

بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت گوسفند لری-بختیاری با استفاده از اطلاعات شجره

بهزاد رجبی مرند^۱، رسول واعظ ترشیزی^۲، علی اکبر مسعودی^۳، کمال رهنما^۱ و سید احمد رضا سید علیان^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه تربیت مدرس، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تربیت مدرس

و ۳- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور

* نویسنده مسئول: رسول واعظ ترشیزی (rasoult@modares.ac.ir)

چکیده

هدف از مطالعه حاضر بررسی ساختار ژنتیکی و تغییرات اندازه جمعیت گوسفندان نژاد لری-بختیاری ایستگاه شولی واقع در استان چهارمحال و بختیاری، با استفاده از اطلاعات شجره حیوانات متولد شده بین سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ بود. متوسط همبستگی (\bar{C})، اندازه موثر جمعیت (N_e) و همچنین پارامترهای احتمال منشا ژن (f_g ، f_e و f_{ne}) برای جمعیت مورد نظر برآورد شد. متوسط همبستگی در طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ از ۰/۶ درصد به ۰/۷۲ درصد افزایش یافت. مقدار f_e تا سال ۱۳۷۶ روند صعودی داشت اما بعد از آن تا سال ۱۳۸۸ به تدریج به مقدار ثابت ۱۳۴ رسید. مقدار f_g نیز همانند f_e تا سال ۱۳۷۶ سیر صعودی داشت ولی بعد از این سال به سرعت کاهش یافت. بطوری که در سال ۱۳۸۸ به کمترین مقدار خود (۶۹) رسید. کاهش قابل ملاحظه‌ای در برآورد f_{ne} از ۳۶۸ در سال ۱۳۷۰ به ۱۴۱ در سال ۱۳۸۸ مشاهده شد. در کل دوره مقدار f_e کمتر از f_{ne} بود که این امر نشان می‌دهد در رابطه با کاهش تنوع ژنتیکی در این جمعیت، مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌تر از رانش تصادفی ژن بعد از نسل پایه بود.

واژه های کلیدی: ساختار شجره، احتمال منشا ژن، گوسفند لری-بختیاری، ایران

مقدمه

در طی ۵۰ سال گذشته به دلیل تغییرات گسترده در سیستم‌های تولیدی، تغییر تقاضای بازار و تلاقی دام‌های بومی با نژادهای دیگر، ذخایر ژنتیکی بومی در سراسر دنیا در مرحله‌ای بحرانی قرار گرفته است. به موازات افزایش پیشرفت ژنتیکی، حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت، به منظور اجازه دادن به جمعیت جهت مقابله با تغییرات اقتصادی و محیطی آینده و اطمینان از پاسخ بلند مدت به انتخاب برای صفات، اهمیت زیادی دارد (۱). کاهش تنوع ژنتیکی در نتیجه ی کاهش اندازه موثر جمعیت با پدیده‌های نامطلوب مختلفی از جمله افت هم‌خونی در صفات مرتبط با شایستگی در ارتباط است. اندازه موثر جمعیت (N_e) معیاری برای تعیین مشابهت آلل‌های یک جایگاه ژنی در نتیجه وجود جد مشترک^۱ (IBD) بوده و مشخص کننده سطح هم‌خونی و میزان واریانس ژنتیکی کاهش یافته به دلیل رانش تصادفی ژن است. مطالعات مختلف نشان داده است در جمعیتی که در آن انتخاب صورت می‌گیرد بدلیل این که بسیاری از افراد سهم اندک و یا در برخی موارد هیچ سهمی در خزانه ژنی نسل‌های آینده ندارند مقدار N_e غالباً از تعداد واقعی مولدها کمتر است (۸). از این رو مدیریت مطلوب جمعیت به منظور جلوگیری از کاهش تنوع ضروری به نظر می‌رسد. مقدار برآورد پارامترهایی مانند اندازه موثر جمعیت، هم‌خونی و همبستگی، به طور قابل توجهی به اطلاعات شجره بستگی دارد. جهت بررسی یک جمعیت، پارامترهای توصیفی بیشتری با استفاده از تجزیه و تحلیل اطلاعات شجره پیشنهاد شده است که امکان توصیف شرایط یک جمعیت را با توجه به اثرات حیوانات بنیان‌گذار (حیواناتی که والدین نامشخصی دارند)، رانش ژنی و تنگه‌های

^۱ Identity-by-Descend

ایجاد شده به دلیل استفاده از تعداد معدودی حیوانات به عنوان والدین نسل آینده را فراهم می سازد (۳ و ۶). مهم ترین مزیت این پارامترها حساسیت کمتر آنها نسبت به سایر پارامترهای مرتبط با تنوع، به میزان کامل بودن شجره است (۲). هدف از مطالعه حاضر تلفیق پارامترهای بدست آمده از اطلاعات شجره در بررسی میزان تنوع ژنتیکی و نشان دادن مهم ترین دلیل کاهش آن در جمعیت گوسفند لری- بختیاری بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به ۶۳۸۹ گوسفند لری-بختیاری (۳۰۲۶ راس بره نر و ۳۳۶۳ راس بره ماده) که طی ۲۱ سال (۱۳۶۸-۱۳۸۸) در ایستگاه تحقیقاتی شولی، واقع در استان چهار محال و بختیاری، نگهداری و ثبت شجره شده بودند، استفاده گردید. برای هر گوسفند، فایل اطلاعات شجره، حاوی شماره حیوان، پدر، مادر، جنس و تاریخ تولد بره بود. جهت توصیف تنوع ژنتیکی، ضریب هم خونی، ضریب هم تباری، اندازه موثر جمعیت و پارامترهای مشتق شده از روش آنالیز احتمال منشا زن مورد استفاده قرار گرفت. پارامترهای مربوط به روش آنالیز احتمال منشا زن از قبیل اندازه موثر حیوانات بنیان گذار (f_e)، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار (f_g) و تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان گذار (f_{ne}) به ترتیب از رابطه های $f_e = 1/(\sum_{i=1}^f p_i^2)$ ، $f_g = 1/(2\bar{c})$ و $f_{ne} = 1/(\frac{1}{f_g} - \frac{1}{f_e})$ محاسبه شدند. در این روابط، f نشان دهنده تعداد کل حیوانات بنیان گذار، p_i نشان دهنده متوسط رابطه خویشاوندی i امین حیوان بنیان گذار با افراد موجود در جمعیت و \bar{c} بیانگر متوسط هم تباری جمعیت است (۳ و ۶). این پارامترها به همراه ضریب هم تباری از سال ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ برای هر نسل (سه سال) با استفاده از نرم افزار CFC محاسبه گردید.

نتایج و بحث

برآورد پارامترهای c ، N_e ، f_e ، f_g و f_{ne} در جدول ۱ نشان داده شده است. با وجود اینکه متوسط هم تباری از ۰/۶ درصد در سال ۷۰ به ۰/۷۲ درصد در سال های اخیر افزایش یافته است ولی میزان تغییر آن از نظر آماری معنی دار نبود ($p > 0/05$). متوسط هم تباری حیوانات در یک جمعیت متوسط هم خونی نسل آینده را پیش بینی می کند. به همین دلیل این پارامتر می تواند برای محاسبه اندازه موثر جمعیت در آینده مورد استفاده قرار گیرد. هم تباری بالا در یک جمعیت به معنای تنوع پایین بوده و به دلیل کاهش واریانس بین افراد، منجر به کاهش پاسخ به انتخاب می شود. در برنامه های حفاظت از گونه ها و نژادهای در معرض انقراض، اندازه موثر جمعیت (N_e) به عنوان یک پارامتر کلیدی علاوه بر نشان دادن میزان رانش ژنی بیانگر قابلیت زنده مانی یک جمعیت نیز می باشد (۴). علیرغم افزایش تعداد افراد از ۲۱۵ در سال ۷۰ به ۱۱۰۲ در سال ۸۸ مقدار N_e در این بازه زمانی کاهش داشته است. این موضوع بیانگر این واقعیت است که به موازات افزایش در تعداد افراد، متوسط رابطه خویشاوندی بین مولدها در نتیجه آمیزش های فAMILI نیز افزایش یافته است. این افزایش منجر به کاهش N_e و در نتیجه افزایش متوسط هم خونی در جمعیت شده است. به منظور انتخاب موثر و جلوگیری از کاهش شایستگی (مانند باروری و زنده مانی) حیوانات در نسل آینده، حداقل مقدار N_e برابر ۱۰۰ توصیه شده است (۷). N_e روند معنی داری ($p < 0/01$) در طی سال های مختلف نشان داد به طوری که از ۳۷۰ در سال ۷۳ به مقدار بحرانی ۹۶ در سال ۸۸ رسید. این میزان با مقداری که برای جمعیت گوسفند زندی گزارش شده است مطابقت داشت (۵). در یک جمعیت ممکن است فراوانی برخی از حیوانات بنیان گذار در ایجاد نتاج نسل بعد بیشتر از دیگر حیوانات بنیان گذار باشد. این مساله باعث می شود این حیوانات سهم بیشتری نسبت به سایرین بر مخزن ژنی جمعیت داشته باشند. برای تصحیح این عامل، اندازه موثر حیوانات بنیان گذار (f_e) برآورد شد. در صورتی که حیوانات بنیان گذار

مشارکت یکسانی داشته باشند، f_e با تعداد کل حیوانات بنیان‌گذار (f) برابر خواهد بود. مقدار f_e در فواصل سال‌های ۷۰، ۷۳، ۷۶، ۷۹، ۸۲، ۸۵ و ۸۸ به ترتیب ۱۰۷، ۱۲۰، ۱۴۰، ۱۳۹، ۱۳۳، ۱۳۴ و ۱۳۴ برآورد شد. به رغم افزایش تعداد حیوانات بنیان‌گذار (f) به ۴۳۳ رأس در سال ۸۸ مقدار f_e در این سال ۱۳۴ بود که حاکی از مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد نتاج بود. مهم‌ترین محدودیتی که f_e دارد همگرا شدن سهم ژنتیکی حیوانات بنیان‌گذار بعد از چندین نسل است که منجر به ثابت باقی ماندن مقدار f_e می‌گردد.

جدول ۱. پارامترهای برآورد شده بین سال‌های مختلف برای جمعیت گوسفند لری-بختیاری

سال	N	f	c	N_e	f_e	f_g	f_{ne}	f_e/f	f_e/f_g
۱۳۶۸-۱۳۷۰	۲۱۵	۱۸۸	۰/۶۰	-	۱۰۷	۸۳	۳۶۸	۰/۵۶	۱/۲۹
۱۳۷۱-۱۳۷۳	۶۴۳	۳۲۲	۰/۵۶	۳۷۰	۱۲۰	۹۰	۳۷۰	۰/۳۷	۱/۳۳
۱۳۷۴-۱۳۷۶	۱۰۸۷	۳۵۵	۰/۴۹	۲۹۴	۱۴۰	۱۰۶	۴۳۴	۰/۳۹	۱/۳۲
۱۳۷۷-۱۳۷۹	۱۱۹۷	۳۶۵	۰/۵۰	۲۰۰	۱۳۹	۹۵	۳۰۳	۰/۳۸	۱/۴۶
۱۳۸۰-۱۳۸۲	۱۱۶۹	۳۸۹	۰/۵۷	۱۲۸	۱۳۳	۸۲	۲۰۸	۰/۳۴	۱/۶۲
۱۳۸۳-۱۳۸۵	۹۷۶	۴۱۱	۰/۶۶	۱۰۴	۱۳۴	۷۴	۱۶۷	۰/۳۲	۱/۸۱
۱۳۸۶-۱۳۸۸	۱۱۰۲	۴۳۳	۰/۷۲	۹۶	۱۳۴	۶۹	۱۴۱	۰/۳۰	۱/۹۴

N: تعداد افراد، f: تعداد حیوانات بنیان‌گذار، N_e : اندازه موثر تحقق یافته، f_e : اندازه موثر حیوانات بنیان‌گذار، f_g : معادل ژنوم حیوانات بنیان‌گذار، f_{ne} : تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار

پارامتر دیگر معادل ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (f_g) بود که علاوه بر مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار (مثل f_e) کاهش تصادفی ژن‌ها هنگام انتقال از والدین به نتاج را نیز در نظر می‌گیرد. به همین دلیل مقدار f_g همیشه از مقدار f_e کوچک‌تر بوده و در طول زمان به سرعت کاهش می‌یابد. مقدار f_g در سال‌های ۷۰، ۷۳، ۷۶، ۷۹، ۸۲، ۸۵ و ۸۸ به ترتیب ۸۳، ۹۰، ۱۰۶، ۹۵، ۸۲، ۷۴ و ۶۹ بود. همانطور که انتظار می‌رفت مقدار f_g در طی سال‌های مورد مطالعه در مقایسه با f_e کاهش داشت. نسبت f_e/f_g در کل دوره بیشتر از ۱ بود که نشان دهنده وجود تنگه ژنتیکی و رانش ژنی در جمعیت است. تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار (f_{ne}) نیز پارامتر دیگری بود که فقط اثر رانش ژنی بعد از نسل پایه را محاسبه می‌کند. با استفاده از این پارامتر می‌توان مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت را مشخص کرد. در صورتی که $f_e > f_{ne}$ باشد رانش ژنی تجمع یافته بعد از نسل پایه و اگر $f_e < f_{ne}$ باشد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت به شمار می‌رود. در جمعیت مطالعه شده از سال ۶۸ تا ۸۸ مقدار f_{ne} در کل دوره بسیار بیشتر از f_e بود که نشان می‌دهد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار در خزانه ژنی نسل آینده مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع در این جمعیت بوده است. بطور کلی نتایج بدست آمده از این مطالعه نشان می‌دهد که در جمعیت‌های کوچک، بخصوص جمعیت‌هایی که در آنها انتخاب اعمال می‌شود تنوع ژنتیکی می‌تواند با سرعت بالایی کاهش یابد که دو پیامد مهم را در بر خواهد داشت: اولاً باعث کاهش هتروزیگوسیتی و به موجب آن باعث بروز افت هم‌خونی و ثانیاً

باعث کاهش تنوع آلی در جمعیت شده که باعث محدود شدن پاسخ به انتخاب می گردد. روش‌های مختلفی به منظور حداکثر کردن پاسخ به انتخاب در سطح قابل قبولی از هم‌خونی پیشنهاد شده است. استفاده متعادل از حیوانات به عنوان والدین نسل بعد، محدود کردن اندازه خانواده‌ها، ایجاد لاین‌های فرعی، استفاده محدود از روش BLUP در انتخاب افراد و انتخاب مولدها با حداقل هم‌تباری (۳) نمونه‌هایی از این روش‌ها می باشد. اجرای چنین روش‌هایی در گله گوسفند لری-بختیاری می تواند در رسیدن به پاسخ به انتخاب مطلوب با حداقل تجمع هم‌خونی در آینده کمک قابل توجهی کند.

References

1. Barker, J.S.F. 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. *Canadian Journal of Forest Research*. 31: 588-595.
2. 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.
3. Caballero, A. and Toro, M.A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res. Camb.* 75:331-343.
4. Frankham, R., Ballou, J.D. and Briscoe, D.A. 2002 *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, London, 617 pp.
5. Ghafouri-Kesbi, F. 2010. Change in genetic size of small-closed populations: Lessons from a domestic mammal population. *Genet Mol Biol* 33: 657-662.
6. Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8:111-123.
7. Meuwissen, T. H. E. 1999. Operation of conservation schemes. Pages 91-112 in *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. J. K. Oldenbroek, ed. DLO Inst. Anim. Sci. Health, Lelystad, the Netherlands.
8. Norberg, E. and Sorenson, A.C. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *J. Anim Sci.* 85:299-304.

Genetic structure of Iranian Lori-Bakhtiari sheep derived from pedigree information

Rajabi Marand, B.¹ R. Vaez Torshizi,¹ A. A. Masoudi,¹ K. Rahnama¹ and S.A.R, Seyedian²
1, Department of Animal Science, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.
2, Animal Breeding Center of Iran, Karaj, Iran.

* Corresponding Author: Rasoult Vaez Torshizi (rasoult@modares.ac.ir)

Abstract

The objective of the current study was to study genetic structure as well as changes in genetic size of a small population of Iranian Lori-Bakhtiari sheep, using genealogical information for animal born between 1989 and 2010. Average coancestry, effective population size and the amount of probability of gene origin (f_c , f_g and f_{ne}) were estimated. Average coancestry increased from 0.60% to 0.72% during the period 1991 to 2010. The f_c had an uptrend until 1998, afterward it decreased gradually, and reached a constant value (134) in 2010. Also, the f_g increased till 1998, then decreased quickly and reached the lowest amount (76) in 2010. A considerable reduction was observed in the estimates of the f_{ne} from 368 in 1991 to 141 in 2010. In overall, the amount of f_c was lower than the f_{ne} , indicating that with respect to the loss of genetic diversity, unequal contribution of founders was more important than the random genetic drift in non-founder generations.

Keywords: Pedigree Structure, Probability of Gene Origin, Lori-Bakhtiari Sheep, Iran.