



فصلنامه علمی-پژوهشی

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد دوم، شماره اول، ۱۳۹۳

<http://ejrr.gau.ac.ir>

بررسی تنوع ژنتیکی گاوهای هلستاین ایران با استفاده از اطلاعات شجره‌ای

* محسن دادار^۱، سعید انصاری مهیاری^۲، محمد رکوعی^۳ و محمدعلی ادریس^۴

^۱ دانشجوی دکتری، ^۲ استادیار، ^۳ استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل،

^۴ استاد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

تاریخ دریافت: ۱۳۹۲/۷/۳۰؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۱۲/۱۹

چکیده

هدف از تحقیق حاضر بررسی تنوع ژنتیکی گاوهای هلستاین ایران با استفاده از اطلاعات شجره‌ای جمع‌آوری شده طی سال‌های ۱۳۶۰ الی ۱۳۹۰ بود. با بررسی این شجره مشخص شد که ۷۰/۲ درصد از کل شجره دارای پدر و مادر معلوم می‌باشند. میانگین معادل تعداد نسل مجزا در این جامعه ۷/۵ و میانگین تعداد مسیر برای محاسبه هم‌خونی در شجره ۳۷/۵ بود. میانگین معیار کامل بودن شجره برای ۵ نسل ۵۱ درصد و برای ۱۵ نسل ۲۷ درصد بود. میانگین ضریب هم‌خونی ۳/۳۸ درصد و میانگین درصد هم‌تباری ۲/۹ برآورد گردید. تعداد کل فوندرها، تعداد مؤثر فوندرها، تعداد مؤثر ژنوم فوندرها و تعداد مؤثر غیر فوندرها در جامعه رفرنس به ترتیب ۵۲۶۲۵، ۴۷۵/۵، ۱۴/۵ و ۱۴/۹ بود. این شاخص‌ها بیان‌گر آن است که در کاهش تنوع ژنتیکی گاوهای هلستاین ایران باتل‌نک‌ها و رانش ژنتیکی تصادفی نسبت به سهم نامساوی فوندرها نقش بسیار مهم‌تری دارند. هم‌چنین اکثر رانش ژنتیکی تصادفی در جامعه مربوط به نسل‌های غیرفوندرها بوده است. تعداد مؤثر اجداد در جامعه رفرنس ۲۵/۷ بود. در جامعه رفرنس ۲۴، ۵۰ و ۷۵ درصد از سهم ژنی به ترتیب به ۲، ۱۱ و ۸۲ جد مربوط می‌شود. با توجه به نتایج فوق، به نظر می‌رسد گله‌های ایران از تنوع ژنتیکی نسبتاً بالایی برخوردارند، اما به علت افزایش روند هم‌خونی در طی سال‌های اخیر سرعت کاهش تنوع ژنتیکی افزایش یافته است. بنابراین، به نظر می‌رسد برای کنترل کاهش از دست دادن تنوع ژنتیکی روش‌های مناسب تلاقی‌گری مطلوب باشد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، هم‌خونی، گاوهای هلستاین ایران، شجره

*مسئول مکاتبه: edriss@cc.iut.ac.ir

مقدمه

همگام با افزایش پیشرفت‌های ژنتیکی، حفظ تنوع ژنتیکی یک جمعیت برای اطمینان از پاسخ به انتخاب بلندمدت، از جمله وظایف مهم برنامه‌های اصلاح‌نژادی است (بارکر، ۲۰۰۱). آنالیز اطلاعات شجره یکی از روش‌های بررسی تنوع ژنتیکی و ارزیابی آن در میان نسل‌ها است. در جوامع کوچک به دلیل احتمال از بین رفتن تنوع ژنتیکی، اصلاح‌گران با استفاده از آنالیز شجره اقدام به حداقل رساندن تنوع در اندازه خانواده و نیز حداکثر نمودن اندازه مؤثر در جمعیت می‌نمایند (لاسی، ۱۹۸۹). بدون شک بررسی روند هم‌خونی مهم‌ترین ابزاری است که برای بیان رانش ژنتیکی تصادفی^۱ مورد استفاده قرار می‌گیرد. در یک جامعه ایده‌ال که اندازه خانواده در آن دارای توزیع پواسن می‌باشد، دارای تعداد زیاد والدین برای تولید نسل آینده می‌باشد، تلاقی‌ها در آن تصادفی است، دارای نسبت جنسی یکسان می‌باشد، انتخاب، جهش یا مهاجرت صورت نمی‌گیرد و دارای نسل‌هایی مجزا می‌باشد، سرعت کاهش هتروزیگوسیتی با اندازه جامعه رابطه معکوسی دارد (فیشر، ۱۹۳۰ و رایت، ۱۹۳۱). لازم به ذکر است که تنوع ژنتیکی در جوامع واقعی تحت تأثیر عوامل متعددی هم‌چون جهش، مهاجرت، رانش ژنتیکی و انتخاب قرار دارد. به همین دلیل رایت (۱۹۳۱) پیشنهاد استفاده از اندازه مؤثر جامعه را برای توسعه تئوری ژنتیک جمعیت از جوامع ایده‌ال به جوامع واقعی مطرح نمود. در دهه‌های اخیر روش‌های تکمیلی جدیدی برای تجزیه و تحلیل شجره ارائه شده است. لاسی (۱۹۸۹) مفهوم تعداد مؤثر فوندرها را مطرح نمود که معادل تعداد فوندرهایی است که به‌علاوه سهم نامساوی فوندرها باعث کاهش تنوع ژنتیکی در جامعه می‌شود. هم‌چنین مفهوم تعداد معادل ژنوم فوندرها یا تعداد مؤثر ژنوم فوندرها را برای تخمین اثرات باتل‌نک‌ها^۲، سهم نامساوی فوندرها و رانش ژنتیکی تصادفی را ارائه نمود. بویچارد و همکاران (۱۹۹۷) مفهوم تعداد مؤثر اجداد را به تعداد مؤثر فوندرها الحاق نمودند. به‌طور معمول تعداد مؤثر اجداد مشابه تعداد مؤثر فوندرها است، اما در آن تأثیر باتل‌نک‌هایی که در گذشته رخ داده‌اند، بر کاهش تنوع ژنتیکی جامعه برآورد شده است. کالبرو و تورو (۲۰۰۰) مفهوم تعداد ژنوم غیرفوندرها را مطرح نمودند که ارتباط بین تعداد مؤثر فوندرها و تعداد مؤثر ژنوم فوندرها را بیان می‌نماید. اگرچه استفاده از این مفاهیم جدید در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک نوآوری به‌وسیله محققانی که بر گونه‌های در حال انقراض کار می‌کنند مطرح است، اما در سال‌های اخیر

1- Genetic drift

2- Bottlenecks

استفاده از این روش‌ها برای جوامع حیوانات اهلی نیز مرسوم شده است (بویچارد و همکاران، ۱۹۹۷، گویاچ و همکاران ۲۰۰۳ و گوتیرز و همکاران، ۲۰۰۳). هدف از مطالعه حاضر ارزیابی تنوع ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از اطلاعات شجره‌ای و برآورد شاخص‌های مختلف آن می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات گاوهای هلشتاین تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد دام کشور که طی سال‌های ۱۳۶۰ الی ۱۳۹۰ جمع‌آوری شده و مربوط به گله‌های کل کشور بود، استفاده شد. اطلاعات شجره پس از ویرایش اولیه (شامل تصحیح برای جنس، تصحیح و حذف رکوردهای تکراری) مورد استفاده قرار گرفت. مطالعات اولیه بر روی این شجره نشان داد که اطلاعات شجره‌ای اسپرم‌ها ناقص است و اکثر موارد به اطلاعات اجداد محدود می‌شود. به کمک منابع اطلاعاتی اینترنتی و سی‌دی‌ان کانادا^۱ تا حد امکان شجره‌ها تکمیل شد و در نهایت شجره‌ای با ۱۰۴۸۵۷۵ راس دام حاصل گردید.

قبل از برآورد ضریب هم‌خونی و ضریب خویشاوندی در بین حیوانات در یک شجره آنچه بسیار مهم و تأثیرگذار است میزان کامل بودن و عمیق بودن شجره است. برای ارزیابی میزان کامل و عمیق بودن شجره از سه شاخص زیر استفاده شد: یک- درصد حیواناتی با والدین معلوم، دو- معادل تعداد نسل مجزاً^۲ و سه- معیار کامل بودن شجره^۳ (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱). میانگین معادل تعداد نسل مجزاً برابر است با $g_e = \sum_{i=1}^{n_j} \frac{1}{2^{g_{ij}}}$ که در این رابطه n_j تعداد انساب معلوم حیوان j و g_{ij} تعداد نسل‌های موجود بین جد i و حیوان j است (سولکنر و همکاران، ۱۹۹۸). عمیق بودن شجره با این شاخص اندازه‌گیری می‌شود و معرف تعداد نسل‌های مجزای کاملی است که در شجره رفرنس وجود دارد.

معیار کامل بودن شجره نشان‌دهنده درصد کامل بودن شجره در نسل‌های موردنظر می‌باشد و بر اساس رابطه زیر محاسبه گردید:

$$PCI_{\text{animal}} = \frac{4C_{\text{sire}}C_{\text{dam}}}{C_{\text{sire}} + C_{\text{dam}}}$$

در این رابطه C_{sire} و C_{dam} به ترتیب سهم خونی خطوط پدری و مادری است و مقدار C از رابطه زیر به دست می‌آید:

$$C = \frac{1}{a} \sum_{i=1}^d a_i$$

- 1- Canadian dairy network
- 2- Discrete generation equivalent
- 3- Pedigree completeness index

که a_i معرف تعداد انساب معلوم حیوان در نسل i و d معرف تعداد نسل می‌باشد. معیار کامل بودن شجره میانگین هارمونیک سهم خونی والدین است و زمانی که شجره یکی از والدین نامعلوم باشد، صرف نظر از عمیق و کامل بودن شجره والد دیگر، صفر در نظر گرفته می‌شود. برای برآورد دقیق میزان هم‌خونی اطلاعات شجره‌ای هر دو والد لازم است. بنابراین، برای برآورد میزان هم‌خونی، این معیار نشان دهنده میزان کامل بودن شجره از نظر اجداد آن می‌باشد و می‌توان براساس نسل‌های مختلف (۵، ۱۰ و یا ۱۵ نسل) مقدار آن را محاسبه نمود. از لحاظ عددی مقدار آن بین صفر تا یک متغیر است، به‌طوری که هر چه مقدار عددی آن به یک نزدیک‌تر باشد نشان‌دهنده کامل‌تر بودن شجره خواهد بود. در این تحقیق جامعه رفرنس حیواناتی بودند که در گله‌ها حضور داشتند و شامل متولدین بین سال‌های ۱۳۸۶ لغایت ۱۳۹۰ می‌شدند.

شاخص‌های تنوع ژنتیکی مورد بررسی عبارت بودند از:

✓ ضریب هم‌تباری^۱ که به احتمال این‌که ژن‌های موجود در دو حیوان، کپی‌های مشابهی از ژن‌های اجدادشان باشد اطلاق می‌شود (فالکنر و مکی، ۱۹۹۶).

✓ ضریب هم‌خونی^۲ که به احتمال این‌که دو آلل در یک جایگاه دارای منشا مشترکی از یک جد باشند اطلاق می‌گردد (رایت، ۱۹۳۱).

✓ تعداد مؤثر فوندرها که از رابطه زیر برآورد می‌شود: $f_e = 1 / \sum_{k=1}^m q_k^2$ در این رابطه q_k عبارت است از سهم ژنتیکی مورد انتظار فوندر k ، که از طریق رابطه خویشاوندی فوندر با هر یک از حیوانات جامعه به دست می‌آید و m تعداد کل فوندرها می‌باشد (لاسی، ۱۹۸۹).

✓ تعداد مؤثر اجداد: این شاخص مکمل اطلاعات ارائه شده توسط تعداد مؤثر فوندرها است که برای برآورد کاهش تنوع ژنتیکی ایجاد شده از تعداد نامساوی والدین حاصل از باتل‌نک‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد و مقدار آن از رابطه $f_a = 1 / \sum_{k=1}^m p_k^2$ به دست می‌آید. در این رابطه q_k عبارت است از سهم ژنتیکی مرزی^۳ هر جد k ، یعنی سهم ژنتیکی جدی که به واسطه جد انتخاب شده قبلی منظور نشده باشد.

1- Coancestry

2- Inbreeding coefficient

3- Marginal

✓ **تعداد مؤثر ژنوم فوندرها:** این شاخص به وسیله رابطه $f_g = 1/2f$ برآورد می شود که f ضریب هم تباری حیوانات در جامعه رفرنس هستند. مهم ترین شاخص برای اندازه گیری تنوع ژنتیکی، تعداد مؤثر ژنوم فوندرها است. چون تعداد مؤثر ژنوم فوندرها برای تمام عواملی که باعث کاهش تنوع ژنتیکی می شوند، شامل سهم نامساوی فوندرها و همچنین رانش ژنتیکی تصادفی، می باشد، بنابراین مقدار آن کم تر از تعداد مؤثر فوندرها و تعداد مؤثر اجداد خواهد بود (لاسی، ۱۹۹۵).

✓ **تعداد مؤثر ژنوم غیر فوندرها:** این شاخص تنها برای برآورد اثر رانش ژنتیکی تصادفی در غیر فوندرها استفاده می شود که از رابطه $f_{ne} = \left[\frac{1}{f_g} - \frac{1}{f_e} \right]^{-1}$ برآورد می شود (کابلرو و تورو، ۲۰۰۰).

در این تحقیق برای محاسبه ضریب هم خونی و نیز برآورد تعداد مؤثر فوندرها، تعداد مؤثر ژنوم فوندرها و تعداد مؤثر غیر فوندرها از نرم افزار CFC (سرگلزایی و همکاران، ۲۰۰۶) استفاده شد. این نرم افزار از الگوریتم کلیو (۲۰۰۲) برای محاسبه ضریب هم خونی استفاده می کند. از نرم افزار EVA (برگ و همکاران، ۲۰۰۶) نیز جهت محاسبه معیار کامل بودن شجره، ضریب هم تباری و معادل تعداد نسل مجزا استفاده شد. از نرم افزار پدیگ^۱ (بویچارد، ۲۰۰۲) نیز برای برآورد تعداد مؤثر اجداد و تعداد اجداد سهمیم در مخزن ژنی استفاده شد.

نتایج

اطلاعات شجره ای حاصل از داده های این تحقیق برای برآورد هم خونی و شاخص های تنوع ژنتیکی بر مبنای اطلاعات شجره کامل شده (شجره اولیه به اضافه شجره کامل شده اسپرم ها و تلیسه های وارداتی) در جدول ۱ ارائه شده است.

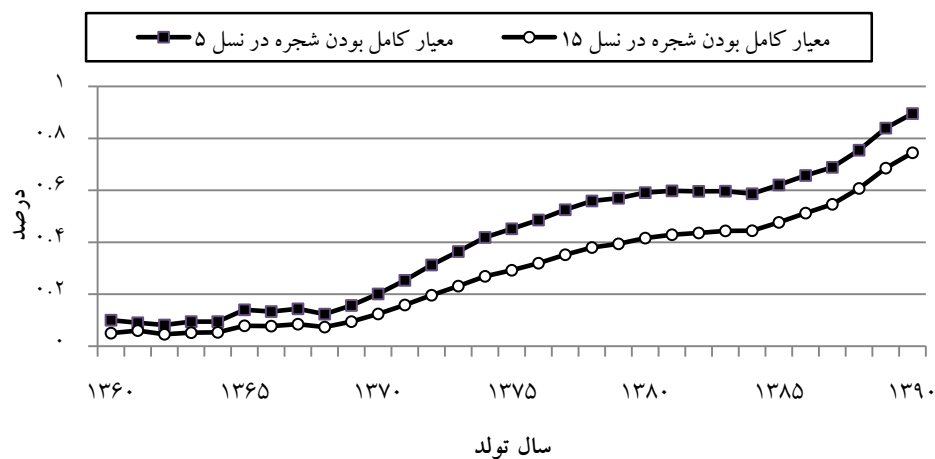
در شجره مورد بررسی ۷۰/۲ درصد از کل شجره دارای پدر و مادر معلوم بودند. به طوری که در شجره نرها ۷۹ درصد و در شجره ماده ها ۶۹/۷ درصد دارای پدر و مادر معلوم بودند. حداکثر تعداد مسیری که برای محاسبه هم خونی در شجره وجود داشت ۴۷ و میانگین تعداد مسیرها ۳۷/۵ بود. میانگین معادل تعداد نسل مجزا ۷/۵ بود. این در حالی است که این شاخص در سال ۱۳۹۰ برابر ۱۳/۴ بود. در شکل ۱ معیار کامل بودن شجره برای ۵ و ۱۵ نسل طی سال های مختلف ارائه شده است. میانگین معیار کامل بودن شجره برای ۵ نسل ۵۱ درصد و برای ۱۵ نسل ۲۷ درصد بود. لازم به ذکر

1- Pedig

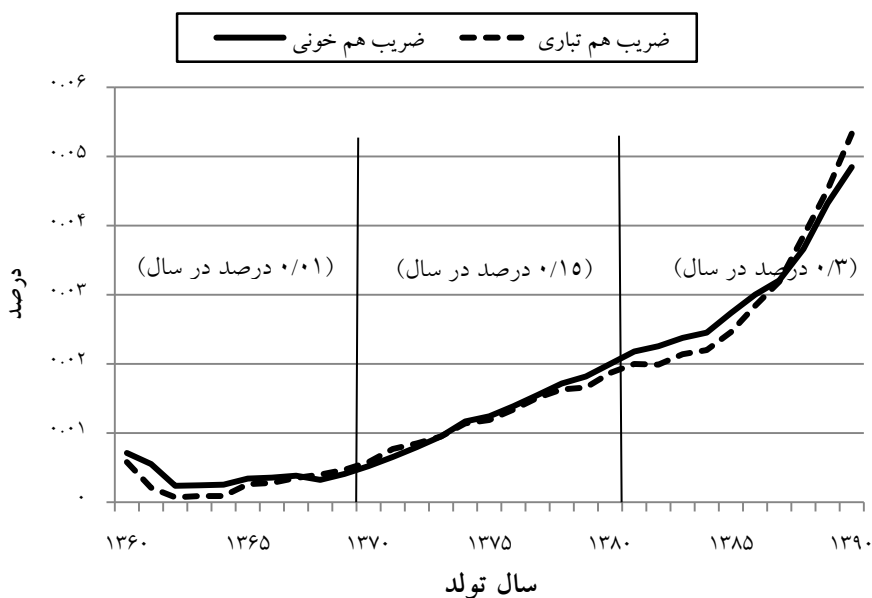
است که در سال ۱۳۹۰ معیار کامل بودن شجره برای ۵ نسل ۹۰ درصد و معیار کامل بودن شجره برای ۱۵ نسل ۷۴/۵ درصد برآورد گردید. همچنین میانگین ضریب هم‌خونی ۳/۳۸ و میانگین درصد هم‌تباری ۲/۹ به‌دست آمد. این در حالی است که ضریب هم‌خونی و ضریب هم‌تباری در سال ۱۳۹۰ به ترتیب برابر ۴/۸۵ و ۵/۳۴ برآورد گردید. روند تغییرات هم‌خونی و هم‌تباری در سال‌های مختلف در شکل ۲ نمایش داده شده است.

جدول ۱- اطلاعات شجره مورد استفاده برای برآورد شاخص‌های تنوع ژنتیکی.

شجره	تعداد	درصد
حیوانات شجره	۱۰۴۸۵۷۵	۱۰۰
حیوانات ماده	۱۰۰۰۸۹۶	۹۵/۵
حیوانات نر	۴۷۶۷۹	۴/۵
حیوانات دارای پدر معلوم	۷۸۲۸۹۶	۷۴/۷
حیوانات دارای مادر معلوم	۷۷۹۹۲۰	۷۴/۴
حیوانات دارای پدر معلوم و مادر نامعلوم	۴۷۳۶۵	۴/۵
حیوانات دارای پدر نامعلوم و مادر معلوم	۴۴۳۹۰	۴/۲
حیوانات دارای پدر و مادر معلوم	۷۳۵۵۳۰	۷۰/۲
حیوانات فاقد پدر و مادر معلوم	۲۲۱۲۹۰	۲۱/۱



شکل ۱- معیار کامل بودن شجره در ۵ و ۱۵ نسل برای حیوانات متولد شده طی سال‌های ۱۳۶۰-۱۳۹۰.



شکل ۲- ضریب هم‌خونی (خط ممتد)، ضریب هم‌تباری (خط نقطه چین) و روند هم‌خونی سالیانه (داخل پرانتز) طی سال‌های ۱۳۶۰-۱۳۹۰.

جدول ۲- شاخص‌های مربوط به تنوع ژنتیکی در دام‌های متولد شده طی سال‌های ۱۳۷۱-۱۳۹۰.

سال	۱۳۷۵-۱۳۸۰	۱۳۸۰-۱۳۸۵	۱۳۸۵-۱۳۹۰	شاخص
سال	۱۳۷۱	۱۳۷۶	۱۳۸۱	۱۳۸۶
تعداد کل فوندرها	۶۵۸۹۱	۶۷۹۷۷	۸۴۹۵۲	۵۲۶۲۵
تعداد مؤثر فوندرها	۱۱۳۶	۷۷۲/۸	۶۷۶	۴۷۵/۵
تعداد مؤثر ژنوم فوندرها	۵۳	۳۱/۷	۲۳/۳	۱۴/۵
تعداد مؤثر غیر فوندرها	۵۵/۶	۳۳	۲۴/۱	۱۴/۹
نسبت تعداد مؤثر فوندرها به تعداد کل فوندرها	۰/۰۱۷	۰/۰۱۱	۰/۰۰۸	۰/۰۰۹
نسبت تعداد مؤثر ژنوم فوندرها به تعداد مؤثر فوندرها	۰/۰۴۷	۰/۰۴۱	۰/۰۳۵	۰/۰۳

دام‌های متولد شده طی سال‌های ۱۳۷۱-۱۳۹۰ به چهار گروه با فاصله پنج سال تقسیم‌بندی شدند و هر گروه به صورت مستقل مورد ارزیابی قرار گرفت. در این جوامع رفرنس تعداد کل فوندرها، تعداد مؤثر فوندرها، تعداد مؤثر ژنوم فوندرها و تعداد مؤثر غیر فوندرها محاسبه گردید که نتایج آن در جدول

دو ارائه شده است. همچنین در این جدول نسبت تعداد مؤثر فوندرها به تعداد کل فوندرها و نسبت تعداد مؤثر ژنوم فوندرها به تعداد مؤثر فوندرها نیز ارائه شده است. در جدول سه نیز تعداد مؤثر اجداد و تعداد اجداد سهمیم در ۲۴، ۵۰، ۷۵ و ۹۰ درصد از مخزن ژنی حیوانات متولد شده طی سال‌های ۱۳۸۶-۱۳۹۰ ارائه شده است.

جدول ۳- تعداد مؤثر اجداد و درصد آن‌ها در مخزن ژنی دام‌های متولد شده بین سال‌های ۱۳۸۶-۱۳۹۰.

شاخص	تعداد
تعداد مؤثر اجداد	۲۵/۷
تعداد اجداد مربوط به ۲۴ درصد مخزن ژنی	۲
تعداد اجداد مربوط به ۵۰ درصد مخزن ژنی	۱۱
تعداد اجداد مربوط به ۷۵ درصد مخزن ژنی	۸۲
تعداد اجداد مربوط به ۹۰ درصد مخزن ژنی	۱۰۰۰>

بحث

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که در سال ۱۳۹۰، ۹۰ درصد شجره تا پنج نسل و ۷۴/۵ درصد از شجره تا ۱۵ نسل کامل بوده است. این نشان می‌دهد که در سال ۹۰ شجره مورد بررسی تا نسل پنجم ۹۰ درصد آن و تا نسل ۱۵ نیز ۷۴/۵ درصد آن کامل بوده است. همان‌طوری‌که انتظار می‌رود با افزایش تعداد نسل‌ها این شاخص کاهش یافته است. در کانادا این شاخص تا ۵ نسل بالای ۹۰ درصد گزارش شد (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱). میانگین معادل تعداد نسل مجزا در این جامعه ۷/۵ بود. این شاخص در تحقیقی بر روی گاوهای هلشتاین آلمان متولد شده طی سال‌های ۱۹۹۳ تا ۱۹۹۹ برابر شش (کوانینگ و سیمینار، ۲۰۰۶) در دانمارک و در گاوهای متولد شده طی سال‌های ۱۹۹۹ تا ۲۰۰۳ برابر ۷/۲ (سورنسن و همکاران، ۲۰۰۵) و در گاوهای هلشتاین تونس در سال ۲۰۰۰ برابر ۸/۲ (حمای و همکاران، ۲۰۰۷) و در گاوهای هلشتاین کانادا در سال ۲۰۰۶ معادل ۱۵ (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱) گزارش شده است. همان‌طوری‌که ملاحظه می‌شود با توجه به کامل بودن شجره مورد بررسی در تحقیقات مختلف، میانگین معادل تعداد نسل مجزا متفاوت گزارش شده است. میانگین حداکثر طول مسیر برای محاسبه هم‌خونی در جامعه مورد بررسی ۳۷/۵ بود. معمولاً بالا بودن شاخص درصد کامل بودن شجره، تعداد نسل مجزا و میانگین حداکثر طول مسیر برای محاسبه

هم‌خونی بیان‌گر کامل بودن و عمیق بودن شجره مورد تحقیق است. با توجه به این‌که میزان کامل بودن شجره بر قابلیت اعتماد پارامترهای استخراج شده از شجره بسیار مؤثر است (کاسل و همکاران، ۲۰۰۳). بنابراین، انتظار می‌رود دقت نتایج حاصل از بررسی این شجره بالا باشد. متوسط ضریب هم‌خونی برای کل جمعیت ۲/۰۲ درصد و جمعیت هم‌خون ۳/۳۸ درصد برآورد شد، که این در مقایسه با نتایج قبلی هم‌خونی که به ترتیب ۰/۱۸ و ۲/۱۸ درصد برای گاوهای هلشتاین ایران گزارش شده بود بسیار بالاتر است (توحیدی و همکاران، ۲۰۰۶). هم‌چنین در تحقیق دیگری میانگین ضریب هم‌خونی کل جمعیت گاوهای هلشتاین ایران ۰/۷۶ درصد گزارش شد (فرجی آروق، ۲۰۰۹). پایین بودن مقادیر هم‌خونی در این گزارش‌ها به‌نظر می‌رسد به‌علت ناقص بودن شجره و هم‌چنین پایین بودن تعداد شجره‌های مورد بررسی بوده است. اما در گزارش دیگری بر روی گاوهای هلشتاین ایران که از شجره کامل‌تری استفاده نموده است متوسط ضریب هم‌خونی تا سال ۱۳۸۷ برای کل جمعیت ۲/۰۲ و برای جمعیت هم‌خون ۳/۱۵ ارائه شد (رکوعی و همکاران، ۲۰۱۰) که مقادیر آن کمی پایین‌تر از گزارش حاضر می‌باشد که علت آن افزایش حجم اطلاعات شجره تا سال ۱۳۹۰ و نیز افزایش حیوانات هم‌خون در این مدت بوده است.

میانگین درصد هم‌تباری در جامعه مورد بررسی ۲/۹ و در سال ۱۳۹۰ معادل ۵/۳۴ بوده است که این مقادیر از میانگین ضریب هم‌خونی (۳/۳۸ درصد) کم‌تر و از ضریب هم‌خونی در سال ۱۳۹۰ (۴/۸۵ درصد) بیش‌تر است. این نتایج به‌همراه شکل دو نشان می‌دهد که نحوه تلاقی‌ها و استراتژی‌های تلاقی‌گری در ایران تا سال ۱۳۸۷ به گونه‌ای نبوده است که مانع از افزایش هم‌خونی گردد، لیکن در چند سال اخیر از تلاقی‌های افراد خویشاوند ممانعت به‌عمل آمده است و در نتیجه از سال ۱۳۸۸ ضریب هم‌تباری از ضریب هم‌خونی بیش‌تر شده است. هم‌چنین نحوه انتخاب گاوهای نر جهت تهیه اسپرم باعث بالاتر شدن ضریب هم‌تباری از ضریب هم‌خونی شده است. به‌طوری که در گاوهای هلشتاین کانادا از دهه ۱۹۸۰ این استراتژی‌ها به گونه‌ای بوده است که از تلاقی افراد خویشاوند جلوگیری شده است و در نتیجه از سال ۲۰۰۰ به بعد ضریب هم‌تباری بالاتر از ضریب هم‌خونی شده است (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱).

در شجره گاوهای هلشتاین ایران تعداد مؤثر فوندرها در سال‌های ۱۳۷۵-۱۳۷۱ برابر ۱۳۶ بود و با روند کاهشی طی چند نسل، در سال ۱۳۹۰ به ۳۴۰ رسیده است. در گاوهای هلشتاین کانادا در سال ۱۹۸۰ و ۲۰۰۸ این شاخص به‌ترتیب معادل ۳۳۰ و ۳۲۳ گزارش شده است (استاچویکز و همکاران،

(۲۰۱۱). در گاوهای هلشتاین دانمارک در سال ۲۰۰۵، آلمان در سال ۲۰۰۷ و تونس در سال ۲۰۰۰ این شاخص به ترتیب ۷۰، ۹۳ و ۱۱۲ بوده است (حمای و همکاران، ۲۰۰۷؛ سورنسن و همکاران، ۲۰۰۵ و هینریچز و تالر، ۲۰۱۱). نسبت تعداد مؤثر فوندرها به تعداد کل فوندرها در فاصله زمانی ۱۳۸۶-۱۳۹۰ برابر ۰/۰۰۹ بود. این نسبت در گاوهای هلشتاین ایرلند و فرانسه به ترتیب ۰/۰۰۲ و ۰/۰۰۰۲ گزارش شد (مک پارلند و همکاران، ۲۰۰۷ و بویچارد و همکاران، ۱۹۹۶). هم‌چنین این نسبت در سال ۲۰۰۰ گاوهای هلشتاین تونس ۰/۰۲ بود (حمای و همکاران، ۲۰۰۷). بررسی شاخص‌های تنوع ژنتیکی در سال‌های مختلف نشان می‌دهد علی‌رغم افزایش تعداد کل فوندرها، تعداد مؤثر فوندرها کاهش یافته است. هم‌چنین نسبت تعداد مؤثر فوندرها به تعداد کل فوندرها نیز روند نزولی داشته است. مقایسه این دو شاخص نشان دهنده کاهش تنوع ژنتیکی به‌علاوه سهم نامساوی فوندرها است. به‌علت استفاده از تعداد محدودی حیوانات برای ایجاد نسل‌های بعد و افزایش شدت انتخاب این شاخص‌ها طی سال‌های اخیر کاهش یافته است.

مقایسه تعداد مؤثر ژنوم فوندرها نشان دهنده روند کاهشی آن طی سال‌های اخیر می‌باشد. به‌طوری که در سال‌های ۱۳۸۶-۱۳۹۰ به ۱۴/۵ و در سال ۱۳۹۰ به ۹/۴ کاهش یافته است. در گاوهای هلشتاین کانادا در سال ۱۹۹۰ و ۲۰۰۸ این شاخص به ترتیب معادل ۱۰ و ۷/۷ گزارش شده است (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱). در گاوهای هلشتاین آلمان در سال ۲۰۰۲ و ۲۰۰۷ این شاخص به ترتیب ۱۴/۱ و ۱۱ بوده است (هینریچز و تالر، ۲۰۱۱). هم‌چنین نسبت تعداد مؤثر ژنوم فوندرها به تعداد مؤثر فوندرها طی سال‌های مختلف کاهش یافته است. این نتایج بیان‌گر آن است که در کاهش تنوع ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران باتل‌نک‌ها و رانش ژنتیکی تصادفی نسبت به سهم نامساوی فوندرها نقش بسیار مهم‌تری را دارند.

در صنعت پرورش گاو شیری تعداد مؤثر اجداد اطلاعات بهتری را در اختیار قرار می‌دهد زیرا در آن باتل‌نک‌های ایجاد شده در شجره، که علت اصلی از دست رفتن ژن‌ها در جامعه هستند، نشان داده می‌شود. تعداد مؤثر اجداد در حیوانات متولد شده طی سال‌های ۱۳۸۶-۱۳۹۰ برابر ۲۵/۷ بود. در گاوهای هلشتاین کانادا در سال ۲۰۰۸، دانمارک در سال ۲۰۰۵ و تونس در سال ۲۰۰۰ تعداد مؤثر اجداد به ترتیب ۱۶، ۲۰/۶ و ۲۲ بوده است و در گاوهای هلشتاین آلمان در سال‌های ۲۰۰۲ و ۲۰۰۷ به ترتیب ۲۳/۴ و ۱۹/۲ گزارش شد (حمای و همکاران، ۲۰۰۷؛ سورنسن و همکاران، ۲۰۰۵؛ هینریچز و تالر، ۲۰۱۱ و استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱). تفاوت بین تعداد مؤثر فوندرها و تعداد مؤثر اجداد

بیان‌گر باتل‌نک‌هایی است که در جامعه مینا اتفاق افتاده است (هزوچوا و همکاران، ۲۰۱۲). هم‌چنین تعداد مؤثر ژنوم فوندرها (۱۴/۵) به تقریب نصف تعداد مؤثر اجداد (۲۵/۷) بود که این مطلب نشان دهنده از دست رفتن تصادفی آلل‌های فوندرها به‌علاوه رانش ژنتیکی تصادفی است. تعداد مؤثر غیر فوندرها نیز برابر ۱۴/۹ بود که تنها کمی بیش‌تر از تعداد ژنوم فوندرها است و بیان‌گر آن است که اکثر رانش ژنتیکی تصادفی در جامعه مربوط به نسل‌های غیرفوندرها بوده است. هم‌چنین بررسی‌ها نشان داد که در گاوهای هلشتاین ایران که طی سال‌های ۱۳۹۰-۱۳۸۶ متولد شده‌اند ۲۵ درصد آن‌ها تنها به دو جد، ۵۰ درصد آن‌ها به ۱۱ جد و ۷۵ درصد نیز به ۸۲ جد مربوط می‌شوند. در گزارشی از گاوهای هلشتاین کانادا بین سال‌های ۲۰۰۷-۲۰۰۰ مقدار ۲۵، ۵۰ و ۷۵ درصد از مخزن ژنی به ترتیب به ۲، ۶ و ۲۰ جد مربوط بودند (استاچویکز و همکاران، ۲۰۱۱).

با توجه به این‌که شاخص‌های تنوع ژنتیکی در گاوهای هلشتاین ایران نسبت به شاخص‌های گاوهای هلشتاین سایرکشورها بالاتر است، به‌نظر می‌رسد گله‌های ما از تنوع ژنتیکی نسبتاً بالاتری برخوردار هستند چرا که تلقیح مصنوعی در ایران نسبت به سایر کشورهای مورد بررسی مدت زمان کم‌تری استفاده شده است. اما به‌علاوه افزایش روند هم‌خونی، به‌خصوص در سال‌های اخیر، و استفاده از تعداد محدودی اسپرم‌های روز دنیا سرعت کاهش تنوع ژنتیکی به‌شدت بالا رفته است که بایستی نسبت به کنترل آن و نیز ارائه روش‌های مناسب تلاقی‌گری بررسی‌های لازم صورت گرفته و پیشنهادات مربوطه ارائه گردد.

منابع

- Barker, J.S.F. 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. *Can. J. For. Res.* 31: 588-595.
- Berg, P., Nielsen, J., and Sørensen, M.K. 2006. EVA: Realized and predicted optimal genetic contributions. *Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Commun.* 27-09.
- Boichard D., Maignel, L., and Verrier, E. 1996. Analyse genealogique des races bovines franc, aises. *INRA Prod. Anim.* 9: 323-335.
- Boichard, D. 2002. Pedig: A Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In *Proc. 7th World Congr. Genetics Applied to Livest. Prod., Montpellier, France. CD-Rom. Comm. No.28-13.*
- 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.

- Caballero, A., and Toro, M.A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* 75: 331–343.
- Cassell, B.G., Adamec, V., and Pearson, R.E. 2003. Maternal and fetal inbreeding depression for 70-day nonreturn and calving rate in Holstein and Jerseys. *J. Dairy. Sci.* 86: 2977-2983.
- Colleau, J.J. 2002. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genet. Sel. Evol.* 34: 409-421.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman Scientific and Technical, Harlow, UK.
- Faraji Arogh, H. 2009. Estimate of inbreeding coefficient of Iran Holstein and its effect on milk production traits. M.Sc. Thesis, Department of Animal Science. Tarbiat Modares University. (In Persian)
- Fisher, R.A. 1930. *The Genetically Theory of Natural Selection*, 2nd edition. Dover, NewYork, USA.
- Goyache, F., Gutierrez J.P., Fernandez 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. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 95–103.
- Gutierrez, J.P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Canon, J., and Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35: 43–64.
- Hammami, H., Croquet, C., Stoll, Rekik, B., and Gengler, N. 2007. Genetic diversity and joint-pedigree analysis of two importing Holstein population. *J. Dairy. Sci.* 90: 3530–3541.
- Hinrichs, D., and Thaller, G. 2011. Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds in Germany. *J. Dairy Sci.* 94: 4726–4733.
- Hozuchova, E., Kadlecik, O., Pavlik, I., and Kasarda, R. 2012. Evaluation of genetic diversity using parameters based on probability of gene origin in the Slovak Spotted bulls. *Anim. Sci. Biotechnol.* 45: 181-184.
- Koenig, S., and H., Simianer. 2006. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livest Sci.* 103: 40–53.
- Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo. Biol.* 8: 111–123.
- Lacy, R.C. 1995. Classification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biol.* 14: 565-578.
- McParland, S., Kearney, J.F., Rath, M., and Berry, D.P. 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.* 85: 322–331.

- Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrehabak, M., Sargolzaei M., and Sorensen, A.C. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *J. Dairy. Sci.* 93: 3294-3302.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., and Colleau, J.J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication.* 27-28. Belo Horizonte, Brazil.
- Solkner, J., Filipcic, L., and Hampshire, N. 1998. Genetic variability of population and similarity of subpopulation in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigree. *Anim. Sci.* 67: 249-256.
- Sorensen, A.C., Sorensen, M.K., and Berg, P. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy. Sci.* 88: 1865–1872.
- Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F., and Schenkel, S. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J. Dairy. Sci.* 94: 5160-5175.
- Tohidi, R., Torshizi, R.V., Shahrehabak, M.M., and Nejad, M.B.S. 2006. Effect of inbreeding on inbreeding values for milk and fat yields in Iran Holstein. 8th World Congress on Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte- MG, Brazil Minas Centro Convention Centre.
- Wright, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics.* 16: 97–159.



Gorgan University of Agriculture
Animal and Fisheries Sciences

J. of Ruminant Research, Vol. 2(1), 2014
<http://ejrr.gau.ac.ir>

Analysis of genetic diversity in Iranian Holstein dairy cattle by using genealogical information

***M. Dadar¹, S. Ansari mahyari², M. Rokouei³ and M.A. Edriss⁴**

¹Ph.D. Student, ²Assistant Prof., ³Assistant Prof., Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Zabol University, Iran, ⁴Professor, Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Technical University of Isfahan,
Received: 10/22/2013 ; Accepted: 03/10/2014

Abstract

The aim of the present study was to evaluate genetic diversity in Iranian Holstein dairy cattle by using collected pedigree information during 1981 to 2011. The percentage of animals with both known parents in the pedigree was 70.2%. Average number of discrete generation equivalents reached 7.5. Average of all ancestral paths traced back in the pedigree was 37.5. The pedigree completeness index (PCI) of the whole pedigree going back, 5 generations, was 51% and PCI for 15 generations back was 27%. The average inbreeding coefficient and coancestry estimated 3.38% and 2.9%, respectively. Total number of founders, effective number of founders, founder genome equivalent and effective number of non-founders estimated in the reference population were 52625, 475.5, 14.5 and 14.9, respectively. The results revealed that beside the unequal founder contributions, jointly bottleneck and genetic drift were very important causes the loss of genetic diversity in Iranian Holstein cattle. Furthermore, the most important cause of genetic diversity loss was genetic drift accumulated over non-founder generations. The effective numbers of ancestors estimated 25.7. The numbers of ancestors that explain a given 24%, 50% and 75% of gene pool in the reference population were 2, 11 and 82, respectively. These results showed that in recent years the genetic diversity are slightly higher than the other country but trend in loss of genetic diversity was large. Therefore, mating strategies seem to be properly controlling the rate of the loss.

Keywords: Genetic diversity, Inbreeding, Iranian Holstein dairy cattle, Pedigree

*Corresponding author: edriss@cc.iut.ac.ir