



دانشگاه گورگان
دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی گورگان

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان
جلد چهارم، شماره اول، ۱۳۹۵
<http://ejrr.gau.ac.ir>

بررسی تنوع ژنتیکی بز کرکی رائینی با استفاده از روش تحلیل شجره

هادی شمس‌الدینی نژاد^۱ و *محمد رضا بحرینی بهزادی^۲

^۱دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد و استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

تاریخ دریافت: ۹۴/۹/۳۰؛ تاریخ پذیرش: ۹۵/۲/۱

چکیده

سابقه و هدف: بز کرکی رائینی از مهمترین نژادهای بز در ایران است. این پژوهش با هدف بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی بز کرکی رائینی با استفاده از روش تحلیل شجره انجام شد. با تحلیل شجره یک جمعیت می‌توان برخی فراسنجه‌های مؤثر بر تنوع ژنتیکی را محاسبه کرد. همچنین با شناخت این فراسنجه‌ها می‌توان راهکارهایی مناسب برای کنترل همخونی و از دست رفتن تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد مطالعه ارائه نمود.

مواد و روش‌ها: اطلاعات مورد استفاده مربوط به ۷۲۶۴ رأس حیوان حاصل از ۲۹۳ پدر و ۲۰۵۷ مادر می‌باشد که طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی رائینی شهرستان بافت واقع در استان کرمان جمع‌آوری شده بود. برای برآورد ضریب همخونی از نرم‌افزار سی‌اف‌سی و برای سایر تحلیل‌های شجره از نرم‌افزار اندوگ (نسخه ۴/۸) استفاده شد. رکوردهای جمع‌آوری شده برای برآورد میزان همخونی، متوسط همتباری، متوسط رابطه خویشاوندی، اندازه مؤثر جمعیت، فراسنجه‌های حاصل از تحلیل احتمال منشأ ژن و فاصله نسل مورد استفاده قرار گرفت.

یافته‌ها: میانگین فاصله نسل در مدت زمان مورد مطالعه این جمعیت ۳/۹۳ سال بود. همچنین میانگین فاصله نسل در مسیر تولیدمثلی بز نر - نتاج بیشتر از مسیرهای بز ماده - نتاج بود. متوسط همتباری موجود در این جمعیت ۰/۰۱۲ درصد برآورد گردید. میزان همخونی در کل جمعیت و در بین حیوانات همخون به ترتیب ۰/۰۸ و ۳/۵ درصد محاسبه شد. حیوانات همخون بخش کوچکی از این جمعیت و حدود ۲ درصد افراد این جمعیت

*نویسنده مسئول: bahreini@yu.ac.ir

را شامل می‌شدند. بیشترین مقدار همخونی ۲۵ درصد و بیشترین حیوانات همخون را حیوانات با ضریب همخونی تا ۵ درصد تشکیل می‌دادند. نرخ افزایش همخونی سالیانه ۰/۰۰۴ درصد در این جمعیت وجود داشت که با توجه به فاصله نسل ۳/۹۳ سال می‌تواند افزایش همخونی ۰/۰۱۵ درصدی به ازای هر نسل را ایجاد کند. متوسط رابطه خویشاوندی جامعه ۰/۲۴ درصد بود. اندازه‌گیری متوسط رابطه خویشاوندی میان بزهای نر و ماده به منظور پیش‌بینی سطوح آینده همخونی جمعیت می‌باشد. تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر اجداد و تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۱۲۲۷، ۲۵۱، ۲۳۲ و ۲۴۰ رأس به‌دست آمد. اندازه مؤثر جمعیت نیز ۱۹۱ رأس محاسبه شد.

نتیجه‌گیری: اندازه‌ی مؤثر جمعیت در طی سال‌های مورد مطالعه دارای سیر نزولی بود ولی نسبت به تعداد پیشنهادی سازمان خواربار جهانی که حداقل تعداد اندازه‌ی مؤثر جمعیت نباید کمتر از ۵۰ رأس باشد، اندازه مؤثر جمعیت در بز کرکی رائینی در وضعیت مطلوبی قرار دارد. ولی اگر همین روند کاهش اندازه مؤثر جمعیت ادامه داشته باشد در نسل‌های آینده به مقادیر بحرانی نزدیک خواهد شد. به‌طور کلی نتیجه‌گیری می‌شود که میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت کنونی به علت اجرای برنامه‌ی انتخاب نامتعادل بوده که سبب کاهش تنوع ژنتیکی در این جمعیت شده است. همچنین در مقایسه با سایر نژادهای مورد بررسی ایرانی و خارجی، تنوع ژنتیکی این جمعیت در وضعیت نسبتاً خوبی قرار دارد.

واژه‌های کلیدی: اندازه مؤثر جمعیت، فاصله نسل، همخونی

مقدمه

بز کرکی رائینی از مهمترین نژادهای بز در ایران است که به واسطه تولید کرک مرغوب و با کیفیت بالا از ارزش اقتصادی بالایی برخوردار است. زیستگاه اصلی این نژاد استان کرمان و شهرستان بافت می‌باشد. مهمترین هدف در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی رائینی پرورش و توزیع بزهای نر منتخب در بین دامداران است (۳).

برای بهبود وضعیت تولیدی جمعیت‌های حیوانات اهلی از برنامه‌های اصلاح نژادی مختلف استفاده می‌شود که موفقیت این برنامه‌ها به میزان تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت بستگی دارد (۱۹). دانستن مقدار تنوع ژنتیکی در جوامع حیوانی به پژوهش‌گران در تدوین استراتژی‌های اصلاح نژادی کارآمد و مؤثر کمک قابل توجهی کرده است. از طرف دیگر باید این نکته را متذکر شد که کنترل میزان همخونی در جمعیت خصوصاً در برنامه‌های حفاظتی مربوط به نژادهای در معرض خطر انقراض حائز اهمیت فراوانی است (۱۹). کاهش تنوع ژنتیکی با پدیده‌های نامطلوب مختلفی مانند کاهش تولید ناشی از همخونی در صفات مرتبط با شایستگی حیوانات در ارتباط است. لذا آگاهی از ساختار شجره و روابط بین افراد در یک جمعیت می‌تواند در جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی و همچنین جلوگیری از افزایش همخونی جمعیت مؤثر باشد (۱۲). در جمعیت‌های واقعی، میزان تنوع ژنتیکی تحت تاثیر عوامل مختلفی مانند پدیده‌های مهاجرت، جهش، رانش ژنتیکی و انتخاب قرار می‌گیرد. همچنین بقاء طولانی مدت یک جمعیت به وجود و حفظ تنوع ژنتیکی برای سازگاری افراد بستگی دارد. با کاهش تنوع ژنتیکی در بین افراد یک جمعیت، سازگاری آنها در مقابل تغییرات محیطی شامل تغییر در شرایط اقلیمی و بروز بیماری کاهش می‌یابد (۲۱). افزایش هموزیگوسیتی اغلب به کاهش باروری و زنده‌مانی منجر می‌شود و موفقیت برنامه‌های بهبود ژنتیکی را محدود می‌کند (۱۹). همچنین اگر چنانچه فقط تعداد کمی از حیوانات برتر به عنوان والدین نسل آینده انتخاب و در خزانه‌ی ژنی نسل بعد مشارکت کنند، تنگه‌ی ژنتیکی^۱ به جمعیت تحمیل می‌شود که نتیجه مستقیم آن کاهش تنوع ژنتیکی و در نتیجه محدود کردن پاسخ به انتخاب است (۲). بویچارد و همکاران (۱۹۹۷) نیز بیان کردند که استفاده نامتعادل از حیوانات برتر به عنوان والدین نسل آینده می‌تواند تنوع ژنتیکی جمعیت را کاهش دهد (۶).

1. Bottle Neck Effect

تحلیل شجره ابزاری مناسب برای بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها می‌باشد که در گونه‌های مختلف حیوانات اهلی شامل گاو، گوسفند، اسب و خوک مورد استفاده قرار گرفته است. تحلیل شجره این امکان را به اصلاح‌گر می‌دهد که ساختار ژنتیکی جمعیت را ارزیابی کرده و به منظور برقراری تعادل بین پاسخ ژنتیکی و تنوع ژنتیکی، برنامه اصلاح‌نژادی مناسبی را طرح‌ریزی نماید (۲۰). به غیر از میزان همخونی فراسنجه‌های توصیفی بیشتری با استفاده از تحلیل شجره و به منظور تشریح بهتر تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها توسط لیس (۱۹۸۹) پیشنهاد شده است. این فراسنجه‌ها امکان توصیف شرایط یک جمعیت را با توجه به اثرات حیوانات بنیان‌گذار، رانش ژنی و تنگه ژنتیکی ایجاد شده به دلیل استفاده از تعداد معدودی حیوان به عنوان والدین نسل آینده را فراهم می‌سازد (۲۰). از فراسنجه‌های مؤثر بر تنوع ژنتیکی می‌توان فاصله نسل، ضریب همخونی، ضریب هم‌تباری، رابطه خویشاوندی افزایشی، اندازه‌ی مؤثر جمعیت و فراسنجه‌های احتمال منشأ ژن شامل تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار، تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار و تعداد اجداد را محاسبه کرد. پژوهش‌های متعددی در زمینه بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت با استفاده از اطلاعات شجره در کشور انجام شده است (۴، ۵، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۲۹، ۳۴، ۳۵، ۳۷ و ۴۰). با توجه به اهمیتی که انجام تحلیل شجره در یک جمعیت دارد، هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی بز کرکی رائینی ایستگاه اصلاح‌نژاد بز کرکی رائینی شهرستان بافت با استفاده از روش تحلیل شجره بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از اطلاعات مربوط به شجره ثبت شده در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد بز کرکی رائینی شهرستان بافت واقع در استان کرمان بین سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰ برای انجام تحلیل شجره استفاده شد. این اطلاعات مربوط به ۷۲۶۴ رأس حیوان حاصل از ۲۹۳ پدر و ۲۰۵۷ مادر بودند. برای برآورد ضریب همخونی از نرم‌افزار سی‌اف‌سی^۱ و برای سایر تحلیل‌های شجره از نرم‌افزار اندوگ^۲ (نسخه ۴/۸) استفاده شد (۱۸ و ۳۶). فاصله نسل به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد نتاج آنها محاسبه گردید. همچنین توصیه شده است که در صورت وجود تداخل در بین نسل‌ها باید فاصله نسل را از طریق میانگین سن والدین به هنگام تولد نتاج منتخب آنها محاسبه کرد (۱۲). در پژوهش

1. CFC
2. Endog (Ver 4.8)

حاضر این پارامتر در چهار مسیر بز نر- بزغاله نر (L_{mm})، بز نر- بزغاله ماده (L_{mf})، بز ماده- بزغاله ماده (L_{ff}) و بز ماده- بزغاله نر (L_{fm}) محاسبه و سپس میانگین این چهار مسیر به صورت میانگین فاصله‌ی نسل کل توسط معادله زیر تعیین شد.

$$L = \frac{L_{mm} + L_{mf} + L_{fm} + L_{ff}}{4} \quad \text{معادله ۱:}$$

اجداد بدون والد شناخته شده موجود در شجره به عنوان افراد بدون هم‌خونی و فاقد رابطه خویشاوندی در نظر گرفته شدند. لذا با برگشت مسیر شجره به عقب، حیوانات بنیان‌گذار این جمعیت تعیین شد. میزان سهم ژنتیکی مورد انتظار هر یک از حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع (p_i) به صورت احتمال انتقال تصادفی ژن از جد بنیان‌گذار به درون جمعیت کنونی تعیین شد. سپس تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار (f_e) از معادله ۲ محاسبه شد که امکان بررسی تعادل یا عدم تعادل مشارکت ژنتیکی افراد بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع را مشخص می‌کند (۲۰).

$$f_e = \frac{1}{\sum p_i^2} \quad \text{معادله ۲:}$$

ضریب هم‌خونی (F) هر فرد احتمال وجود دو آلل از یک جد مشترک در جایگاه ژنی معین است. در حقیقت این ژن‌ها نسخه‌هایی از یک ژن و دارای منشأ اجدادی مشترک هستند. ضریب هم‌خونی تمامی حیوانات موجود در شجره با استفاده از روش میوسن و لو (۱۹۹۹) محاسبه گردید (۲۶). ضریب هم‌تباری (f) بین دو فرد عبارت از احتمال مشابه بودن ژنی تصادفی از دو فرد در یک جایگاه ژنی معین می‌باشد. این ضریب با استفاده از روش ملکوت (۱۹۴۸) محاسبه شد (۲۴).

به دلیل رابطه مستقیمی که اندازه‌ی مؤثر جمعیت با مقدار هم‌خونی و مقدار تنوع ژنتیکی از دست رفته به دلیل رانش ژنی دارد، این پارامتر در طراحی برنامه‌های حفاظت جمعیت‌های در معرض انقراض بسیار مفید است (۸). اندازه مؤثر جمعیت (N_e) برابر با تعداد حیوانات خویشاوندی است که در صورت شرکت در تولید نسل بعد می‌توانند منجر به افزایش ضریب هم‌خونی شوند. این پارامتر با استفاده از روش افزایش هم‌خونی فردی (ΔF_i) محاسبه شد. در این روش افزایش هم‌خونی فردی هر حیوان و اندازه‌ی مؤثر جمعیت توسط معادله‌های ۳ و ۴ محاسبه گردید (۱۹).

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[1-t]{1 - F_i} \quad \text{معادله ۳:}$$

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F_i} \quad \text{معادله ۴:}$$

در معادله ۳، t تعداد نسل‌های معادل کامل و F_i میزان همخونی هر حیوان می‌باشد. کامل بودن شجره با تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم و همچنین متوسط تعداد نسل‌های معادل کامل مورد بررسی قرار گرفت. از ساده‌ترین روش‌های بررسی سطح کامل بودن شجره، تعیین درصد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم می‌باشد که کیفیت شجره را از نظر عمل ثبت مشخصات در گله نشان می‌دهد. تعداد نسل‌های معادل کامل فردی (EqG_i) از روش مایگنل و همکاران (۱۹۹۶) و معادله زیر محاسبه گردید (۲۳):

$$EqG_i = \sum \left(\frac{1}{2} \right)^n \quad \text{معادله ۵:}$$

در این فرمول، n تعداد نسل‌های جداکننده فرد از هر جد معلوم در شجره می‌باشد. سپس متوسط تعداد نسل‌های معادل کامل جمعیت مرجع با معدل‌گیری از نسل‌های معادل کامل فردی به دست آمد. تعداد مؤثر اجداد با استفاده از روش پیشنهادی توسط بویچارد و همکاران (۱۹۹۷) مشخص شدند. تعداد مؤثر اجداد نشان‌دهنده حداقل تعداد اجداد لازم برای تشریح تنوع ژنتیکی جمعیت کنونی بوده که سهم زیادی در ایجاد این جمعیت دارند. تعداد مؤثر اجداد با استفاده از معادله زیر محاسبه شد (۶):

$$f_a = \frac{1}{\sum p_k^2} \quad \text{معادله ۶:}$$

در این فرمول، p_k میزان مشارکت مورد انتظار هر یک از اجداد اصلی در ایجاد جمعیت مرجع می‌باشد. برای بررسی تنوع ژنتیکی آل‌های حیوانات بنیان‌گذار و میزان باقی‌مانده آن‌ها در یک جمعیت و مقایسه آن با حالتی که همه‌ی حیوانات بنیان‌گذار به صورت متعادل و یکسان در تولید جمعیت مرجع شرکت کنند، می‌توان از پارامتر تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N_g) استفاده کرد. به عبارت دیگر با استفاده از این پارامتر می‌توان احتمال این که یک ژن حیوان بنیان‌گذار هنوز در جمعیت تحت بررسی باقی مانده باشد را مورد بررسی قرار داد. از روش ارائه شده توسط کابلرو و تورو (۲۰۰۰) و معادله ۶ برای به دست آوردن تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N_g) استفاده شد (۸).

$$N_g = \frac{1}{2f_g} \quad \text{معادله ۷:}$$

در این فرمول، f_g متوسط هم‌تباری افراد در جمعیت مرجع می‌باشد.

نتایج و بحث

اطلاعات شجره مورد استفاده در جدول ۱ نشان داده شده است. از ۷۲۶۴ حیوان موجود در شجره، ۲۴۳۷ حیوان دارای هر دو والد معلوم بودند. این نکته را باید متذکر شد که تعیین تعداد حیوانات دارای پدر و مادر معلوم یکی از ساده‌ترین روش‌های بررسی سطح کامل بودن شجره می‌باشد. در این روش تعداد حیواناتی که هر دو پدر و مادر معلوم دارند تعیین و به صورت درصدی از کل جمعیت بیان می‌شود. در پژوهش حاضر ۳۳/۵۴ درصد حیوانات مورد بررسی دارای پدر و مادر معلوم بودند که از گزارش‌های موجود در گوسفند کرمانی ایستگاه اصلاح نژاد شهر بابک به میزان ۵۶ درصد، بز مرخز ایستگاه دامپروری سنندج به میزان ۶۵ درصد و گوسفند بلوچی مرکز اصلاح نژاد دام شمال شرق کشور به میزان ۸۸ درصد کم‌تر است (۴، ۳۵ و ۴۰). این اعداد نشان دهنده این است که شجره این نژادها کامل‌تر از شجره مورد بررسی بز کرکی رائینی است. همچنین می‌توان چنین نتیجه گرفت که شجره بز کرکی رائینی مورد مطالعه از نظر عمل ثبت مشخصات کیفیت کمتری از سایر این جمعیت‌ها دارد. تعداد حیواناتی که به عنوان والدین نر و ماده نقش داشته‌اند به ترتیب شامل ۲۹۳ و ۲۰۵۷ رأس بودند. حدود ۶۴ درصد حیوانات این جمعیت دارای یک یا دو والد نامعلوم بودند که از این تعداد حدود ۱۴ درصد افراد دارای هر دو والد نامعلوم و ۵۰ درصد دارای یک والد نامعلوم بودند که اکثر این ۵۰ درصد پدر نامعلوم داشتند. این تعداد زیاد والد نامعلوم در شجره به معنای ناشناخته ماندن تعداد زیادی جد مشترک بوده و ناشناخته ماندن اجداد مشترک به معنای حذف آنها از شجره است که این امر می‌تواند باعث میزان همخونی محاسبه شده پایین در نسل‌های بعد شود.

جدول ۱- اطلاعات شجره بز کرکی رائینی

Table 1. Pedigree information of Raeini Cashmere goat

درصد از کل شجره	تعداد		
Percent of total pedigree	Number		
100	7264	(Total pedigree)	کل شجره
42.88	3115	(Male)	جنس نر
57.12	4149	(Female)	جنس ماده
50.52	3670	(Known Father)	پدر معلوم
49.48	3594	(Unknown Father)	پدر نامعلوم
85.44	6207	(Known Mother)	مادر معلوم

محمد رضا بحرینی بهزادی و هادی شمس‌الدینی نژاد

14.56	1057	(Unknown Mother)	مادر نامعلوم
33.54	2437	(Known Father and Mother)	پدر و مادر معلوم
14.37	1044	(Unknown Father and Mother)	پدر و مادر نامعلوم
0.165	12	(Known Father and Unknown Mother)	پدر معلوم و مادر نامعلوم
35.09	2549	(Unknown Father and Known Mother)	پدر نامعلوم و مادر معلوم

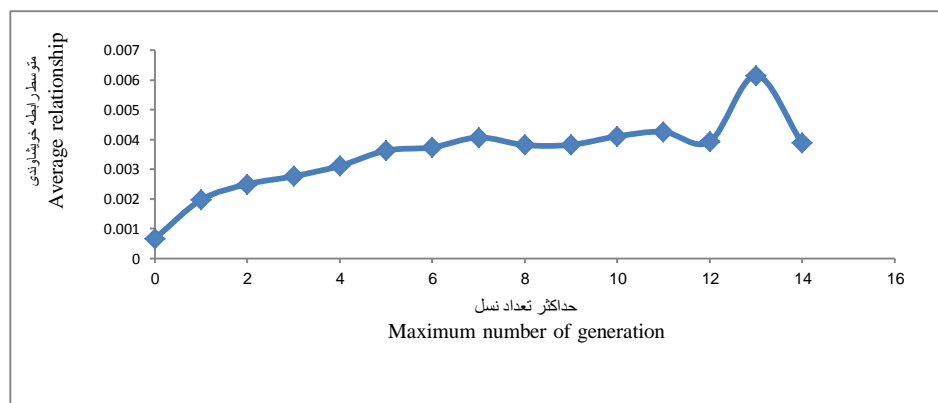
بررسی این جمعیت نشان داد که از ۷۲۶۴ رأس حیوان موجود در شجره تنها حدود ۲ درصد آن همخون بودند. متوسط همخونی این جمعیت در بین کل حیوانات و در بین حیوانات همخون به ترتیب ۰/۰۸ و ۳/۵ درصد و میزان افزایش نرخ همخونی سالیانه نیز ۰/۰۰۴ درصد محاسبه شد. میانگین همخونی کل محاسبه شده در گوسفند کرمانی ۰/۰۹ درصد و در بین گوسفندهای همخون همین نژاد ۵/۳ درصد گزارش شده است (۴). میزان همخونی کل گزارش شده در گوسفند کرمانی با تحقیق حاضر در بز کرکی رائینی مطابقت دارد ولی میزان همخونی در بین افراد همخون گوسفند کرمانی از نتیجه تحقیق حاضر بیشتر است که نشان‌دهنده سطح پایین همخونی در گله بز مورد بررسی است. علاوه بر تعداد زیاد والد نامعلوم در شجره از دلایل دیگر پایین بودن میزان همخونی در سال‌های مختلف در پژوهش حاضر می‌تواند وارد شدن بزهای نر خریداری شده به ایستگاه در سال‌های مختلف باشد. میزان همخونی در بین کل افراد جمعیت در تحقیق حاضر در مقایسه با گزارش‌های سایر نژادهای گوسفند و بز ایران پایین‌تر بود. در گوسفندان قره‌گل، مغانی و لری بختیاری میانگین ضریب همخونی کل جمعیت به ترتیب ۱/۵۲، ۰/۵۱ و ۰/۹۴ درصد و میانگین ضریب همخونی افراد همخون به ترتیب ۴/۱۵ و ۱/۷۴ و ۲/۴ درصد گزارش شده است (۵، ۱۵ و ۳۴). در بز مرخز و در گوسفندان ایران بلک و بلوچی نیز میانگین ضریب همخونی کل جمعیت ۲/۷۳، ۸/۰۸ و ۱/۹۵ درصد گزارش گردیده است (۲۹، ۳۵ و ۳۷). هر چه یک شجره کامل‌تر باشد بهتر می‌تواند روند تغییرات جمعیت از گذشته تاکنون و همچنین تغییرات در ساختار جمعیت را نشان دهد (۹). همچنین کامل بودن شجره روی برآورد همخونی جمعیت نیز تاثیرگذار است. ناقص بودن شجره می‌تواند منجر به برآورد کمتر از مقدار واقعی ضرایب همخونی جمعیت شود (۳۰).

متوسط تعداد نسل‌های معادل کامل در این پژوهش ۳ نسل به دست آمد که بالاتر از گزارش موجود در گوسفند کرمانی با مقدار ۲/۲۲ نسل و کمتر از مقدار گزارش شده در گوسفند ایران‌بلک با مقدار ۷/۱ نسل بود (۲۸ و ۲۹). دانچین-بورگ و همکاران (۲۰۱۰) در پژوهش خود در هفت جمعیت کوچک گوسفند در کشور فرانسه شامل بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولگ و سولوگنوت نیز متوسط تعداد نسل‌های معادل کامل را به ترتیب ۸/۱، ۶/۸، ۴/۶، ۶/۲، ۱۰/۵، ۵/۸ و ۵/۵ گزارش کردند که از مقدار به دست آمده در پژوهش حاضر بیشتر است (۱۰). در جمعیت مورد بررسی از نسل کنونی به طرف نسل‌های ابتدایی روند کاهشی تعداد حیوانات وجود داشت. از دلایل این شیب کاهشی می‌توان به افزایش تعداد حیوانات با پدر و مادر معلوم در نسل کنونی اشاره کرد. به طوری که در سال‌های پایانی ۱۰۰ درصد حیوانات دارای والدین معلوم هستند ولی در سال‌های ابتدایی اکثر حیوانات دارای یک یا دو والد نامعلوم بودند.

همتباری یکی از پیامدهای انجام آمیزش بین حیوانات خویشاوند است. آمیزش افراد دارای همتباری با یکدیگر باعث افزایش میزان همخونی افراد نسبت به میانگین جمعیت می‌شود (۱). در جمعیت بز کرکی رائینی مورد مطالعه متوسط ضریب همتباری ۰/۰۱۲ درصد برآورد شد که از گزارش‌های موجود در سایر نژادها بسیار کمتر است. متوسط همتباری در جمعیت گوسفندان کرمانی، لری بختیاری، زندی و افشاری به ترتیب ۰/۳۵، ۰/۷۲، ۱/۲ و ۲/۱ گزارش شده است (۴، ۱۳، ۱۴، ۳۳). همچنین همتباری با ایجاد جفت ژن‌های مشابه در هر جایگاه ژنی، تنوع ژنتیکی را کاهش داده و آثار زیان‌باری بر اکثر صفات تولیدی و تولیدمثلی دارد (۳۲). در گوسفندان نژاد مظفرنگری به ازای یک درصد افزایش همتباری، ۴۶ گرم کاهش در وزن بدن گزارش شده است (۲۵). در پژوهش دیگر انجام شده در نژاد ساردی به ازای یک درصد افزایش همتباری، ۵/۶ گرم کاهش در وزن بدن برآورد شده است (۷). در شرایط مدیریت سیستم آمیزشی کنونی در جمعیت بز رائینی مورد مطالعه، متوسط همتباری در مقایسه با نژادهای دیگر بسیار پایین‌تر است. در نتیجه با توجه به این‌که همتباری می‌تواند آسیب جدی بر رشد، سلامتی، باروری و بقا داشته باشد باید با ادامه مدیریت مناسب سیستم آمیزشی از افزایش همتباری در این جمعیت جلوگیری کرد.

متوسط رابطه خویشاوندی بر اساس شاخص حداکثر تعداد نسل در شکل ۱ نشان داده شده است. این شکل نشان می‌دهد که متوسط رابطه خویشاوندی از سال ابتدایی مطالعه جمعیت یا سال ۱۳۶۹ تا سال ۱۳۸۸ روندی صعودی داشته است و در دو سال انتهایی کاهش یافته است. کمترین مقدار آن

۰/۰۶ درصد و حداکثر مقدار آن ۰/۶ درصد محاسبه شد. با انجام برآزش متوسط رابطه خویشاوندی بر سال تولد، میزان افزایش سالیانه رابطه خویشاوندی در این جمعیت به میزان ۰/۰۴ درصد برآورد شد که از گزارش بحرینی‌بهزادی و کشاورزپور (۲۰۱۵) در جمعیت گوسفندان کرمانی به میزان ۰/۲۶ درصد کمتر است. همچنین متوسط رابطه خویشاوندی کل حیوانات جمعیت مورد مطالعه ۰/۲۴ درصد محاسبه شد که کمتر از متوسط رابطه خویشاوندی گزارش شده در گوسفند کرمانی به میزان ۰/۶۹ درصد است (۴).



شکل ۱ - متوسط رابطه خویشاوندی بر مبنای حداکثر تعداد نسل

Figure 1. Average relationship based on maximum number of generations

اندازه مؤثر جمعیت (N_e) یکی از فراسنجه‌های مهم در تحلیل شجره محسوب می‌شود. اندازه مؤثر جمعیت در این مطالعه با استفاده از روش افزایش همخونی، ۱۹۱ رأس برآورد شد. در بز مرخز اندازه مؤثر جمعیت ۶۹ رأس گزارش شده است (۳۵). اندازه مؤثر جمعیت در گوسفندان افشاری، زندی، بلوچی، ماکویی و کرمانی به ترتیب ۵۰، ۷۱، ۱۳۴، ۲۱۶ و ۲۸۴ رأس گزارش گردیده است (۴)، ۱۳، ۱۴، ۳۸ و ۴۰). دانچین‌بورگ و همکاران (۲۰۱۰) در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولگ و سولوگنوت اندازه مؤثر جمعیت را به ترتیب به میزان ۲۳۱، ۱۸۲، ۱۰۸، ۷۸، ۶۵، ۱۷۲ و ۱۵۴ رأس گزارش کردند (۱۰). اندازه مؤثر جمعیت در گوسفندان فین‌شپ ۱۲۲ رأس گزارش شده است (۲۲). بر طبق پیشنهاد سازمان خواربار جهانی

(۱۹۹۸) در گله‌هایی که تحت برنامه‌های اصلاح نژادی قرار دارند اندازه‌ی مؤثر جمعیت حداقل باید ۱۰۰ رأس باشد. همچنین این سازمان سطح بحرانی اندازه مؤثر جمعیت را ۵۰ رأس در نظر گرفته است (۱۱). این در حالی است که بر اساس پیشنهاد میوسن و ووليامز (۱۹۹۹) با در نظر گرفتن جهش و رانش ژنی میزان اندازه‌ی مؤثر جمعیت باید بین ۵۰ تا ۱۰۰ رأس در نظر گرفته شود. این پژوهشگر همچنین کاهش شایستگی اقتصادی دام‌ها را در جمعیت‌هایی با میزان اندازه‌ی مؤثر جمعیت کمتر از ۱۰۰ رأس گزارش نموده است (۲۷). برآورد انجام شده در پژوهش حاضر بالاتر از مقادیر بحرانی ۵۰ تا ۱۰۰ رأس اعلام شده توسط سازمان خواربار جهانی (۱۹۹۸) و میوسن و ووليامز (۱۹۹۹) می‌باشد. در مقایسه با پیشنهادات سازمان خواربار جهانی و همچنین گزارش‌های مربوط به جمعیت‌های دیگر، اندازه‌ی مؤثر جمعیت در بز کرکی رائینی مورد مطالعه دارای وضعیت مناسبی است. برآوردهای به دست آمده برای فراسنجه‌های احتمال منشأ ژن در جدول ۲ نشان داده شده است. تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار در این جمعیت ۱۲۲۷ رأس برآورد گردید که از نتایج گزارش شده در سایر جمعیت‌ها بیشتر است. تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار در بز مرکز ۳۴۸ رأس گزارش شده است (۳۵). تعداد حیوانات بنیان‌گذار در گوسفندان زندگی، کرمانی، بلوچی، زالدا و افشاری نیز به ترتیب ۶۱۵، ۴۰۶، ۳۴۷، ۳۲۹ و ۲۴۳ رأس گزارش شده است (۴، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۴۰). احتمالاً دلیل اصلی زیاد بودن تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت بز کرکی رائینی مورد مطالعه مشخص نبودن والدین تعداد قابل توجهی از حیوانات در نسل‌های ابتدایی باشد. در صورتی که حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع مشارکت یکسان داشته باشند تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار با تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار برابر خواهد بود. این بدین معنی است که هرچه تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار اختلاف بیشتری داشته باشند، این اختلاف نامطلوب‌تر بوده و مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مورد مطالعه را نشان می‌دهد. این تفاوت نشان‌دهنده این است که از برخی افراد به عنوان والدین نسل آینده بیشتر استفاده شده است و توزیع ژن‌های حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع یکنواخت نمی‌باشد (۲۰).

جدول ۲- فراسنجه‌های به دست آمده از تحلیل احتمال منشأ ژن

Table 2. Parameters calculated from the probability of gene origin

تعداد Number	پارامتر Parameter
1227	تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار (f) (Total number of founder animals)
251	تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار (f _e) (Effective number of founder animals)
232	تعداد مؤثر اجداد (f _a) (Effective number of ancestors)
240	تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (N _g) (Effective number of founder genomes)
4.89	نسبت f/f_e (f/f _e Ratio)
1.08	نسبت f_e/f_a (f _e /f _a Ratio)
5.11	نسبت f/N_g (f/N _g Ratio)

تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار در این جمعیت ۲۵۱ رأس برآورد گردید. همانطور که ملاحظه می‌شود بین تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار تفاوت زیادی وجود دارد که این وضعیت نشان دهنده‌ی مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت مرجع و استفاده بیشتر از برخی افراد نسبت به برخی دیگر در فرآیند تولیدمثل است. تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار در بز مرخز ۴۹ رأس گزارش شده است (۳۵). در گوسفندان افشاری، بلوچی، زالدا، زندی و کرمانی، تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۴۰، ۸۰، ۸۶ و ۲۰۹ رأس به دست آمده است (۴، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۴۰). در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت نیز تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۶۹۸، ۱۳۴۷، ۲۷۲، ۳۸۵، ۵۹، ۶۸۱ و ۵۶۸ رأس و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به ترتیب ۱۲۰، ۱۳۴، ۸۰، ۴۰، ۳۱، ۵۸ و ۱۳۳ رأس گزارش

گردیده است و دلیل اختلاف این دو فراسنجه به دست آمده را مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد جمعیت نسل حاضر بیان کردند (۱۰).

هر چند که از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار می‌توان 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 استفاده کرد، اما تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تنهایی نمی‌تواند یک فراسنجه ایده‌آل برای سنجش تنوع در جوامع دامی باشد. یکی از مهمترین دلایل آن این است که اثر تنگه ژنتیکی بوجود آمده در اثر استفاده از تعداد محدودی حیوان به عنوان والدین نسل بعد را در نظر نمی‌گیرد.

تعداد مؤثر اجداد در جمعیت بز کرکی رائینی مورد مطالعه ۲۳۲ رأس برآورد شد. تعداد مؤثر اجداد مورد بررسی در یک فرایند تحلیل شجره بر اساس میزان مشارکت ژنتیکی مورد انتظار تعیین و همچنین تنگه‌های ژنتیکی موجود در شجره نیز در محاسبه این فراسنجه در نظر گرفته می‌شود. گزارش شده است که تعداد مؤثر اجداد همیشه مساوی یا کوچکتر از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار است و این وضعیت در پژوهش حاضر نیز مشاهده گردید (۱۷). تعداد مؤثر اجداد در بز مرخز ۳۷ رأس گزارش شده است (۳۵). در گوسفندان زندی و کرمانی تعداد مؤثر اجداد به ترتیب ۷۴ و ۷۳ رأس گزارش شده است (۴ و ۱۳). تعداد مؤثر اجداد در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت نیز به ترتیب ۵۹، ۵۰، ۴۶، ۱۷، ۲۴، ۳۹ و ۵۵ رأس گزارش شده است (۱۰). میزان مشارکت حاشیه‌ای^۱ اجداد بنیان‌گذار و هم اجداد غیربنیان‌گذار در محاسبه‌ی تعداد اجداد در نظر گرفته می‌شود (۶). یک فرد وقتی می‌تواند مشارکت ژنتیکی تصحیح شده بیشتری در جمعیت مرجع داشته باشد که ژن‌های آن فرد از طریق تعداد زیادی از نوادگانش به جمعیت مرجع رسیده باشد. به‌عنوان مثال یک پدر با تعداد زیادی پسر که اغلب پسرانش برای تولیدمثل انتخاب شده باشند، می‌تواند مشارکت ژنتیکی تصحیح شده بیشتری داشته باشد (۳۹).

در بز کرکی رائینی مورد مطالعه تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار ۲۴۰ برآورد گردید که بیشتر از گزارش‌های موجود در نژادهای گوسفند و بز ایرانی است. تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در بز مرخز ۲۶ گزارش شده است (۳۵). تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار در گوسفندان بلوچی، ماکویی،

زندگی و کرمانی به ترتیب ۱۹/۵۰، ۳۵/۹۳، ۴۱ و ۱۴۴ گزارش گردیده است (۴، ۱۳، ۳۸ و ۴۰). این فراسنجه در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت نیز به ترتیب ۲۲، ۲۳، ۲۳، ۶، ۱۹، ۸ و ۲۶ گزارش شده است (۱۰). در واقع در برآورد این فراسنجه هم میزان مشارکت ژنتیکی حیوانات بنیان‌گذار (مانند تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر اجداد) و هم تاثیر تنگه‌های ژنتیکی در شجره (مانند تعداد مؤثر اجداد) و هم کاهش تنوع آلی در اثر رانش ژنتیکی تصادفی در نظر گرفته می‌شود. بویچارد و همکاران (۱۹۹۷) بیان کردند که هرچه تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار کوچکتر باشد نشان‌دهنده‌ی کاهش بیشتر تنوع آلی در اثر رانش ژنتیکی تصادفی می‌باشد و به عبارت دیگر سهم کمتری از ژن‌های حیوانات بنیان‌گذار در جامعه وجود دارد (۶). با توجه به تعریفی که برای این فراسنجه وجود دارد انتظار بر این است که تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار کمتر باشد که در پژوهش حاضر نیز این نتیجه به دست آمد.

به علت متفاوت بودن افراد جمعیت مرجع در پژوهش‌های مختلف، مقایسه فراسنجه‌های تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار و تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار در بین نژادها و جمعیت‌های مختلف مناسب نیست ولی نسبت تعداد حیوانات بنیان‌گذار به تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار را می‌توان به عنوان معیاری جهت مقایسه تاثیر سیستم اصلاح‌نژادی بر میزان مشارکت متعادل یا نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار مورد استفاده قرار داد. این نسبت در پژوهش حاضر ۴/۸۹ محاسبه شد که تا حدودی مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار را در ایجاد جمعیت مرجع نشان می‌دهد. هرچه این نسبت کمتر باشد مناسب‌تر بوده و نشان‌دهنده این است که حیوانات بنیان‌گذار مشارکت متعادل‌تری داشته‌اند. این نسبت در گوسفندان کرمانی، زالدا، بلوچی، افشاری و زندگی به ترتیب ۱/۹۴، ۴/۰۶، ۴/۳۴، ۶/۰۸ و ۷/۱۵ گزارش شده است (۴، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۴۰). دانچین بورگ و همکاران (۲۰۱۰) نیز این نسبت را در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت به ترتیب ۵/۸، ۱۰/۱، ۳/۴، ۹/۶، ۱/۹، ۱۱/۷ و ۴/۳ گزارش کردند (۱۰). میزان این نسبت در جمعیت بز کرکی رائینی در حد متوسط گزارش‌های مربوط به نژادهای مختلف ایرانی و خارجی بود. در برخی از جمعیت‌ها این نسبت بسیار بیشتر از مقدار پژوهش حاضر می‌باشد که این وضعیت می‌تواند به فشار انتخاب بیشتر و استفاده بیش از حد برخی از افراد و مشارکت ژنتیکی نامتعادل‌تر حیوانات بنیان‌گذار در این نژادها نسبت داده شود.

نسبت تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار به تعداد مؤثر اجداد نیز می‌تواند اطلاعات مفیدی در مورد تاثیر تنگه‌های ژنتیکی موجود در بین جمعیت مینا و جمعیت مرجع و در نتیجه کاهش تنوع ژنتیکی ارائه دهد (۶). نسبت یک نشان‌دهنده ثبات روند مشارکت حیوانات بنیان‌گذار در طول زمان در ایجاد جمعیت مرجع می‌باشد. به طور کلی اگر تعداد مؤثر اجداد کمتر از تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار باشد، وجود تنگه‌های ژنتیکی در شجره و تاثیر آن‌ها بر کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت به اثبات می‌رسد. هرچه مقدار این نسبت بزرگتر باشد، تنگه‌های ژنتیکی شدیدتری در شجره وجود دارد. به عبارت دیگر اگر تعداد مؤثر حیوانات بنیان‌گذار بیش از دو برابر تعداد مؤثر اجداد باشند و این نسبت بالای ۲ به دست آید، نشان دهنده‌ی تاثیر مهم تنگه‌های ژنتیکی در کاهش تنوع ژنتیکی از جمعیت حیوانات بنیان‌گذار تا جمعیت مرجع می‌باشد. این نسبت در بز کرکی رائینی مورد مطالعه در پژوهش حاضر ۱/۰۸ محاسبه شد. این نسبت در گوسفندان زندی، افشاری، بلوچی، زالدا و کرمانی به ترتیب ۱/۱۶، ۱/۱۸، ۱/۷۰، ۲/۰۲ و ۲/۸۶ گزارش گردیده است (۴، ۱۳، ۱۴، ۱۶ و ۴۰). در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت نیز این نسبت به ترتیب ۲/۰، ۲/۷، ۱/۷، ۲/۴، ۱/۳، ۱/۵ و ۲/۴ گزارش شده است (۱۰). همچنین این نسبت در پژوهش پدروسا و همکاران (۲۰۱۰) در نژاد سانتالینس برزیل ۱/۳۵ گزارش گردید (۳۲). مقایسه این نسبت در پژوهش حاضر با گزارش‌های موجود در سایر نژادها نشان می‌دهد که تنگه‌های ژنتیکی نقش کمتری در کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت بز کرکی رائینی مورد مطالعه داشته‌اند.

نسبت تعداد حیوانات بنیان‌گذار به تعداد مؤثر ژنوم حیوانات بنیان‌گذار می‌تواند تمامی منابع کاهش تنوع ژنتیکی از جمعیت مینا تا جمعیت مرجع شامل مشارکت نامتعادل حیوانات بنیان‌گذار، تنگه‌های ژنتیکی و کاهش تنوع ژنتیکی در دوره تفرق ژنی را نشان دهد (۶، ۲۰). این نسبت در بز کرکی رائینی مورد مطالعه در پژوهش حاضر ۵/۱۱ محاسبه شد. در گوسفندان کرمانی، افشاری، زندی و بلوچی این نسبت به ترتیب ۲/۸۲، ۱۰/۵۷، ۱۵/۰۰ و ۱۷/۷۹ گزارش شده است (۴، ۱۳، ۱۴ و ۴۰). دانچین بورگ و همکاران (۲۰۱۰) نیز این نسبت را در گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاک و سولوگنوت به ترتیب ۳۱/۶، ۵۸/۱، ۱۱/۵، ۶۰/۲، ۳/۱، ۸۲/۰ و ۲۱/۸ گزارش کردند (۱۰). در اکثر گزارش‌های موجود در نژادهای مختلف ایرانی و خارجی مقدار این نسبت بسیار بالاتر از مقدار به دست آمده در پژوهش حاضر است. می‌توان این نتیجه را استنباط نمود

که از نظر کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت بز کرکی راینی مورد مطالعه وضعیت مناسب‌تری از سایر نژادهای گزارش شده دارد.

متوسط فاصله نسل در بز کرکی راینی مورد مطالعه در جدول ۳ نشان داده شده است. متوسط فاصله نسل در این جمعیت ۳/۹۳ سال محاسبه شد که در محدوده فاصله نسل به‌دست آمده برای نژادهای مختلف گوسفند و بز است. متوسط فاصله نسل در بز مرخز ۳/۵۵ سال گزارش شده است (۳۵). متوسط فاصله نسل در گوسفندان بلوچی، ایران‌بلک، افشاری، ماکویی و کرمانی به‌ترتیب ۳/۳۳، ۳/۳۹، ۳/۵۵، ۳/۹۵ و ۴/۵ سال گزارش گردیده است (۴، ۱۴، ۲۹، ۳۸ و ۴۰). در پژوهش انجام شده روی هفت جمعیت گوسفندان فرانسوی بلودومین، شارمویز، کنتین، رومانو، گله هسته رومانو، روسین دولاگ و سولوگنوت نیز متوسط فاصله نسل به‌ترتیب ۳/۴، ۳/۹، ۳/۳، ۴/۱، ۲/۹، ۳/۵ و ۳/۶ سال برآورد شده است (۱۰).

جدول ۳- متوسط فاصله نسل در چهار مسیر مختلف انتخاب

Table 3. Average generation interval in four selection pathways

خطای معیار Standard error	فاصله نسل Generation interval	تعداد حیوانات Number of animals	مسیر برآورد Pathway
0.523	4.79	78	پدر- بزغاله نر (Father-Son)
0.126	4.09	912	پدر- بزغاله ماده (Father-Daughter)
0.292	3.82	139	مادر- بزغاله نر (Mother-Son)
0.104	3.77	1330	مادر- بزغاله ماده (Mother-Daughter)
0.077	3.93	2459	کل (Total)

در مطالعه حاضر متوسط فاصله نسل در مسیرهای مختلف انتخاب شامل مسیرهای بز نر- بزغاله نر (L_{mm})، بز نر- بزغاله ماده (L_{mf})، بز ماده- بزغاله نر (L_{fm}) و بز ماده- بزغاله ماده (L_{ff}) به ترتیب ۴/۷۹، ۴/۰۹، ۳/۸۲ و ۳/۷۷ سال برآورد شد. همانطور که در جدول ۳ نشان داده شده است، متوسط فاصله نسل در مسیر پدر- فرزند طولانی‌تر از مسیر مادر- فرزند است. در پژوهش‌های طهمورت‌پور و شیخلو (۲۰۱۱)، پایوا و همکاران (۲۰۱۱) و غفوری‌کسبی (۲۰۱۲) فاصله نسل در مسیر مادر- فرزند طولانی‌تر از مسیر پدر- فرزند گزارش شده است که متفاوت از نتیجه به دست آمده در پژوهش حاضر است (۱۴، ۳۱ و ۴۰). سن دام‌ها و مدت استفاده از دام‌های نر و ماده برای تولیدمثل

و یا به عبارت دیگر سن جایگزینی آن‌ها از عوامل اصلی تعیین‌کننده فاصله‌ی نسل می‌باشند. لذا کوتاه‌تر بودن فاصله نسل در مسیر مادر - نتاج می‌تواند به دلیل تفاوت سن جایگزینی نرها و ماده‌ها باشد. به عبارت دیگر احتمالاً جایگزینی زودتر افراد ماده در گله مورد مطالعه یکی از دلایل فاصله نسل کوتاه‌تر در مسیر مادر- نتاج می‌تواند باشد. به طور کلی با استفاده از افراد جوانتر به عنوان والدین نسل آینده می‌توان فاصله نسل را در جمعیت کاهش داد. در صورت طولانی‌تر شدن فاصله نسل در جمعیت، میزان پیشرفت ژنتیکی صفات در واحد زمان کاهش خواهد یافت (۱۲). با مقایسه فاصله نسل در بز کرکی رائینی با گزارش‌های موجود در منابع مختلف مشخص می‌شود که فاصله نسل در این نژاد در محدوده این گزارش‌ها قرار دارد.

نتیجه‌گیری

نتایج این پژوهش نشان داد که میانگین همخونی دام‌ها در نسل اخیر وضعیت مناسبی داشته و پایین‌تر از محدوده سطح بحرانی قرار دارد. ولی روند همخونی در این جمعیت نشان می‌دهد که سیستم آمیزشی کنونی موجود در گله باعث به وجود آمدن همخونی در دام‌ها گشته و با توجه به نرخ افزایش همخونی مشاهده شده، ادامه این سیستم آمیزشی موجب افزایش همخونی دام‌های گله در آینده خواهد گردید. فاصله نسل ۳/۹ ساله در این جمعیت و میزان افزایش همخونی سالیانه ۰/۰۴ درصدی ایجاد افزایش همخونی ۰/۱۵ درصدی به ازای هر نسل خواهد کرد. با وجود اینکه این مقدار افزایش همخونی در هر نسل در محدوده‌ی پیشنهاد شده در جمعیت‌های تحت برنامه‌های اصلاح نژادی یعنی ۰/۵ تا ۱ درصد قرار دارد، ولی در صورت بسته بودن جمعیت اگر همین روند سیستم آمیزشی در آینده ادامه یابد یافتن حیوانات غیرخویشاوند و طراحی آمیزش بین آنها در آینده کاری مشکل خواهد بود. با توجه به پیشنهادات سازمان خواربار جهانی و در مقایسه با نژادهای دیگر، جمعیت بز کرکی رائینی مورد بررسی از نظر اندازه‌ی مؤثر جمعیت در وضعیت نسبتاً مناسبی به سر می‌برد. همچنین برطبق نتایج حاصل از بررسی فراسنجه‌های احتمال منشأ ژن می‌توان چنین نتیجه‌گیری کرد که به دلیل انجام انتخاب در این جمعیت، میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار و اجداد اصلی در جمعیت کنونی مورد بررسی نامتعادل بوده و می‌تواند در آینده باعث کاهش بیشتر تنوع ژنتیکی شود.

منابع

1. Adeli Khah, M.H., Vaez Torshizi, R., Rokouei, M., and Tohidi, D. 2008. Inbreeding and its effects on production traits Iranian Zandi sheep. 3rd Congress on Animal Science, Mashad, Iran. 1-4. (In Persian)
2. Allendorf, F.W. 1986. Genetic drift and the loss of alleles versus heterozygosity. *Zoo Biol.* 5: 181-190.
3. Askari, N., Mohammadabadi, M.R., Beygi Nasiri, M.T., Baghizadeh, A., and Fayazi J. 2009. Study of genetic diversity of Raeini Cashmere Goat based on microsatellite markers. *J. Agric. Sci.* 18: 155-163. (In Persian)
4. Bahreini Behzadi, M.R., and Keshavarzpour, M. 2015. A study on genetic structure of Kermani sheep by using pedigree analysis in the Shahrabak sheep breeding station. *J. livest. Res.* 3: 1-10. (In Persian)
5. Bahri Binabaj, F., Faraji Arogh, H., Rokouei, M., Jafari, M., and Mohammad Hashemi, A. 2012. Estimation of inbreeding trend and its effect on growth traits, longevity and skin score of Karakul sheep breed. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. 760-764. (In Persian).
6. Boichard, D., Maignel, L., and Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
7. Boujenane, I., and Chamia, A., 1997. Effects of inbreeding on reproduction, weights and survival Sardi and Beni Guil sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 114: 23-31.
8. Caballero, A., and Toro, M.A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical Res., Cambridge.* 75: 331-343.
9. Cassell, B.G., Adamec, V., and Pearson, R.E. 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. *J. Dairy Sci.* 86: 2967-2976.
10. Danchin-Burge, C., Palhière, I., François, D., Bibé, B., Leroy, G., and verrier, E. 2010. Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *J. Anim. Sci.* 88: 505-516.
11. 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.
12. Falconer, D.S., and Mackay, F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman, Harlow, UK.
13. Ghafouri-Kesbi, F. 2010. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. *J. Genet.* 89: 479-483.

14. Ghafouri-Kesbi, F. 2012. Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. *Arch. Tierz.* 4: 375-384.
15. Gholambabaeian, M.M., Rashidi, A., Razmkabir, M., and Mirzamohammadi, E. 2012. Inbreeding coefficient estimate and its effects on pre-weaning traits in Moghani sheep. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. 71-75. (In Persian).
16. Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J., and Royo, L.J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 95-103.
17. Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Canon, J., and Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35: 43-63.
18. Gutiérrez, J.P., and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172-176.
19. Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., and Goyache, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 327-332.
20. Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8: 111-123.
21. Lacy, R.C. 1995. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biol.* 14: 565-578.
22. Li, M.H., Strandén, I., and Kantanen, J. 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *J. Anim. Sci.* 87: 1598-1605.
23. Maignel, L., Boichard, D., and Verrier, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull.* 14: 49-54.
24. Malécot, G. 1948. *Les Mathématiques de l'Hérédité*. MassonetCie, Paris, 80 p.
25. Mandal, A., Pant, K.P., Nandy, D.K., Rout, P.K., and Roy, R. 2003. Genetic analysis of growth traits in Muzaffarnagari sheep. *Trop. Anim. Health Prod.* 35: 271-284.
26. Meuwissen, T.I., and Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24: 305-313.
27. Meuwissen, T.I., and Woolliams, J.A. 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theor. Appl. Genet.* 89: 1019-1026.
28. Mokhtari, M.S., Moradi Shahrabak, M., Esmailizadeh, A.K., Abdollahi-Arpanahi, R., and Gutierrez, J.P. 2013. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. *Small Rumin. Res.* 114: 202-205.
29. Mokhtari, M.S., Moradi Shahrabak, M., Esmailizadeh, A.K., Moradi Shahrabak, H., and Gutierrez, J.P. 2014. Pedigree analysis of Iran-Black sheep

- and inbreeding effects on growth and reproduction traits. *Small Rumin. Res.* 116: 14–20.
30. Mucha, S., and Windig, J.J. 2009. Effects of incomplete pedigree on genetic management of Dutch Landrace goat. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 250-256.
31. Paiva, S.R., Facó, O., Faria, D.A., Lacerda, T., Barretto, G.B., Carneiro, P.L.S., Lobo, R.N.B., and McManus, C. 2011. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Trop. Anim. Health. Prod.* DOI 10.1007/s11250-011-9873-6.
32. Pedrosa, V.B., Santana Jr., M.L., Oliveira, P.S., Eler, J.P., and Ferraz, J.B.S. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Rumin. Res.* 93: 135–139.
33. Rajabi Marand, B., Vaez Torshizi, R., Masoudi, A.A., Rahnama, K., and Seyedalian, S.A.R. 2012. Genetic structure of Iranian Lori-Bakhtiari sheep derived from pedigree information. 5th Congress on Animal Science, Isfahan, Iran. 918-921. (In Persian).
34. Rashedi Dehsahraei, A., Fayazi, J., and Vatankhah, M. 2013. Investigating inbreeding trend and its impact on growth traits of Lori-Bakhtiari Sheep. *J. Rumin Res.* 1: 65-78. (In Persian)
35. Rashidi, A., Mokhtari, M.S., and Gutierrez, J.P. 2015. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. *Small Rumin. Res.* 124: 1–8.
36. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., and Colleau, J.J. 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: *Proceeding of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication 27–28, Belo Horizonte, Brazil, August 13–18.*
37. Sheikhloo, M., Tahmoorespur, M., and Aslaminejad, A.A. 2012. A study of inbreeding of Baluchi Sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad. *Iranian J. Anim. Sci. Res.* 3: 453-458. (In Persian)
38. Sheikhloo, M., Tahmoorespur, M., and Aslaminejad, A.A. 2013. Study of genetic variability of breeding flock of Makooyi sheep using pedigree analysis. 1st National Conference on Livestock and Poultry Production in Northern Iran, Sari, Iran. 1116-1120. (In Persian)
39. Sonesson, A.K., and Meuwissen, T.H.E. 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 32: 231-248.
40. Tahmoorespur, M., and Sheikhloo, M. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Rumin. Res.* 99: 1–6.



Gorgan University of Agricultural
Sciences and Natural Resources

J. of Ruminant Research, Vol. 4(1), 2016
<http://ejrr.gau.ac.ir>

A study on genetic diversity of Raeini Cashmere Goat using pedigree analysis

H. Shamsaddini Nejad¹ and *M.R. Bahreini Behzadi²

¹M.Sc. Graduated and ²Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture,
Yasouj University, Iran

Received: 12/21/2015; Accepted: 04/20/2016

Abstract

Background and objectives: The Raeini Cashmere goat is one of the most important breeds among Iranian goat. This study was conducted to characterize genetic diversity and population structure of Raeini Cashmere goat using pedigree analysis, to identify factors affected the genetic variability of this breed. By knowing these kinds of parameters especially probability of gene origin parameters animal breeders could suggest good strategies to manage inbreeding and describing decrease in genetic variability in the population.

Materials and methods: The information of 7264 goat from 293 fathers and 2057 mothers were used. The data were collected during 1990-2013 in Raeini Cashmere goat breeding station in Baft, Kerman. Estimation of inbreeding coefficient was done by CFC software. Endog (v4.8) software was used to compute other pedigree analyses including mean coancestry, mean relationship, effective population size, probability of gene origin parameters and average generation interval.

Results: The mean generation interval was 3.93 years. The generation interval in the dam-progeny pathway was shorter than in sire-progeny pathway. The mean coancestry of this population was estimated 0.012 percent. Average inbreeding coefficients of the population and within inbred population were 0.08 and 3.5 percent, respectively. Inbred animals formed small part of the population and included about 2 percent of total animals. The maximum inbreeding coefficient was 25 percent and the majority of inbred animals were animals with inbreeding coefficient up to 5 percent. Increase in inbreeding was 0.004 percent per year and based on 3.9 generation interval inbreeding will increase about 0.015 percent per generation. The mean relationship was 0.24 percent. The relationship coefficients

*Corresponding author: bahreini@yu.ac.ir

estimates between male and female animals are to predict the future level of inbreeding in population. The total number of founder animals, the effective number of founders, effective number of ancestors and effective number of founder genomes, were estimated 1227, 251, 232, 240 heads, respectively. Also, the effective population size was 191 heads.

Conclusion: The results of this study showed that the effective population size of this population decreased during the period of research. The effective population size in Raeini Cashmere goat was in good condition according to the FAO suggestion. An effective population size of 50 determined by FAO as a critical status for animal populations. But if this trend continues in the future, the effective size of the population will approach to critical levels. The results of this study indicated that, the contribution of the founders and major ancestors to the population has been unbalanced due to the selection of animals and the genetic variability of the population decreased compared to the founder population. In comparison to other breeds, the population under study has an acceptable level of genetic variability.

Keywords: Effective Population Size, Generation Interval, Inbreeding