباری با ایجاد جفت ژن‌های مشابه در هر جایگاه ژنی، تنوع ژنتیکی هر حیوان را کاهش داده و آثار زیان‌آوری بر اکثر صفات تولیدی و تولید مثلی دارد (28).

معمولاً انجام برنامه‌های بهبود ژنتیکی که همراه با انتخاب است

این شکل نشان می‌دهد که از سال 68 تا سال 76 به غیر از دو سال 70 و 71 همخونی در گله وجود نداشت. متوسط همخونی در سال‌های 70 و 71 به ترتیب 0/002 و 0/005 درصد بود. بیشترین میزان همخونی در سال‌های 80 و 82 به ترتیب با 0/022 و 0/02 درصد مشاهده شد. سپس بعد از یک کاهش زیاد در سال 83 تا سال پایانی مطالعه دارای روندی افزایشی بود. همان‌طور که مشخص است، همخونی ارتباط مستقیمی با اندازه مؤثر جمعیت و تنوع ژنتیکی جمعیت دارد به طوری که افزایش همخونی در یک جمعیت می‌تواند نشان‌دهنده کاهش اندازه مؤثر جمعیت و در نتیجه کاهش تنوع ژنتیکی باشد (22). در پژوهش حاضر روند افزایش همخونی در طی سال‌های مختلف نیز مورد بررسی قرار گرفت. برای اینکار با برآزش تابعیت میانگین همخونی بر سال تولد، میزان افزایش سالانه همخونی در گوسفندان لری بختیاری تعیین شد. توصیه شده است که در برنامه‌های اصلاح نژاد دام نرخ همخونی حداکثر بین 1-0/5 درصد در هر نسل باقی بماند (10). روند افزایش سالانه همخونی در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه 0/1 درصد در سال و 0/42 در هر نسل برآورد شد که از حداکثر میزان توصیه شده توسط سازمان خواربار جهانی کمتر است. میزان افزایش سالانه همخونی در گوسفندان نژادهای تکسل، شروپشایر و آکسفورد داون دانمارک در حدود 1 درصد

نتیجه گیری کلی

به طور کلی می‌توان چنین نتیجه گرفت که در پژوهش حاضر نسبت تعداد حیوانات بنیان‌گذار به تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار بیانگر مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مورد مطالعه و استفاده بیشتر از برخی افراد نسبت به بقیه در فرآیند تولید مثل بود. این حالت می‌تواند باعث کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت موجود در مقایسه با جمعیت حیوانات بنیان‌گذار شود. همچنین این پژوهش نشان داد که اجرای برنامه انتخاب در این جمعیت سبب افزایش همخونی شده است که وجود کاهش تولید ناشی از همخونی در صفات رشد این موضوع را نشان می‌دهد. از طرفی میزان کاهش عملکرد ناشی از همخونی صفات رشد در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه نسبت به گزارش‌های سایر پژوهشگران در سایر نژادها در ایران بیشتر بود و می‌توان پیشنهاد کرد که از جفتگیری‌های افراد خوشاوند در این گله جلوگیری شود تا بتوان متوسط همخونی را در سطح مناسبی در گله نگه داشت.

در پژوهشی دیگر در گوسفندان لری بختیاری، میزان ضریب تابعیت صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی از همخونی به ترتیب $+0/5$ ، $-109/8$ ، $-283/6$ ، $-193/1$ و -234 گزارش گردید که با نتایج پژوهش حاضر اندکی تفاوت دارد (29). تفاوت اندک بین نتایج این دو پژوهش می‌تواند ناشی از شیوه ویرایش داده‌ها و در نتیجه سری داده متفاوت و همچنین مدل‌های دام خطی مورد استفاده متفاوت باشد. کاهش عملکرد ناشی از همخونی در گوسفندان قره‌گل برای این صفات به ترتیب -4 ، -38 ، -139 ، -150 و -178 گرم گزارش شده است که از میزان کاهش عملکرد ناشی از همخونی در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه کمتر است (2). همچنین کاهش عملکرد ناشی از همخونی در گوسفندان زندی به ترتیب $-8/5$ ، -29 ، -97 ، -85 و -107 گرم و در گوسفندان مغانی به ترتیب -7 ، -291 ، -26 ، -19 و -42 گرم گزارش شده است (1 و 7). کاهش عملکرد ناشی از همخونی برآورد شده در پژوهش حاضر از گزارش مربوط به گوسفندان بلوچی نیز بیشتر بود. کاهش عملکرد ناشی از همخونی برای صفات وزن تولد، شیرگیری و یک سالگی در گوسفندان بلوچی به ترتیب $-0/5$ ، -26 و -24 گرم گزارش گردید (20).

منابع

- 1- Adeli Khah, M. H., R. Vaez Torshizi., M. Rokouei, and D. Tohidi. 2008. Inbreeding and its effects on production traits Iranian Zandi sheep. Pages 1-4 in Proc. 3rd Congress on Animal Science, Mashhad, Iran. (In Persian).
- 2- Bahri Binabaj, F., H. Faraji Arogh., M. Rokouei., M. Jafari, and A. Mohammad Hashemi. 2012. Estimation of inbreeding trend and its effect on growth traits, longevity and skin score of Karakul sheep breed. Pages 760-764 in Proc. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. (In Persian).
- 3- Barker, J. S. F. 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Canadian Journal of Forest Research, 31(4): 588-595.
- 4- Boichard, D., L. Maignel, and E. Verrier. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetics Selection Evolution, 29: 5-23.
- 5- Caballero, A., and M. A. Toro. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. Genetical Research, 75: 331-343.
- 6- Cassell, B. G., V. Adamec, and R. E. Pearson. 2003. Effects of incomplete pedigree on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. Journal of Dairy Science, 86: 2967-2976.
- 7- Dorostkar, M., H. Faraji Arough., J. Shodja., S. A. Rafat., M. Rokouei, and H. Esfandiyari. 2012. Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. Journal of Agriculture Science and Technology, 14: 549-556.
- 8- Ducheve, Z., O. Distl, and E. Groeneveld. 2006. Early warning system for loss of diversity in European livestock breeds. Archiv Tierzucht, 49: 521-531.
- 9- Falconer, D. S., and F. C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Harlow, UK.
- 10- FAO, 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. Food and Agriculture Organization, Rome, Italy.
- 11- Ghafouri-Kesbi, F. 2010. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. Journal of Genetics, 89: 479-483.
- 12- Ghafouri-Kesbi, F. 2012. Using pedigree information to study genetic diversity and reevaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. Archiv Tierzucht, 55(4): 375-384.
- 13- Gholambabaeian, M. M., A. Rashidi., M. Razmkabir, and E. Mirzamohammadi. 2012. Inbreeding coefficient estimate and its effects on pre-weaning traits in Moghani sheep. Pages 71-75 in Proc. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. (In Persian).

- 14- Goyache, F., J. P. Gutierrez., I. Fernandez., E. Gomez., I. Alvarez., J. Diez, and L. J. Royo. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120: 95–103.
- 15- 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(3): 172-176.
- 16- Gutiérrez, 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(4): 327–332.
- 17- Huby, M., L. Griffon., S. Moureaux., H. De Rochambeau., C. Danchin-Burge, and E. Verrier. 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genetics Selection Evolution*, 35(6):637–655.
- 18- Lacy, R. C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8(2): 111-123.
- 19- Li, M. H., I. Strandén, and J. Kantanen. 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *Journal of Animal Science*, 87(5): 1598–1605.
- 20- Mehmannaavaz, Y., R. Vaez Torshizi., A. Salehi, and A. Shourideh. 2002. Inbreeding and its effects on production traits in Iranian Baluchi sheep. Pages 264-269 in Proc. the first seminar on genetics and breeding applied to livestock, poultry and aquatics, Karaj, Iran. (In Persian).
- 21- Melka, M. G, and F. S. Schenkel. 2010. Analysis of genetic diversity in four Canadian Swine breeds using pedigree data. *Canadian Journal of Animal Science*, 90(3): 331-340.
- 22- Meuwissen, T. I, and Z. Luo. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24(4): 305–313.
- 23- Meyer, K. 2007. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University-Science B*, 8:815–821.
- 24- Mucha, S, and J. J. Windig. 2009. Effects of incomplete pedigree on genetic management of Dutch Landrace goat. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(3): 250-256.
- 25- Nadery Choploo, A., Sh. Ghoraiшы., M. Rokouei, and M. Mansoori. 2012. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Markhoz goats. Pages 614-619 in Proc. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. (In Persian).
- 26- Norberg, E, and A. C. Sorensen. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *Journal of Animal Science*, 85(2): 299–304.
- 27- Paiva, S. R., O. Facó., D. A. Faria., T. Lacerda., G. B. Barretto., P. L. S. Carneiro., R. N. B. Lobo, and C. McManus. 2011. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 43(7): 1449-1457.
- 28- Pedrosa, V. B., J. M. L. Santana., P. S. Oliveira., J. P. Eler, and J. B. S. Ferraz. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Ruminant Research*, 93(2-3): 135–139.
- 29- Rashedi Dehsahraei, A., J. Fayazi, and M. Vatankhah. 2013. Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. *Journal of Ruminant Research*, 1: 65-78. (In Persian).
- 30- Rochambeau, H. C., F. Fournet-Hanocq, and J. V. T. Khang. 2000. Measuring and managing genetic variability in small populations. *Annales de Zootechnie*, 49(2): 77-93.
- 31- Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J. J. Colleau. 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
- 32- Sheikhlloo, M., M. Tahmoorespur, and A. A. Aslaminejad. 2012. A study of inbreeding of Baluchi Sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3: 453-458. (In Persian).
- 33- Sheikhlloo, M., M. Tahmoorespur, and A. A. Aslaminejad. 2013. Study of genetic variability of breeding flock of Makooyi sheep using pedigree analysis. Pages 1116-1120 in Proc. 1st National Conference on Livestock and Poultry Production in Northern Iran, Sari, Iran. (In Persian).
- 34- Tahmoorespur, M, and M. Sheikhlloo. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 99(1): 1–6.
- 35- Vatankhah, M., M. Moradi Shahrabak., A. Nejati javarami., R. Miraei Ashtiani, and R. Vaez Torshizi. 2009. Determination of breeding objective and economic values for Lori-Bakhtiari breed of sheep in the village system. *Animal Science Research*, 82: 17-25. (In Persian).

Pedigree Analysis and Inbreeding Investigation in Lori-Bakhtiari Sheep

M. Keshavarzpour¹- M. R. Bahreini Behzadi^{2*}- M. Muhaghegh Dolatabadi³

Received: 17-09-2016

Accepted: 21-12-2016

Introduction Control and management of genetic diversity of breeds is necessary for their sustainable use in the future because a limited number of breeding animals will unavoidably lead to increased inbreeding and thus to a reduction in additive genetic variance, and maybe to inbreeding depression. Managing inbreeding is usually one of the major goals in conservation and selection programs of breeds. Some of descriptive parameters of population structure are the inbreeding coefficient, effective population size, effective number of founders, effective number of ancestors, effective number of founder genomes, effective number of non-founder genomes and average generation interval, which are indicative of genetic diversity levels in a population. In a breeding program, the inbreeding coefficient and the rate of annual inbreeding should be monitored because of their influence on production and on the estimation of genetic parameters. The Lori-Bakhtiari sheep is one of the most important native breeds of Iran. With more than 1.7 million head population are mostly kept on village or semi-migratory system in Chaharmahal and Bakhtiari province. This breed has the largest fat-tail size among all of sheep breeds in Iran. The objective of this study was to investigate genetic structure and genetic diversity of Lori-Bakhtiari sheep using pedigree analysis and the inbreeding depression of body weight traits was estimated.

Materials and methods The pedigree information of 7693 Lori-Bakhtiari lambs (2478 male and 5215 female) from 274 rams and 2006 ewes collected from 1990 to 2011, were used. The data were collected at Shooli sheep breeding station in Shahrekord, Chaharmahal and Bakhtiari province. Estimation of inbreeding coefficients was done by CFC software and Endog (v4.8) software was used to compute other pedigree analyses including mean coancestry, effective population size, probability of gene origin parameters and average generation interval. Parameters based on the probability of gene origin were used to describe genetic variability. To investigate the effect of inbreeding on body weight traits, the data of birth weights, weaning weights, weights at six months of age, weights at nine months of age and weights at 12 months of age were used. Inbreeding depression was estimated as the regression of these performance records on the individual inbreeding coefficients by fitting an animal model. WOMBAT software was used for estimating the inbreeding depression of body weight traits.

Results and Discussion Total number of founders, effective number of founders, effective number of ancestors, effective number of founder genomes and effective number of non-founder genomes were 506, 105, 90, 65, 181 heads, respectively. Average generation interval and effective population size were 4.23 years and 249 heads, respectively. The generation interval in the dam-progeny pathway was shorter than in sire-progeny pathway. Estimated average coancestry and inbreeding coefficient were 0.76 and 0.56, respectively. Animals with progeny were 29.7 % and those of without progeny 70.3 % of the total animals. Animals with both known parents and one unknown parent constituted 92 % of the population. Between all the registered animals, 28 % were inbred. The average inbreeding coefficient during the study period for inbred and all animals were 2 and 0.56 %, respectively. The most inbred animals, equivalent to 25% of the inbreeds, had inbreeding coefficients equal to or lower than 5 %. The regression coefficients for birth weight, weaning weight, weight at 6, 9 and 12 months of age on inbreeding were -11, -106.6, -259.7, -161.2 and -239.9 g, respectively.

Conclusion Considering the parameters obtained from the probability of gene origin analysis, the contribution rate of founders and major ancestors have been unbalanced due to the selection of animals that led to decrease of genetic diversity. Estimated inbreeding depression of body weight traits for this breed was higher than other sheep breeds of Iran and showed high degree of close mating in this herd. Due to the deleterious effect of inbreeding on body weight traits it is suggested that this breeding station should use a better breeding plan to avoid mating of close relative animals. At this study, the presence of inbreeding depression for body weight traits also confirmed reduction of genetic diversity in this population. The results of this study also indicate that genetic variability within this population has to be monitored constantly in order to prevent or minimize loss of founder alleles due to genetic drift or selection. The authors suggested that pedigree analysis should be done

1, 2, 3- MSc. Student, Assistant and Associate Professor of Animal Science Department, respectively, Faculty of Agriculture, Yasouj University, Iran.

(*- Corresponding Author Email: bahreini@yu.ac.ir)

periodically in this breeding station. Doing this analysis would also prevent or control kinship in this breeding population.

Keywords: Inbreeding, Growth traits, Lori-Bakhtiari sheep, Pedigree structure.