

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_e ، f_g 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. بطوری‌که 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.

واژه‌های 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^{۱۵۲} (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 ایجاد شده به دلیل استفاده از تعداد معدودی حیوانات به عنوان والدین نسل آینده را