



پایش تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت در بز مرخز با استفاده از تجزیه شجره

محمد رزم کبیر^{۱*}، پیمان محمودی^۲

۱- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۲- دانشجوی دوره دکتری ژنتیک و اصلاح دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

(تاریخ دریافت: ۹۷/۰۹/۰۵ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۰/۰۵)

چکیده

تجزیه شجره ابزاری مفید برای بررسی ساختار جمعیت، تنوع ژنتیکی و تاریخچه جمعیتی است. در این پژوهش به منظور پایش ساختار شجره بزه‌های مرخز از تعداد ۵۷۲۶ رکورد جمع‌آوری شده در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز مرخز سنندج، طی سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۹۵ استفاده شد. خطایابی و آمار توصیفی شجره با برنامه CFC، تخمین اندازه مؤثر جمعیت و فاصله نسل با بسته نرم‌افزاری ENDOG و بررسی روند تغییرات همخونی با استفاده از نرم‌افزار EVA انجام شد. نسبت قابل توجهی از جمعیت بز مرخز (معادل ۵۴/۳ درصد جمعیت) همخون بود. میانگین رابطه خویشاوندی و میانگین همخونی در کل جمعیت به ترتیب ۲/۶۱ و ۲/۶۸ درصد برآورد شد که نشان داد سطح همخونی در جمعیت بیشتر از حد مورد انتظار است. اندازه مؤثر افراد جمعیت بنیان‌گذار برابر ۸۰/۶۵ حیوان برآورد شد که بیانگر مشارکت نامتوازن حیوانات جمعیت پایه در تولیدمثل بود. روند تغییرات همخونی نامطلوب و افزایشی بود که می‌تواند ناشی از بسته بودن جمعیت و استفاده نامحدود از شمار اندکی از والدین باشد. فاصله نسل جمعیت کل ۳/۲۳ سال و فاصله نسل جمعیت بنیان‌گذار ۵/۷۳ سال محاسبه شد که بیانگر سرعت بیشتر جایگزینی حیوانات در نسل‌های اخیر است. اندازه مؤثر جمعیت بز مرخز معادل ۶۰/۴۱ حیوان برآورد شد و به حداقل تعداد افراد پیشنهاد شده برای یک جمعیت بهینه (یعنی ۵۰ فرد) نزدیک بود. نتایج بیانگر همخونی بالا و افت تنوع ژنتیکی در جمعیت است و پیشنهاد می‌شود برنامه‌های حفاظتی، جایگزین برنامه‌های اصلاحی در بز مرخز شوند.

واژه‌های کلیدی: اندازه مؤثر جمعیت، ژنتیک حفاظت، ضریب همخونی، سیستم‌های آمیزشی، فاصله نسل

* نویسنده مسئول: m.razmkabir@uok.ac.ir

مقدمه

حفظ تنوع ژنتیکی در حیوانات مزرعه‌ای برای کسب اطمینان از نتایج بلند مدت برنامه‌های انتخاب یک ضرورت است. اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها در کنار حفظ ذخایر ژنتیکی، می‌تواند به پایه‌ریزی طرح‌های اصلاح نژادی کمک کند. موفقیت در برنامه‌های انتخاب مستلزم حفاظت از ذخایر ژنتیکی و شناخت ساختار ژنتیکی جمعیت است، زیرا اصلاح نژاد دام یک فرایند پویا است و برنامه‌های انتخاب ژنتیکی با گذر زمان، نیازمند تغییر و بازنگری خواهند بود. به بیان دیگر، عدم توجه به ذخایر ژنتیکی و به تبع آن کاهش تنوع ژنتیکی منجر به افت ناشی از همخوانی و کاهش شایستگی ژنتیکی حیوانات برای صفات اقتصادی می‌شود (شمس‌الدینی‌نژاد و بحرینی بهزادی، ۱۳۹۵). استفاده از تجزیه شجره ابزاری مفید برای مطالعه ساختار ژنتیکی و تاریخچه جمعیت است و به اصلاحگر کمک می‌کند که برای کنترل تنوع ژنتیکی و پیشینه نمودن اندازه جمعیت اقدام نماید (Lacy, 1989). اندازه جمعیت به معنای افراد حاضر در جمعیت یا جمعیت سرشماری شده است، اما از نقطه نظر ژنتیک جمعیت، اندازه مؤثر جمعیت حائز اهمیت است و برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در جمعیت استفاده می‌شود. اندازه مؤثر جمعیت به مفهوم تعداد افراد بالغ شرکت‌کننده در چرخه تولیدمثل است که در انتقال ماده ژنتیکی به نسل بعد و حفظ خزانه ژنتیکی مؤثر هستند. کمینه اندازه مؤثر جمعیت به صورت تعدادی از افراد تعریف می‌شود که جمعیت را از اثرات منفی همخوانی و یا تهدیدات مرتبط با رانش ژنتیکی و کاهش تنوع ژنتیکی حفاظت کند. در جوامع کوچک و با شجره کم‌عمق، اندازه مؤثر جمعیت ممکن است اریب و بیشتر از واقعیت تخمین زده شود. این مسأله در جوامع گوسفند و بز که تلقیح مصنوعی مرسوم نیست و عمدتاً شجره دارای نقص و خطا است مشکلات بیشتری را به وجود می‌آورد (Pérez-Enciso, 1995). در جمعیت‌های تحت انتخاب، به سبب مشارکت نابرابر افراد جمعیت در تولیدمثل و تشکیل نسل آینده، نابرابری تعداد حیوانات نر و ماده و نوسانات تعداد مولدین طی نسل‌های متوالی، معمولاً اندازه مؤثر جمعیت از اندازه فیزیکی آن کمتر است.

مطابق گزارش‌های آماری، حدود ۲۱ میلیون رأس بز در ایران پرورش داده می‌شود که معادل ۲/۵۷ درصد از

جمعیت بزهای جهان است (Simaei-Soltani *et al.*, 2016). بز مرخز یک نژاد بومی و چند منظوره است که بیشترین اهمیت پرورش آن به دلیل تولید الیاف موهر است. از میان نژادهای بز دنیا، دو نژاد بز مرخز و بز آنقوره الیاف موهر تولید می‌کنند که در صنایع نساجی استفاده می‌شود. در ایران هدف اصلی از پرورش بز مرخز تولید موهر رنگی شامل رنگ‌های سفید، خاکستری، سیاه و طیف‌های مختلف قهوه‌ای است (Rashidi *et al.*, 2015). با توجه به کاربرد موهر در تهیه لباس‌های مردانه کردی، این محصول نقش فرهنگی مهمی در کردستان دارد. پراکنش جغرافیایی و پرورش بز مرخز در گذشته در استان‌های کردنشین غرب کشور بوده است، ولی در حال حاضر تنها در ناحیه محدودی از کردستان و تعداد اندکی از روستاهای آذربایجان غربی پرورش می‌یابد. کاهش اندازه زیستگاه‌ها به دلیل تخریب جنگل‌های بلوط مورد استفاده برای تغذیه این نوع دام، تغییرات سبک زندگی پرورش‌دهندگان و افت درآمدهای حاصل از پرورش، از عوامل مؤثر بر کاهش شدید اندازه جمعیت بز مرخز محسوب می‌شوند (Bahmani *et al.*, 2011). این میزان کاهش در پراکندگی و اندازه زیستگاه می‌تواند سبب افزایش حساسیت و کاهش سازگاری محیطی در این نژاد شود.

طبق گزارش سازمان جهاد کشاورزی استان کردستان، در سال ۱۳۷۳ اندازه جمعیت بز مرخز بیشتر از ۲۵۰۰۰ رأس بوده است (رشیدی و همکاران، ۱۳۷۸)، اما در سال‌های اخیر اندازه جمعیت این نژاد با کاهشی ۹۰ درصدی مواجه شده است، به طوری که آخرین آمار جمعیت بز مرخز حدود ۲۵۰۰ رأس شامل ۵۰۰ رأس در ایستگاه حفاظتی سنندج و کمتر از ۲۰۰۰ رأس در گله‌های مردمی تخمین زده شده است (رزم کبیر و محمودی، ۱۳۹۳). ایستگاه بز مرخز سنندج به عنوان بزرگترین مرکز پرورش و حفظ این نژاد در سال ۱۳۷۶ و با هدف اولیه اصلاح و به‌نژادی این دام تأسیس شده است. از آنجا که این ایستگاه مشابه یک هسته اصلاحی بسته است، بنابراین احتمال کاهش اندازه مؤثر جمعیت و افزایش همخوانی در آن وجود دارد (Mahmoudi *et al.*, 2018). بر این اساس، این پژوهش با هدف مطالعه ساختار جمعیت، محاسبه همخوانی و برآورد اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از روش تجزیه شجره در جمعیت بزهای مرخز صورت گرفت.

مواد و روش‌ها

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

در جمعیت‌های کوچک که عمق شجره کم است صرف نظر از اینکه از چه روشی برای تخمین اندازه مؤثر جمعیت استفاده شود، برآورد حاصل بیشتر از اندازه واقعی افرادی خواهد بود که در ایجاد همخونی سهیم هستند (Goyache *et al.*, 2003). در چنین شرایطی، به منظور تخمین صحیح اندازه مؤثر جمعیت لازم است اندازه مؤثر واقعی بکار برده شود. در این روش از افزایش افرادی همخونی برای تخمین اندازه مؤثر واقعی استفاده می‌شود که از رابطه زیر بدست می‌آید (Gutiérrez *et al.*, 2009):

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

که در این رابطه، F_i ضریب همخونی انفرادی و t تعداد نسل‌ها در یک شجره کامل معادل است. سپس با استفاده از میانگین تغییرات ضریب انفرادی همخونی (ΔF) اندازه مؤثر واقعی با استفاده از رابطه زیر برآورد شد (Cervantes *et al.*, 2008):

$$\bar{N}_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

فاصله نسل: فاصله نسل به صورت میانگین سن والدین هنگام به دنیا آمدن فرزندان آن‌ها که برای تولیدمثل مورد استفاده قرار می‌گیرند، تعریف می‌شود (James, 1972). در این پژوهش، میانگین فاصله نسل چهار مسیر پدر-پسر (L_{ss})، پدر-دختر (L_{sd})، مادر-پسر (L_{ds}) و مادر-دختر (L_{dd}) به عنوان فاصله نسل جمعیت طبق رابطه زیر برآورد شد:

$$GI = \frac{L_{ss} + L_{sd} + L_{ds} + L_{dd}}{4}$$

نتایج و بحث

آمار توصیفی شجره: به منظور بررسی ساختار جمعیت بزهای مرخز، شجره ۵۷۲۶ حیوان تجزیه و تحلیل شد. نتایج نشان داد که افراد همخون بیش از نیمی از جمعیت را تشکیل می‌دهند و معادل ۵۴/۳۳ درصد هستند. تعداد نرهای مولد جمعیت ۲۵۹ و فرزندان حاصل از آن‌ها ۵۱۴۱ فرد بود. همچنین تعداد ماده‌های مولد ۱۵۸۴ و فرزندان که تولید کرده‌اند ۵۲۳۴ فرد بود. از میان افراد جمعیت، ۳۸۸۳ فرد بدون فرزند بودند. سطوح مختلف همخونی جمعیت در جدول ۱ ارائه شده است.

داده‌ها و اطلاعات: این تحقیق با استفاده از داده‌ها و اطلاعات جمع‌آوری شده مربوط به ۵۷۲۶ رأس بز مرخز طی سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۹۵ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز مرخز سنندج انجام شد. پس از آماده‌سازی و خطایابی داده‌ها، ضرایب همخونی، میانگین همخونی در جمعیت کل و جمعیت همخون و تعداد افراد تشکیل‌دهنده سطوح مختلف همخونی با استفاده از نرم‌افزار CFC 1.0 (Sargolzaei *et al.*, 2006)، ضرایب روابط خویشاوندی، اندازه مؤثر جمعیت، فاصله نسل و نرخ تکامل شجره با استفاده از نرم‌افزار ENDOG 4.8 (Gutiérrez and Goyache, 2005) و روند تغییرات همخونی طی سال‌های مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزار EVA 2.0 (Berg *et al.*, 2006) انجام شد.

برآورد همخونی: احتمال آنکه دو آلل موجود در یک جایگاه ژنی منشأ یکسانی از یک جد مشترک داشته باشند، ضریب همخونی گفته می‌شود (Wright, 1931). ضرایب همخونی با استفاده از الگوریتم مويسن و لوو (Meuwissen and Luo, 1992) برآورد شد. این الگوریتم بر پایه تجزیه ماتریس روابط خویشاوندی ژنتیکی افزایشی است که در سال ۱۹۷۶ به وسیله هندرسون تعریف شد (Henderson, 1976). روند تغییرات میانگین همخونی و همخونی مورد انتظار در شرایط آمیزش تصادفی با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد:

$$(1 - \bar{F}) = (1 - EF)(1 - \alpha)$$

که در این رابطه، \bar{F} میانگین ضریب همخونی، EF همخونی مورد انتظار در شرایط آمیزش تصادفی و α انحرفات همخونی به وقوع پیوسته از سطح همخونی مورد انتظار است.

اندازه مؤثر جمعیت: برای محاسبه اندازه مؤثر جمعیت ابتدا تغییرات همخونی برای هر نسل با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد (Gutiérrez *et al.*, 2003):

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

که در این رابطه، F_t و F_{t-1} به ترتیب متوسط همخونی در t امین نسل و نسل قبل از آن هستند. سپس با استفاده از تغییرات همخونی (ΔF)، اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد (Falconer and Mackay, 1996):

اطلاعات شجره‌ای، میانگین ضریب همخونی صفر است ولی با گذشت زمان یک روند افزایشی داشته است.

نرخ همخونی به سبب عواملی مانند نرخ پایین مهاجرت و بسته بودن جمعیت، آمیزش‌های خویشاوندی و همچنین کوچک شدن اندازه جمعیت می‌تواند از سطح مورد انتظار بیشتر شود. زمانی که اندازه جمعیت کوچک باشد، پس از طی چند نسل، افراد آن جامعه ناگزیر خویشاوند خواهند شد. به عبارت دیگر حتی آمیزش تصادفی موجب بالا رفتن میانگین ضریب همخونی در جوامع کوچک می‌شود. همخونی اثرات منفی بر شایستگی و زنده‌مانی دارد و لازم است همیشه در سطح پایینی نگه داشته شود. هنگامی که همخونی به بیش از ۲۰ درصد افزایش یابد، باید نگران پیامدهای مضر آن مانند بروز صفات نامطلوب ناشی از تشکیل ژنوتیپ مغلوب مضر و همچنین پدیدار شدن افت ناشی از همخونی شد (Franklin and Frankham, 1998). به طور کلی روندی نامطلوب و افزایشی در همخونی جمعیت بز مرخز مشاهده می‌شود. نظر به اینکه محاسبه میزان همخونی به شیوه شجره‌ای بر مبنای نسل پایه اندازه‌گیری می‌شود، همخونی معمولاً کمتر از میزان واقعی آن برآورد می‌شود، زیرا نسل پایه که در آن فرض می‌شود حیوانات رابطه خویشاوندی ندارند، اکثراً نامشخص است. همچنین حیوانات همخون سازگاری کمتری نسبت به محیط دارند و افرادی که همخونی زیادی دارند، عمدتاً بر اثر انتخاب طبیعی از جمعیت حذف می‌شوند.

جمعیت پایه: افرادی از جمعیت که یک یا هر دو والد آن‌ها ناشناخته باشد، به عنوان جمعیت پایه یا بنیان‌گذار در نظر گرفته می‌شود. در شجره بز مرخز، تعداد ۷۹۰ حیوان در گروه جمعیت بنیان‌گذار قرار داشت. اندازه مؤثر جمعیت بنیان‌گذار برابر ۸۰/۶۵ فرد و همخونی مورد انتظار آن، مشروط به مشارکت متوازن در تولیدمثل برابر ۰/۶۲ درصد بود. نتایج نشان می‌دهد که همخونی به وقوع پیوسته (۲/۶۸ درصد) بیشتر از همخونی مورد انتظار است و ضرورت دارد این مساله ریشه‌یابی شود. برای این منظور معمولاً از پارامترهایی نظیر اندازه مؤثر جمعیت، واریانس اندازه خانواده، تعداد اجداد مؤثر و ارزیابی برنامه‌های آمیزشی استفاده می‌شود. اندازه مؤثر جمعیت بنیان‌گذار در گوسفندان بلوچی ایستگاه عباس‌آباد مشهد ۸۰ رأس برآورد شده است (Tahmoorspur and Sheikhloo, 2011).

جدول ۱- فراوانی حیوانات در سطوح مختلف همخونی
Table 1. Frequency of animals in different levels of inbreeding

Inbreeding level	No of animals	%
F = 0	2615	45.67
0.00 < F ≤ 0.05	2101	36.70
0.05 < F ≤ 0.10	433	7.56
0.10 < F ≤ 0.15	336	5.87
0.15 < F ≤ 0.20	153	2.67
0.20 < F ≤ 0.25	55	0.96
0.25 < F ≤ 0.30	26	0.45
0.30 < F ≤ 0.35	6	0.10
0.35 < F	1	0.01

همانطور که در جدول ۱ قابل مشاهده است بیش از ۸۰ درصد جمعیت، همخونی صفر و یا کمتر از ۵ درصد داشته‌اند که دلیلی برای کم بودن میانگین همخونی در جمعیت از نظر کمی است. در مطالعه ساختار جمعیت گوسفندان ایران بلک میانگین همخونی جمعیت کل و جمعیت همخون به ترتیب ۸/۰۸ و ۹/۹۰ درصد گزارش شده است (Mokhtari et al., 2014). در مطالعه دیگری، میانگین همخونی جمعیت گوسفندان زندی ۱/۴۶ درصد گزارش شده است (Ghafouri-Kesbi, 2010). می‌توان نتیجه‌گیری نمود که میزان همخونی از پارامترهای مختص به جمعیت است و به عواملی نظیر اندازه جمعیت، سیستم‌های آمیزش و نرخ مهاجرت به جمعیت وابسته است.

ضریب همخونی: میانگین رابطه خویشاوندی و میانگین همخونی در کل جمعیت به ترتیب ۲/۶۱ و ۲/۶۸ درصد برآورد شد. بر اساس قوانین ژنتیک جمعیت، میان میزان روابط خویشاوندی و میزان همخونی یک رابطه مستقیم وجود دارد و در یک جمعیت در حال تعادل، همیشه میزان همخونی کمتر از میزان روابط خویشاوندی است. در جمعیت حاضر، سطح همخونی در جمعیت بیشتر از حد مورد انتظار برآورد شد. عدم تعادل همخونی و خویشاوندی زمانی رخ می‌دهد که در یک جمعیت تحت انتخاب، از تعدادی از والدین به طور مکرر و در طولانی مدت استفاده شود (Gutiérrez et al., 2003). در جمعیت‌های بسته نیز که از خارج از جمعیت اصلی حیوانی وارد هسته نمی‌شود، این اتفاق در طولانی مدت رخ می‌دهد. روند تغییرات همخونی طی سال‌هایی که ثبت شجره برای جمعیت انجام شده است در شکل ۱ ارائه شده است. همانطور که مشاهده می‌شود در سال‌های ابتدایی عمدتاً به دلیل عدم وجود

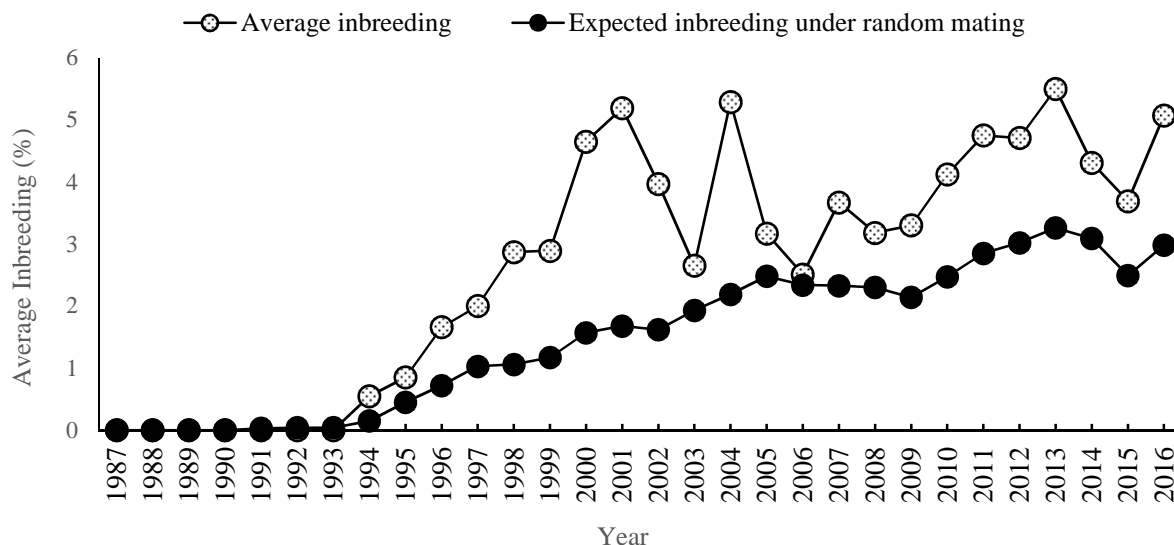


Fig. 1. Trend of average inbreeding coefficient and expected inbreeding under random mating

شکل ۱- روند تغییرات میانگین ضریب همخونی و مقدار مورد انتظار آن در شرایط آمیزش تصادفی

خانواده در جمعیت مورد بررسی است. برای مثال در بز مرخز، رنگ قهوه‌ای موهر مقبولیت بیشتری دارد و ممکن است استفاده از بزهای نر قهوه‌ای نسبت به سایر پدران بیشتر باشد.

سیستم آمیزش: مجموع آمیزش‌های نزدیک در جمعیت، کمتر از ۱۰ درصد بود، به طوری که آمیزش برادر-خواهر تنی ۰/۱۰ درصد (شش تلاقی)، آمیزش میان ناتنی‌ها ۵/۵۹ درصد (۳۲۰ تلاقی) و آمیزش والد-فرزند ۰/۶۸ درصد (۳۹ تلاقی) از کل آمیزش‌ها را شامل شد. سایر آمیزش‌ها میان خویشاوندان دور یا افراد غیرخویشاوند بود که ۹۳/۶۳ درصد کل آمیزش‌ها را شامل می‌شود. بر اساس این نتایج می‌توان استنباط کرد که در جمعیت، تلاقی افراد با درجه خویشاوندی زیاد تا حدودی کنترل شده است. با این وجود، انتظار بر این است سطح همخونی در جمعیت نیز تا حدی مهار شود که البته چنین اتفاقی رخ نداده است. با در نظر گرفتن این واقعیت پیش‌بینی می‌شود عوامل دیگری مانند کوچک شدن اندازه جمعیت طی سال‌های اخیر، موجب افزایش سطح همخونی جمعیت شده باشد. در شکل ۲، میانگین نرخ همخونی و نرخ هم‌تباری در هفت نسل جمعیت بز مرخز نمایش داده شده است. نتایج حاصل از این دو پارامتر نشان می‌دهد که روند افزایش نرخ همخونی با نرخ هم‌تباری متناسب نیست و نرخ همخونی بیشتر از مقدار مورد انتظار است. این عدم تطابق نشان می‌دهد تلاقی حیوانات با درجه خویشاوندی پایین

همچنین اندازه مؤثر جمعیت بنیان‌گذار گوسفندان نژاد زندی (Ghafouri-kesbi, 2010) و نژاد ایران بلک (Mokhtari et al., 2014) به عنوان گله‌های بسته موجود در کشور به ترتیب ۸۶ و ۱۳ رأس گزارش شده است. تعداد مؤثر/جداد: تعداد افراد جمعیت که هر دو والد آن‌ها شناخته شده باشد، برابر ۴۹۳۶ فرد بود. همچنین تعداد اجداد و تعداد اجداد مؤثر به ترتیب ۳۹۸ و ۶۳ فرد بود. از میان ۳۹۸ جد مشارکت‌کننده در ایجاد جمعیت، تعداد ۲۱ جد (معادل ۵٪ اجداد) به طور مشترک در ایجاد ۵۰ درصد از این جمعیت سهیم بودند. آمار توصیفی تعداد فرزندان به ازای هر پدر در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- توزیع تعداد فرزندان به ازای هر پدر

Table 2. Distribution of progenies per sire

Parameter	Value
Mean	19.94
SD	14.5
CV (%)	72.72
Variance	210.29
SE	0.92
Min	1
Max	83

نتایج نشان می‌دهد متوسط تعداد نتاج به ازای هر پدر حدود ۲۰ فرزند است که البته با واریانس زیادی همراه است. حداقل نمودن واریانس مشارکت اجداد در جمعیت، یکی از ابزارهای موثر برای حفاظت جمعیت‌ها محسوب می‌شود (Caballero and Toro, 2000). این مسأله بیانگر نوسان در مشارکت تولیدمثلی و واریانس بالای اندازه

برای محاسبه شاخص‌های جمعیتی از کیفیت قابل قبولی برخوردار است (Gutiérrez et al., 2003). میزان کامل بودن شجره ماده‌ها بیشتر از نرها است. با توجه به اینکه تعداد نسل‌های جمعیت بزهای مرخز هفت نسل است، می‌توان مشاهده کرد که پس از هفت نسل میزان کامل بودن شجره به ۱۰۰ درصد نزدیک شده است.

اندازه مؤثر جمعیت: بقاء طولانی مدت یک جمعیت به وجود و حفظ تنوع ژنتیکی برای سازگاری افراد بستگی دارد. با کاهش تنوع ژنتیکی بین افراد یک جمعیت سازگاری آن‌ها در مقابل تغییرات محیط از نظر تغییر در شرایط اقلیمی، بروز بیماری و تغییر در مقدار و عرضه غذا و یا به طور کلی انعطاف پذیری تکاملی آنها کاهش می‌یابد (Lacy, 1989). اندازه مؤثر جمعیت یک پارامتر کلیدی در طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی است (Pérez-Enciso, 1995). روش‌های برآورد اندازه مؤثر جمعیت را می‌توان در سه گروه اصلی شامل: روش مبتنی بر شجره، بهره‌گیری از نشانگرهای ژنتیکی و استفاده از اطلاعات دموگرافیک تقسیم‌بندی کرد (Leroy et al., 2013). در روش مبتنی بر شجره، الگوریتم‌های متفاوتی وجود دارد که نتایج آن در جدول ۴ ارائه شده است.

یکی از معتبرترین الگوریتم‌ها برای جمعیت‌های کوچک، اندازه مؤثر جمعیت بر اساس افزایش همخونی است که به اندازه مؤثر جمعیت تحقق یافته نیز معروف است (Gutiérrez et al., 2009). اندازه مؤثر جمعیت بز مرخز بر اساس روش افزایش همخونی فردی برابر ۶۰/۴۱ محاسبه شد. طبق قاعده ۵۰/۵۰۰ که در ژنتیک حفاظت جایگاه ویژه‌ای دارد، برای جلوگیری از اثرات منفی همخونی و با هدف حفظ تنوع ژنتیکی، اندازه مؤثر جمعیت حداقل ۵۰ فرد و برای مهار رانش ژنتیکی حداقل ۵۰۰ فرد شرکت‌کننده در تولیدمثل پیشنهاد شده است (Franklin and Frankham, 1998). به عبارت دیگر زمانی که اندازه مؤثر جمعیت کمتر از ۵۰ باشد، برنامه‌ریزی و تصمیمات آمیزشی در جمعیت به منظور حفظ تنوع ژنتیکی ضرورت پیدا می‌کند. در گوسفند نژاد کرمانی، اندازه مؤثر جمعیت بر اساس روش‌های افزایش همخونی فردی و نرخ هم‌تباری فردی به ترتیب ۱۰۰ و ۱۲۰ گزارش شده است (Mokhtari et al., 2013). این مقادیر برای گوسفند نژاد ایران بلک به ترتیب ۲۷ و ۲۸ گزارش شده است (Mokhtari et al., 2014).

کنترل نشده است. به عبارت دیگر، به دلیل عواملی مانند استفاده طولانی مدت از تعداد مشخصی از مولدها، نرخ همخونی به ویژه در نسل‌های اخیر از میزان مورد انتظار بیشتر شده است. متقی نیا و همکاران (۱۳۹۳) در مطالعه گوسفندان ایران بلک گزارش کردند ۹۲/۶ درصد از جمعیت همخون است و کنترل آمیزش‌ها و جلوگیری از تلاقی حیوانات خویشاوند را برای کنترل وضعیت همخونی این جمعیت پیشنهاد دادند.

فاصله نسل: فاصله نسل به صورت متوسط سن والدین در زمان تولد فرزندانشان که برای تولیدمثل نگهداری می‌شوند، تعریف می‌شود (James, 1972). فاصله نسل از چهار مسیر پدر-پسر، پدر-دختر، مادر-پسر و مادر-دختر برای جمعیت بزهای مرخز در جدول ۳ ارائه شده است. فاصله نسل کل جمعیت ۳/۲۳ سال محاسبه شد. فاصله نسل بر اساس مسیر پدر-فرزند از سایر مسیرها کمتر بود و بیانگر این مطلب است که دام‌های نر در گله زودتر با نرهای جوان جایگزین می‌شوند. متوسط فاصله نسل در گوسفندان بلوچی ایستگاه عباس آباد مشهد ۳/۳۳ سال گزارش شده است (Tahmoorespur and Sheikhloo, 2011). در پژوهش دیگری، فاصله نسل در گوسفند نژاد لری بختیاری ۳/۴۲ سال محاسبه شد (Sheikhloo and Abbasi, 2016). تفاوت این شاخص در جمعیت‌های مختلف، تابع عواملی مانند مدیریت تولیدمثلی، نرخ جایگزینی مولدین جوان، وضعیت حذف‌های اجباری و اختیاری در گله و در مفهومی کلی‌تر، وضعیت ماندگاری مولدین در جمعیت است.

جدول ۳- فاصله نسل برای مسیرهای چهارگانه

Table 3. Generation interval (GI) for four paths

Path	Number	GI	SE
Father-Son	212	2.5566	0.0591
Father-Daughter	1199	2.5420	0.0237
Mother-Son	222	3.8424	0.1060
Mother-Daughter	1224	3.9265	0.0460
Total	2857	3.2373	0.0272

نرخ تکامل شجره: نرخ تکامل شجره تا سه نسل قبل برای تمام حیوانات در شکل ۳ نشان داده شده است. میزان کامل بودن شجره برای پدران و مادران نسل اول به ترتیب ۸۷/۰۶ و ۹۰/۳۸ درصد بود. این مقدار برای پدربزرگ‌ها و مادربزرگ‌ها در نسل دوم کمتر از نسل اول و برای پدر پدربزرگ‌ها و مادر مادربزرگ‌ها کمتر از نسل دوم است. به طور کلی نرخ تکامل نسل اجداد (پدر بزرگ‌ها و مادر بزرگ‌ها) بزرگتر از ۵۰ درصد است و نشان می‌دهد شجره

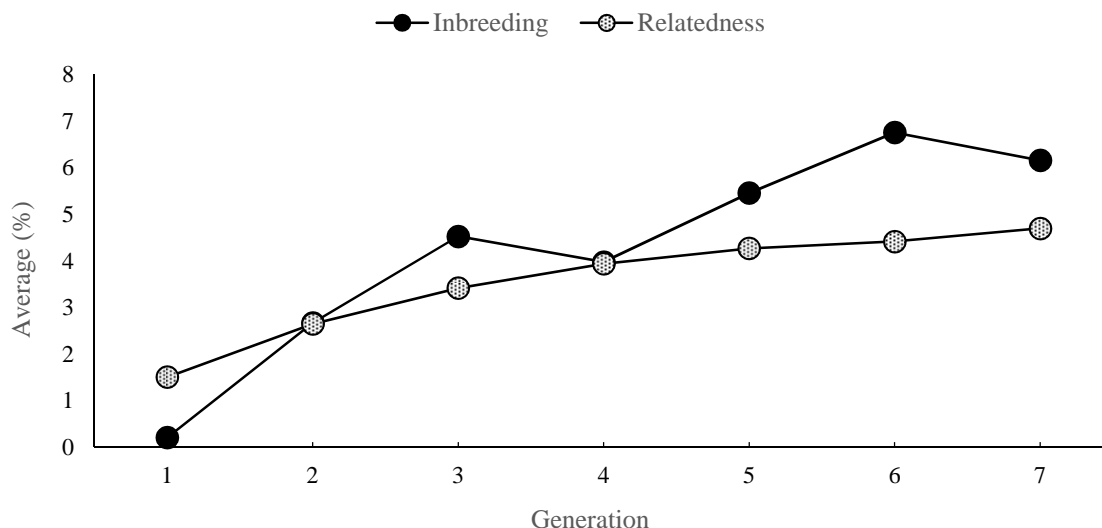


Fig. 2. Average rate of inbreeding and rate of relationship in seven generations of Markhoz goat population

شکل ۲- میانگین ضریب همخونی و نرخ هم‌تباری در هفت نسل جمعیت بز مرخز

شاخص کلیدی در تعریف و بازنگری برنامه‌های انتخاب است. در پژوهش کنونی، اندازه مؤثر جمعیت بز مرخز معادل ۶۰/۴۱ فرد برآورد شد و از عدد بحرانی پیشنهاد شده برای یک جمعیت (یعنی ۵۰ فرد) فاصله چندانی ندارد. سطح همخونی برآورد شده در جمعیت بز مرخز از مقدار مورد انتظار آن نیز بیشتر است. با توجه به پایین بودن اندازه مؤثر جمعیت و روند افزایشی همخونی در این نژاد و همچنین کاهش تراکم جغرافیایی زیستگاه آن در سال‌های اخیر، ضرورت دارد برنامه‌های اصلاحی و حفاظتی این نژاد بازنگری و ارزیابی شود. به صورت ویژه پیشنهاد می‌شود حداقل در کوتاه‌مدت، برنامه‌های حفاظتی، جایگزین برنامه‌های به‌نژادی ایستگاه پرورش بز مرخز شود.

تشکر و قدردانی

از مجموعه مرکز اصلاح نژاد و بهبود بز مرخز سنندج به خاطر فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز صمیمانه تشکر می‌گردد.

اندازه مؤثر جمعیت گوسفندان نژاد زندی ۷۱ گزارش شده است (Ghafouri-kesbi, 2010). به طور کلی پایین بودن اندازه مؤثر جمعیت می‌تواند به سبب عواملی از قبیل نسبت جنسی نابرابر حیوانات نر و ماده (به ویژه تعداد کمتر پدران نسبت به مادران)، مشارکت نابرابر پدران در تولیدمثل (بالا رفتن واریانس اندازه خانواده) و نوسانات اندازه گله طی سال‌های مورد مطالعه باشد.

جدول ۴ - اندازه مؤثر جمعیت در بزهای مرخز

Table 4. Effective population size in Markhoz goat population

Estimation Method	Effective size
Individual increase in inbreeding	60.41
Regression on the birth date	75.38
Log regression on the birth date	78.33
Rate of coancestry	82.50

نتیجه‌گیری کلی

بز مرخز به عنوان بخشی از منابع و ذخایر ژنتیکی دامی کشور و همچنین به عنوان حیوان مزرعه‌ای تولید کننده موهر و گوشت، جایگاه ویژه‌ای دارد. اندازه مؤثر جمعیت یکی از معیارهای مهم در ژنتیک جمعیت برای تخمین تنوع ژنتیکی و تعیین وضعیت یک گونه از نظر وضعیت بقا است. همچنین در اصلاح نژاد دام، اندازه مؤثر جمعیت یک

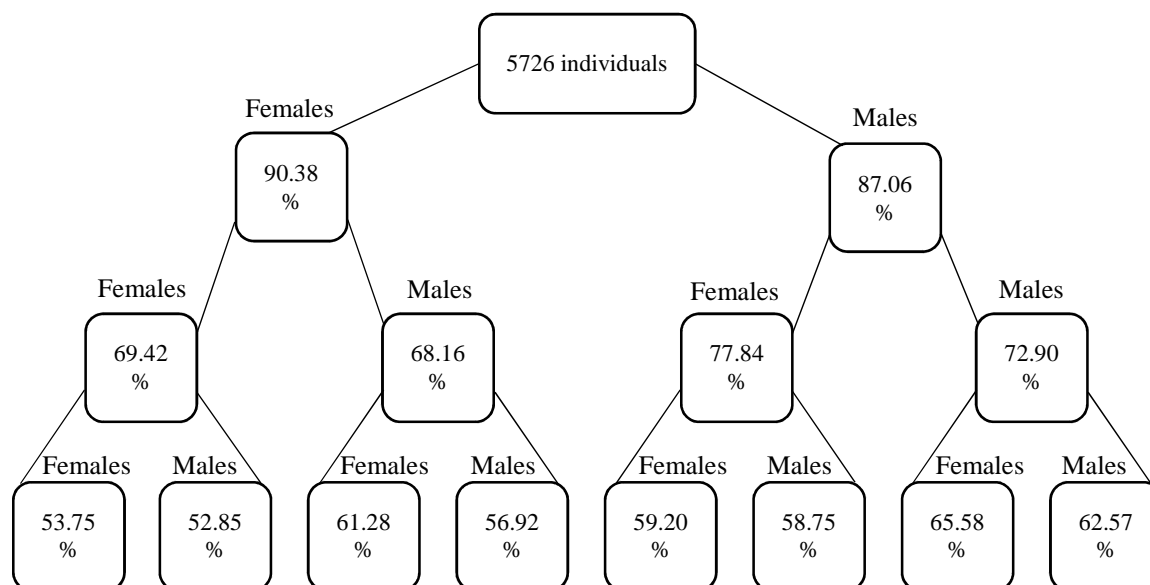


Fig. 3. Pedigree completeness of Markhoz goat population in the last three generations

شکل ۳- میزان کامل بودن شجره جمعیت بزهای مرخز در سه نسل آخر

فهرست منابع

- رزم کبیر م. و محمودی پ. ۱۳۹۳. برآورد همخوانی و اندازه موثر جمعیت بز مرخز با استفاده از تجزیه شجره. ششمین کنگره علوم دامی ایران. تبریز، ایران.
- رشیدی ا.، امام جمعه کاشان ن.، میرائی آشتیانی س. ر. و رحیمی ش. ۱۳۷۸. اثر عوامل محیطی و ژنتیکی بر صفات بیده در بزهای مرخز (آنقوره ایران). علوم کشاورزی ایران، ۳۰: ۶۱۷-۶۱۱.
- شمس‌الدینی‌نژاد ه. و بحرینی بهزادی م. ر. ۱۳۹۵. بررسی تنوع ژنتیکی بز کرکی راینسی با استفاده از روش تحلیل شجره. پژوهش در نشخوارکنندگان، ۴: ۷۶-۵۵.
- متقی نیا ق.، فرهنگ فر ه.، احمدی شاهرخت م.، شادپرور ع. و جعفری م. ۱۳۹۳. بررسی روند تغییرات ضریب هم‌خونی بره و والدین و اثر آن بر وزن پشم گوسفندان ایران بلک مرکز اصلاح نژاد دام شمال شرق کشور. تولیدات دامی، ۱۶: ۹-۱.
- Bahmani H. R., Tahmoorespur M., Aslaminejad A. A., Abbasi M. A. and Ebnabbasi R. 2011. Assessment of demographic, geographical and genetic risks in Markhoz goat population. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 10: 162-168.
- Berg P., Nielsen J. and Sørensen M. K. 2006. EVA: Realized and predicted optimal genetic contributions. In: *Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Brazil, CD communication 27-09.
- Caballero A. and Toro M. A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics Research*, 75: 331-343.
- Cervantes I., Gutiérrez J. P., Molina A., Goyache F. and Valera M. 2009. Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 335-347.
- Falconer D. S. and Mackay T. F. C. 1996. *Introduction to quantitative genetics*, 4th ed. Longman, Harlow, UK.
- Franklin I. R. and Frankham R. 1998. How large must populations be to retain evolutionary potential. *Animal Conservation*, 1: 69-70.
- Ghafouri-Kesbi F. 2010. Analysis of genetic diversity in a closed population of Zandi sheep using genealogical information. *Journal of Genetics*, 89: 479-483.
- Goyache F., Gutiérrez J. P., Fernández I., Gomez E., Alvarez I., Díez 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. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120: 95-105.
- Gutiérrez J. P. and Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.
- Gutiérrez J. P., Cervantes I. and Goyache F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 327-332.

- Gutiérrez J. P., Altarriba J., Díaz C., Quintanilla R., Cañón J. and Piedrafita J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35: 43-63.
- Henderson C. R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in the prediction of breeding values. *Biometrics*, 32: 69-83.
- James J. W. 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theoretical and Applied Genetics*, 42: 272-273.
- Lacy R. C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8:111-123
- Leroy G., Mary-Huard T., Verrier E., Danvy S., Chavrolin E. and Danchin-Burge C. 2013. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genetics Selection Evolution*, 45: 1-10.
- Mahmoudi P., Rashidi A. and Razmkabir M. 2018. Inbreeding effects on some reproductive traits in Markhoz goats. *Animal Production Science*, 58, 2178-2183.
- Meuwissen T. H. E. and Luo Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24: 305-313.
- 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 Ruminant Research*, 114: 202-205.
- 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 Ruminant Research*, 116: 14-20.
- Pérez-Enciso M. 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 112: 333-340
- 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 Ruminant Research*, 124: 1-8.
- Sargolzaei M., Iwaisaki H. and Colleau J. J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In: *Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Brazil, CD communication 27-28. Belo Horizonte-MG, Brazil
- Simaei-Soltani L., Abdolmohammadi A., Zebarjadi A. and Foroutanifar S. 2016. Genetic diversity and distance of Iranian goat breeds (Markhoz, Mahabadi and Lori) compared to the Beetal breed using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Archives Animal Breeding*, 59: 477-483.
- Sheikhlou M. and Abbasi M. A. 2016. Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. *Small Ruminant Research*, 141: 99-105.
- Tahmoorespur M. and Sheikhlou M. 2011. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 99: 1-6.
- Wright S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16:97-159.



Monitoring genetic diversity and population structure of Markhoz goat by pedigree analysis

M. Razmkabir^{1*}, P. Mahmoudi²

1. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2. Ph.D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

(Received: 26-11-2018 – Accepted: 26-12-2018)

Abstract

Pedigree analysis is a useful tool for the study of structure, genetic diversity and history of populations. This study was conducted to characterize population structure, estimation of inbreeding and effective population size in Markhoz goats using pedigree analysis. Data consisted of pedigree records of 5726 animals, collected between 1987 and 2016 by Markhoz goat Performance Testing Station. Computer programs, including CFC for descriptive statistics of pedigree, ENDOG for estimation of effective population size and generation interval and EVA for inbreeding trend were used in this research. The ratio of inbred animals was 54.3% of total population. The mean of co-ancestry and inbreeding coefficients in the population were 2.61 and 2.68, respectively, indicated that the observed inbreeding level is higher than expectation. Estimated effective number of founders was 85.65, represents unequal founder contributions in population. Undesirable trend for inbreeding could be due to high contribution of few ancestors in reproduction and low migration rate of animals in Markhoz goat station. The mean generation interval for total population and founders were 3.23 and 5.73 years, respectively, emphasizing the replacement of young bucks and does in the recent generations. Effective population size computed via individual increase in inbreeding was equal to 60.41 and was not far from the 50, a critical level proposed for an ideal population. The results indicate that the biodiversity of population has decreased. In conclusion this research supports the priority for conservation genetic strategy instead of selection programs in Markhoz goat.

Keywords: Effective population size, Conservation genetics, Inbreeding Coefficient, Mating systems, Generation interval

*Corresponding author: m.razmkabir@uok.ac.ir