نشریه پژوهش‌های علوم دامی/ جلد ۲۴ شماره ۱/ سال۱۳۹۳

مطالعه تنوع ژنتیکی گوسفند کردی شیروان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره و مقایسه ضریب همخونی بدست آمده با استفاده از اطلاعات شجره‌ای

سکینه نقویان*[1]، سعید حسنی[2]، مجتبی آهنی آذری[2]، علیرضا خان احمدی[3]، داودعلی ساقی[4] و نوربی‌بی مامی‌زاده[1]

تاریخ دریافت: ۹۱/۹/۲۳ تاریخ پذیرش: ۹۲/۹/۳

[1] دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

[2] دانشیار و استادیارگروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

[3] استادیارگروه علوم دامی دانشگاه گنبد

[4] استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی

*مسئول مکاتبه : E-mail: Naghavians@yahoo.com

چکیده

هدف از این تحقیق برآورد ضریب همخونی گوسفند کردی شیروان براساس اطلاعات شجره ای و مولکولی بود. در این پژوهش، میزان همخونی ۷۱۷۰ رأس بره حاصل از ۱۷۷ قوچ و ۲۱۸۲ میش که طی سال‌های ۱۳۸۸- ۱۳٦۸ از گله گوسفند کردی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شیروان جمع‌آوری شده بود، مورد بررسی قرار گرفت. میانگین ضریب همخونی بر اساس سال پایه ۱۳٦۸، ۰/٦٦۸ درصد برآورد شد. همچنین ضریب همخونی ۱۰۰ رأس حیوان در جمعیت گوسفند کردی با استفاده از ٦ جایگاه ریزماهواره‌ای (BM8125، BMS2361، BM6526، BM6438، BMS1004 و BM6444) برآورد شد. در مجموع ۳٤ آلل با میانگین ۵/٦۷ به ازای هر جایگاه مشاهده شد. ضریب همخونی بر اساس شاخص رایت (F_{IS}) در جمعیت مورد مطالعه، از ۰/۱۸۵۹- برای جایگاه BM6526 تا ۰/۳۳۲۹ در جایگاه BM6438 متغیر بود. در جایگاه‌های BM6438 و BM6444 مقدار شاخص F_{IS}، مثبت بود و به ترتیب ۰/۳۳۲۹ و ۰/۲۲۸۷ برآورد شد ولی برای سایر جایگاه ها منفی بود. میانگین ضریب همخونی بر اساس داده‌های مولکولی، ۰/۲٦۱۷ درصد بدست آمد. با بهره‌گیری از تعداد بیشتر نشانگرهای ژنتیکی با پوشش گسترده در ژنوم و افزایش تعداد نمونه ممکن است این برآوردها به مقادیر واقعی نزدیکتر باشند. همچنین نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که برآوردهای ساده تشابه ژنتیکی افراد که تنها بر اساس شراکت آللی بر مبنای تعداد محدودی جایگاه بدست آمده است، نمی‌تواند مبنای دقیقی برای بیان روابط و مبنای تصیمیم گیری-های اصلاحی در گله قرار گیرد. این نتیجه ادامه استفاده از داده‌های شجره‌ای را به‌عنوان مبنای اصلی برآوردها پیشنهاد می‌نماید.

واژه های کلیدی: گوسفند کردی شیروان، نشانگرهای ریزماهواره، همخونی

مقدمه

آمیزش خویشاوندی، آمیزش افرادی است که خویشاوندی نزدیک‌تری نسبت به میانگین خویشاوندی جمعیت دارند (لاش ۱۹٤٥). آگاهی از ساختار شجره و یا روابط بین افراد در یک جمعیت دامی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی (وراث‌پذیری و همبستگی ژنتیکی) و پیش‌بینی ارزش‌های ارثی ضروری است. همچنین این اطلاعات در جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی و افزایش همخونی مؤثر بوده و به‌نوبه خود قابلیت زنده‌مانی جوامع دامی را تحت تأثیر قرار می‌دهند (محمدی وهمکاران۱۳۹۰). نشانگرهای مولکولی ابزاری سودمند برای بررسی ساختار جمعیتی، پیوندهای ژنتیکی میان نژادها و برآورد فراسنجه‌های ژنتیک توده می‌باشند (خالق‌زادگان و همکاران ۱۳۸۹). در حوزه ژنتیک و اصلاح نژاد دام، اطلاع از ساختار ژنتیکی یک جمعیت می‌تواند کمک بزرگی به طراحی برنامه‌های اصلاح‌نژادی و از همه مهم‌تر حفظ یک ذخیره ژنتیکی باشد. نژاد کردی یکی از نژادهای گوسفند دنبه‌دار بومی ایران است که هدف اصلی پرورش آن تولید گوشت می‌باشد (اسماعیلی‌زاده و همکاران ۱۳۸۰). بهره‌برداری صحیح از این نژاد مانند سایر نژادهای بومی مستلزم شناسایی استعدادهای تولیدی، تولیدمثلی و توان توسعه آن می‌باشد (بیگی نصیری وهمکاران ۱۳۸۳). همخونی که از آمیزش بین حیوانات خویشاوند ناشی می‌شود با ایجاد جفت ژن‌های مشابه در هر جایگاه ژنی تنوع ژنتیکی را کاهش داده و آثار زیان‌آوری بر اکثر صفات تولیدی و تولیدمثلی دارد (فرجی آروق و همکاران ۱۳۸۷). دو نوع شباهت بین ژن‌های آللی و همچنین دو نوع هموزیگوت وجود دارد. یک نوع آن شباهت عمل می‌باشد اگر دو ژن توسط اثرات فنوتیپی خود، یا بخاطر یکسان بودن توالی نوکلئوتیدها یا هر نوع معیار عملی دیگر قابل تشخیص نباشند، یک آلل محسوب می‌شوند. فردی که یک جفت از چنین ژن‌هایی را داشته باشد، هموزیگوت به مفهوم معمولی است که این نوع شباهت بین آلل‌ها را شباهت تصادفی (IBS[۱]) یا (AIS[۲]) می‌نامند. نوع دیگر شباهت، تکثیر یک ژن از مبدأ یا تشابه بخاطر داشتن سلف مشترک می‌باشد. دو ژنی که از تکثیر یک ژن در نسل قبل منشاء گرفته باشند مشابه انسابی (IBD[۳]) نامیده می‌شوند (بوردن ۲۰۰۰) که با کمک نشانگر مولکولی میزان هر دو شباهت ژنی تا حدی برآورد می‌شود. در سال‌های اخیر، نشانگرهای ژنتیکی و به‌ویژه نشانگر-های DNA به یاری متخصصین مربوطه آمده و به ابزاری قابل اعتماد و مناسب جهت مطالعات ژنتیک جمعیت تبدیل گردیدند. در این میان ریزماهواره‌ها به سبب مزایای ویژه همچون چندشکلی بسیار بالا، توزیع تصادفی در سرتاسر ژنوم، همبارز بودن، عدم تأثیر انتخاب طبیعی و مصنوعی بر آنها، برای مطالعات ژنتیک جمعیت مناسب‌ترند (محمدی و صابری‌وند ۱۳۸٦). علیرغم افزایش تعداد مطالعات در ارتباط با تنوع ژنتیکی در گونه‌های دامی، تعداد گزارشات اندکی از مقایسه تشابهات ژنتیکی بر اساس نوع داده‌های استفاده شده در جمعیت‌های بسته گوسفند برای مقایسه با نتایج تحقیق حاضر وجود دارد. محمدی و همکاران (۱۳۹۰) با مطالعه ژنتیکی گوسفندان نژاد افشاری براساس داده-های شجره‌ای و نشانگرهای ریزماهواره‌ای، میانگین ضریب خویشاوندی افزایشی (a) و ضریب همنسبی مولکولی (f_M) را به‌ترتیب ۰/۰۳۲ و ۰/۳٦ برآورد کردند. هون کیم (۲۰۰٤) در بررسی برآورد ضریب همخونی در بلدرچین ژاپنی، میانگین همخونی براساس داده‌های شجره‌ای و نشانگرهای ریزماهواره را به‌ترتیب ۰/٦۸۷ و ۰/٥٦۷ درصد برآورد نمود. پرورش گوسفند نژادهای خالص بومی، باتوجه به موقعیت مناسب اقلیمی هر منطقه برای حفظ خلوص ژنتیکی این نژادها و تثبیت و تقویت صفات نژاد مربوطه اهمیت ویژه‌ای دارد.

[۱] Identical by state
[۲] Alike in state
[۳] Identical by descent (IBD)
[٤] Contribution, Inbreeding (F), Coancestry (CFC)

ازآنجائیکه در ایستگاه‌های پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفندان بومی کشور، گله‌های پرورشی بسته و اکثراً کوچک هستند، احتمال بروز همخونی و مشکلات ناشی از آن در این گله‌ها وجود دارد و لذا مطالعه همخونی در این گله‌ها امری ضروری می‌باشد (مهمان‌نواز و همکاران ۱۳۸۰). بنابراین، تحقیق حاضر به‌منظور بررسی میزان همخونی در گله گوسفند کردی شیروان بر اساس اطلاعات شجره‌ای و نشانگرهای ریزماهواره-ای انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات ثبت شده در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند کردی واقع در شهرستان شیروان در استان خراسان شمالی بین سال‌های ۱۳٦۸ تا ۱۳۸۸ استفاده شد. برای برآورد ضرایب همخونی جمعیت گوسفندان کردی از برنامه CFC[1] V1.0 (سرگلزایی و همکاران ۲۰۰٦) که بر اساس الگوریتم میووسین و لو (۱۹۹۲) نوشته شده است، استفاده شد. در بخش مولکولی این تحقیق از تعداد ۱۰۰ رأس میش موجود در ایستگاه شیروان بطور تصادفی خونگیری به‌عمل آمد. خونگیری از رگ وداج با استفاده از سرنگ به میزان ۵ سی‌سی انجام شد. برای جلوگیری از انعقاد خون، از لوله‌های حاوی EDTA[2] ده درصد استفاده شد و نمونه-ها در دمای پایین بر روی یخ به آزمایشگاه ایستگاه منتقل گردید و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. استخراج DNA به کمک روش گوانیدین ایزوتیوسیانات–سیلیکاژل و با استفاده از کیت Diatom DNA Prep 100 شرکت ژن فن‌آوران انجام گرفت. غلظت و کیفیت DNAی استخراج شده با استفاده از ژل آگارز ۰/۸٪ و نیز به‌وسیله دستگاه اسپکتوفتومتر مورد ارزیابی قرار گرفت. جهت انجام PCR از کیت PCR Master متعلق به شرکت سیناکلون استفاده شد. فرآورده‌های PCR در طی انجام الکتروفورز با ژل اکریل‌آمید ٦٪ (با ولتاژ ۱۷۰ ولت و به مدت ٤-۳/٥ ساعت) از یکدیگر تفکیک شده و سپس به‌وسیله رنگ‌آمیزی به روش سریع نیترات‌نقره نمایان شدند.

جایگاه‌های مورد مطالعه

تعداد ٦ جایگاه ریزماهواره در این تحقیق مورد مطالعه قرار گرفتند که مشخصات آنها در جدول ۱ ارائه شده است. این جایگاه‌ها از روی نقشه پیوستگی گوسفند موجود در بانک اطلاعاتی ژنوم گوسفند در دانشگاه ملبورن (مادوکس و همکاران ۲۰۰۱) از آدرس اینترنتی http://rubens.its.unimelb.edu.au/~jillm/jill.htm انتخاب شدند. بهینه‌سازی شرایط واکنش PCR روی سه عامل دمای اتصال آغازگر، غلظت DNA و برنامه PCR بود. پس از آزمایش دماها و برنامه‌های مختلف، برنامه حرارتی مناسب برای آغازگرهای مورد مطالعه به‌دست آمد که برای تمامی آغازگرها برنامه حرارتی یکسان استفاده شد و تنها تفاوت بین آن‌ها در دمای اتصال بود. برنامه حرارتی دستگاه ترموسایکلر برای تکثیر جایگاه‌های موردنظر به این شرح بود: یک سیکل واسرشته‌سازی ۹۵ درجه سانتی‌گراد (٤ دقیقه)، ۳۵ سیکل شامل واسرشته‌سازی ۹۵ درجه (٤٥ ثانیه)، اتصال آغازگر (٤٥ ثانیه)، بسط ۷۲ درجه (۱ دقیقه) و یک سیکل بسط نهایی ۷۲ درجه (٤ دقیقه).

ضریب همخونی افراد با اختلاف بین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و موردانتظار افراد تحت آمیزش تصادفی، در شرایط تعادل هاردی- واینبرگ مطابق فرمول زیر محاسبه گردید.

$$F = 1 - \frac{Ho}{He}$$

که در آن He و Ho به‌ترتیب هتروزیگوسیتی مورد-انتظار و مشاهده‌شده می‌باشند و از فراوانی آللی در یک جمعیت پایه معین با آمیزش تصادفی محاسبه می‌شوند (لوکاس و دونالد ۲۰۰۲).

---

[1] Etilen diamid tetra acetic acid

جدول ۱- اطلاعات مربوط به آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق

نام جایگاه	شماره کروموزوم	شماره دسترسی *		توالی آغازگری 5`→3`	توالی تکراری	دمای اتصال
BM8125	۱۷	G18475	F**	GGGGTCACAAAAAGTTGGACAT	$(AC)_{18}$	۶۰°C
			R	TGGAGTCCACAACAACAAACAA		
BMS2361	۱۶	G18984	F	ACACAACCCAAATGTTACCAA	-	۶۰°C
			R	ATTGTGCAGAGACCAAGTGC		
BM6526	۲۶	G18454	F	CATGCCAAACAATATCCAGC	$(CA)_{22}$	۵۶°C
			R	TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC		
BM6438	۱	G18435	F	TTGAGCACAGACACAGACTGG	$(GT)_{14}$	۶۰°C
			R	ACTGAATGCCTCCTTTGTGC		
BMS1004	۱۵	G18607	F	TTAAAAGTCAGAAAGGGAAGCC	-	۵۸°C
			R	CTCGACCTCACATACTCAAAGC		
BM6444	۲	G18444	F	CTCTGGGTACAACACTGAGTCC	$(GT)_{16}$	۵۵°C
			R	TAGAGAGTTTCCCTGTCCATCC		

* شماره دسترسی مربوط به بانک ژنی NCBI می‌باشد.

** حروف F و R به ترتیب نشان دهنده توالی‌های رفت (Forward) و برگشتی (Reverse) آغازگرها می‌باشد

ضریب همخونی افراد براساس اطلاعات نشانگر از رابطه زیر نیز محاسبه شد (بایومونگ و سولکنر ۲۰۰۳):

$$f = \frac{1}{n}\sum_{L=1}^{n}\left(1-\frac{HoL}{HeL}\right)$$

که در آن HoL، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و HeL، هتروزیگوسیتی موردانتظار برای جایگاه نشانگر L (۱ تا n) است و بر اساس فراوانی‌های آللی در جایگاه L در جمعیت پایه محاسبه شد.

وقوع دو یا چند آلل با فراوانی محسوس در یک جایگاه را می‌توان تحت عنوان چند شکلی ژنتیکی تعریف نمود. محتوای اطلاعاتی چند شکلی[۱] (PIC Value) برای تعیین سودمندی نشانگرها استفاده می‌شود (نقوی و همکاران ۱۳۸۸). فرمول محاسبه PIC به صورت زیر بود (بوتستین و همکاران ۱۹۸۰):

$$\mathrm{PIC} = 1-\sum_{i}^{n} P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1}\sum_{j=i+1}^{n} 2P_i^2 P_j^2$$

که در آن p_i فراوانی‌های آللی i امین آلل و p_j فراوانی آللی j امین آلل‌می‌باشد. مقادیرPIC به منظور ارزیابی مفید بودن یک جایگاه نشانگری در آنالیز پیوستگی محاسبه شدند. تجزیه آماری برای محاسبه پارامترهای مختلف براساس تعداد و توزیع آللی بدست آمده برای جایگاه‌های ریزماهواره انجام گرفت. به‌منظور بررسی تعادل هاردی–واینبرگ در جایگاه‌های مورد مطالعه در این جمعیت از دو آزمون مربع کای و نسبت درست نمایی استفاده گردید. تعداد آلل واقعی و مؤثر، هتروزیگوسیتی، هموزیگوسیتی مشاهده شده و شاخص تثبیت رایت (F_{IS}) برای جایگاه‌های موردنظر محاسبه شد. تعیین این مقادیر برای هر جایگاه با استفاده از نرم‌افزار Pop Gene V1.31 (یه و همکاران ۱۹۹۹) انجام پذیرفت. .شاخص محتوای اطلاعات پلی-مورفیسم (PIC) برای جایگاه‌های مورد مطالعه و میزان همخونی با استفاده از نرم‌افزار Molki V3.0 (گیوتایرز و گویاچه ۲۰۰۵) محاسبه شد.

نتایج و بحث

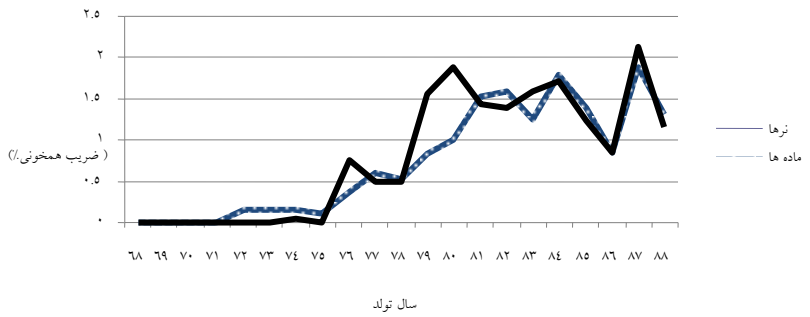
ضرایب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون گوسفند ان کردی شیروان مربوط به سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند کردی حسین‌آباد شیروان به تفکیک جنس حیوانات در جدول ۲ نشان داده‌شده‌است. همانطور که در جدول ۲ آورده‌شده‌است میانگین ضرایب همخونی کل جمعیت مورد مطالعه

[۱] Polymorphic information content (PIC)

۰/٦٦٨ درصد برآورد شد. حداقل و حداکثر میزان ضریب همخونی در کل گله به‌ترتیب برابر با ۰ و ۳۱/۲۵ درصد بود. میانگین ضریب همخونی در کل جمعیت برای حیوانات نر و ماده به‌ترتیب ۰/٦۹۳ و ۰/٦٤٦ درصد بدست آمد. در شجره تحت مطالعه از ۷۱۷۰ حیوان، ۱٦٦۸ رأس که ۲۳/۲٦ درصد کل شجره را شامل می‌شدند، همخون بودند که میانگین ضرایب همخونی آنها ۲/۸۷ درصد و برای حیوانات نر و ماده همخون به ترتیب ۲/۸۱ و ۲/۹۳ درصد برآورد گردید. تغییرات میانگین ضریب همخونی در جمعیت گوسفندان نر و ماده در شکل ۱ نشان داده شده است. همان‌طور که شکل ۱ نشان می‌دهد، میزان همخونی گله در سال-های ابتدایی (٦۸ تا ۷۱) برای نرها و (٦۸ تا ۷۳) برای ماده‌ها، صفر بود اما در سال‌های بعدی میزان همخونی افزایش یافته‌است.

جدول۲- میانگین همخونی(درصد) کل جمعیت و جمعیت همخون گوسفندان کردی شیروان

همخونی	کل جمعیت			جمعیت همخون		
جنس	نر+ ماده	نر	ماده	نر+ ماده	نر	ماده
تعداد	٦۷۱۷	۳۳۳۲	۳۸۳۸	۱٦٦۸	۸۲۳	۸٤٥
میانگین	۰/٦٦۸	۰/٦۹۳	۰/٦٤٦	۲/۸۷	۲/۸۱	۲/۹۳
حداقل	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰٦	۰/۰۰٦	۰/۰۱۲
حداکثر	۳۱/۲۵	۲٦/٥٦	۳۱/۲۵	۳۱/۲۵	۲٦/٥٦	۳۱/۲۵



شکل۱- تغییرات همخونی در نرها و ماده‌های گله مورد مطالعه

بالاتر بودن میانگین ضریب همخونی در ماده‌های همخون نسبت به حیوانات نر همخون، به‌علت این است که تعداد حیوانات همخون در برخی سطوح همخونی بالا، در ماده‌ها بیشتر از نرها بود و در برخی سال‌ها (۱۳۷٦ و ۱۳۷۹)، تعداد ماده‌های همخون بسیار بیشتر از تعداد حیوانات نر همخون بود. از دلایل نوسانات شدید میزان همخونی در سال‌های مختلف ورود گوسفندهای نر وارد شده به گله ایستگاه در سال‌های مختلف از جمله سال‌های ۱۳۸٦ و ۱۳۸۸ می‌باشد. البته علت عمده پایین بودن میانگین ضرایب همخونی می‌تواند مربوط به حیواناتی که دارای ضریب همخونی صفر بوده و ۷٦/۷٤ درصد کل شجره را تشکیل می‌دادند و نیز جفتگیری کنترل شده در گله باشد. علت اصلی وجود ضرایب همخونی صفر ناشی از نامعلوم بودن بخش عمده‌ای از اجداد مشترک به‌علت فقدان اطلاعات در سال‌های اولیه می‌باشد. با توجه به اینکه در جمعیت

مورد مطالعه بالاترین ضریب همخونی ۳۱/۲۵ درصد بوده، می‌توان گفت که در این جمعیت آمیزش‌های بسیار نزدیک وجود داشته است، اما به دلیل میانگین پایین ضریب همخونی این جمعیت، می‌توان نتیجه گرفت که تعداد این آمیزش‌ها در کل جمعیت کم بوده است. جدول ۳ فراوانی جمعیت گوسفندان کردی ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد حسین آباد شیروان به تفکیک گروه‌های مختلف همخونی را نشان می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود ۷٦/۷٤ درصد از کل جمعیت دارای ضریب همخونی صفر هستند و ۹۱/۳۱ درصد حیوانات همخون را حیوانات با گروه ضریب همخونی ۰ < F ≤ ٦/۲۵ درصد تشکیل می‌دهد که بررسی این گروه ضریب همخونی نشان می‌دهد بیشتر این حیوانات ناتنی بوده‌اند. این امر نشان می‌دهد با وجود توجه و تلاش مسئولین ایستگاه برای کنترل همخونی، هنوز درصد بالایی از آمیزش‌ها (۲۳/۲٦ درصد) را آمیزش‌های خویشاوندی تشکیل می‌دهد.

جدول ۳- فراوانی جمعیت گوسفندان کردی شیروان به تفکیک سطوح مختلف همخونی

سطوح همخونی (درصد)	تعداد در هر سطح	درصد از کل	درصد از همخون‌ها
F = ۰	۵۵۰۲	۷٦/۷٤	۰
۰ < F ≤ ٦/۲۵	۱۵۲۳	۲۱/۲٤	۹۱/۳۱
٦/۲۵ < F ≤ ۱۲/۵	۱۱۱	۱/۵۵	٦/٦۵
۱۲/۵ < F ≤ ۱۸/۷۵	۱۳	۰/۱۸	۰/۷۸
۱۸/۷۵ < F ≤ ۲۵	۱۳	۰/۱۸	۰/۷۸
F> ۲۵	۸	۰/۱۱	۰/٤۸
کل	۷۱۷۰	۱۰۰	۱۰۰

با افزایش همخونی، فراوانی حیوانات همخون کاهش یافته، به‌طوریکه فقط ۰/۱۱ درصد حیوانات ضریب همخونی بزرگتر از ۲۵ درصد داشتند. اگرچه تلاقی‌های محدودی بین خویشاوندان نزدیک صورت گرفته است اما پایین بودن فراوانی حیوانات با ضریب همخونی بالا در گله مورد مطالعه (۰/٤۸ درصد از کل جمعیت همخون) می‌تواند به علت ممانعت از آمیزش‌های بین حیوانات خویشاوند نزدیک باشد. مهمان‌نواز و همکاران (۱۳۸۰) در مطالعه‌ای بر روی گوسفند بلوچی در سال‌های ۱۳۵۲ تا ۱۳۷۷ نشان دادند میانگین ضریب همخونی کل جمعیت مورد مطالعه ۰/۱۱ درصد و در حیوانات نر و ماده به‌ترتیب ۰/۱٤۷ و ۰/۰۸۱ درصد بوده است. ستایش و همکاران (۱۳۸٦) در بررسی همخونی در بز کرکی رایینی در سال‌های ۱۳۸۰-۱۳٤۵، میانگین ضریب همخونی کل جمعیت مورد مطالعه را ۰/۲۸۳ درصد برآورد کردند. عادلی‌خواه و همکاران (۱۳۸۷) در بررسی همخونی در گوسفند زندی در سال‌های ۱۳۸٤-۱۳۷۰، میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون را به‌ترتیب ۱/۰٦ و ٤/۲۳ درصد گزارش نمودند.آنها میانگین ضرایب همخونی برای کل جمعیت در حیوانات نر و ماده رابه‌ترتیب ۰/۹۹ و ۱/۱۵ درصد و در حیوانات همخون، ۳/۹٦ درصد در حیوانات نر و ٤/۵٤ درصد در حیوانات ماده برآورد نمودند. فرهادی و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی همخونی در گله گوسفند لری بختیاری برای سال‌های ۱۳٦۸ تا ۱۳۸۷، میانگین ضرایب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون را به‌ترتیب ۰/۸۲ و ٦/۹۷ درصد گزارش کردند. بنابراین، میانگین ضریب همخونی در تحقیق حاضر در گوسفند کردی شیروان در دامنه مقادیر گزارش شده در سایر نژادهای بومی کشور است. آلشیخ (۲۰۰۵) در

گوسفند بارکی مصری، میانگین کل ضریب همخونی بره‌ها را ۰/۰۰۷۲ درصد برآورد نمود. در بررسی به‌عمل آمده توسط رزووسکا و همکاران (۲۰۰۵) بر روی یک گله بسته گوسفند برولا میانگین ضریب همخونی برای بره‌ها، میش‌ها و قوچ‌ها به‌ترتیب ٦، ٤/٠٧ و ٣/٥٣ درصد گزارش شد. حسین و همکاران (٢٠٠٦) در بررسی همخونی در گوسفند تالی، میانگین ضریب همخونی برای جمعیت تحت مطالعه را ١/٧ درصد گزارش کردند که از ١٠/١٥ تا ٣٧/٥ درصد متغیر بود. اسوانه‌پول و همکاران (٢٠٠٧) در بررسی همخونی در مرینوی افریقای جنوبی، متوسط همخونی کل جمعیت و افراد همخون را به‌ترتیب ٠/٦٤ و ٣/٤٣ درصد گزارش کردند.

نتایج حاصل از چرخه‌های حرارتی PCR نشان داد که تکثیر در تمام جایگاه‌های مورد بررسی در این تحقیق به خوبی صورت گرفت (جدول ٤). تعداد کل آلل‌ها در ١٠٠ نمونه و برای ٦ نشانگر ریزماهواره ٣٤ آلل بود. بیشترین تعداد آلل مشاهده شده در جایگاه BMS1004 (٧ آلل) و کمترین تعداد آلل مشاهده شده در جایگاه BM6438 (٤ آلل) و میانگین تعداد آلل مشاهده شده برای تمامی جایگاه‌ها ١/٠٣٢٨ ± ٥/٦٦٦٧ بود. در میان جایگاه‌های مورد مطالعه بیشترین و کمترین تعداد آلل مؤثر به ترتیب مربوط به جایگاه BMS1004 (٦/١٢٩) و BM6438 (٢/١٠٤) و میانگین تعداد آلل مؤثر ١/٣٥٤٦ ± ٤/٣٤٥٧ بود. در تمامی جایگاه‌ها تعداد آلل مؤثر کمتر از تعداد آلل واقعی بود. دلیل این کاهش این است که تعداد آلل مؤثر در حقیقت، تعداد آلل با فراوانی مساوی در هر جایگاه است. در جایگاه‌هایی که تفاوت بین این دو مقدار زیاد می‌باشد دلیل بر وجود فراوانی‌های آللی با پراکندگی بالا در آن جایگاه‌هاست. جایگاه‌هایی که فراوانی‌های آللی در آنها تقریباً برای تمام آلل‌ها مشابه باشد تعداد آلل مؤثر بیشتری نشان خواهند داد.

جدول ۴- مقادیر هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی در جایگاه‌های مختلف و میانگین کل آن‌ها برای جمعیت

جایگاه	Na[٧]	Ne[٦]	Obs_Hom[٥]	Obs_Het[٤]	Exp_Hom[٣]	Exp_Het[٢]	Nei Exp-Het[١]	Ave_Het	PIC
BM8125	٥	٤/٧٧٢	٠/١٠٠	٠/٩٠٠	٠/٢٠٥٦	٠/٧٩٤٤	٠/٧٩٠٤	٠/٧٩٠٤	٠/٧٥٧
BMS2361	٦	٣/٧٨٧	٠/٢٢٠	٠/٧٨٠	٠/٢٦٠٤	٠/٧٣٩٦	٠/٧٣٥٩	٠/٧٣٥٩	٠/٦٩٥
BM6526	٦	٥/٠٠٩	٠/٠٥٠	٠/٩٥٠	٠/١٩٤٩	٠/٨٠٥١	٠/٨٠١١	٠/٨٠١١	٠/٧٧١
BM6438	٤	٢/١٠٤	٠/٦٥٠	٠/٣٥٠	٠/٤٧٢٧	٠/٥٢٧٣	٠/٥٢٤٦	٠/٥٢٤٦	٠/٤٨٤
BMS1004	٧	٦/١٢٩	٠/١٤٠	٠/٨٦٠	٠/١٥٨٩	٠/٨٤١١	٠/٨٣٦٨	٠/٨٣٦٨	٠/٨١٦
BM6444	٦	٤/٢٥٤	٠/٤١٠	٠/٥٩٠	٠/٢٣١٢	٠/٧٦٨٨	٠/٧٦٥٠	٠/٧٦٥٠	٠/٧٣٣
Mean	٥/٦٦٦٧	٤/٣٤٥٧	٠/٢٦١٧	٠/٧٣٨٣	٠/٢٥٣٩	٠/٧٤٦١	٠/٧٤٢٣	٠/٧٤٢٣	
St. Dev	١/٠٣٢٨	١/٣٥٤٦	٠/٢٢٨٢	٠/٢٢٨٢	٠/١١٢٥	٠/١١٢٥	٠/١١١٩	٠/١١١٩	

[١] Nei's (1973) expected heterozygosity (Nei Exp-Het)
[٢] Expected heterozygosity were computed using Levene (1949) (Exp_Het)
[٣] Expected homozygosty were computed using Levene (1949) (Exp_Hom)
[٤] Observed heterozygosity (Obs_Het)
[٥] Observed homozygosty (Obs_Hom)
[٦] Effective number of alleles
[٧] Observed number of alleles

در جدول ۵ شاخص تثبیت رایت (F_{IS}) در جایگاه‌های مختلف ارائه شده است. مقدار شاخص رایت (F_{IS}) در این جمعیت از ۰/۱۸۵۹- در جایگاه BM6526 تا ۰/۳۳۲۹ در جایگاه BM6438 متغیر بود. مقادیر F_{IS} برای دو جایگاه BM6438 و BM6444 مثبت و به‌ترتیب ۰/۳۳۲۹ و ۰/۲۲۸۷ برآورد شد و برای سایر جایگاه‌ها منفی بود. مثبت بودن این پارامتر، به‌معنی بیشتر بودن همخونی نسبت به حالت آمیزش تصادفی است و مقدار منفی برای این پارامتر به‌معنی این است که همخونی بوجود آمده کمتر از میزان همخونی موردانتظار در حالت تلاقی تصادفی می‌باشد (لوکاس و دوناله ۲۰۰۲).

جدول ۵- شاخص تثبیت رایت (F_{IS}) برای جایگاه‌های مختلف

آلل	جایگاه	BM8125	BMS2361	BM6526	BM6438	BMS1004	BM6444
	A	-۰/۱۵۶۱	۱/۰۰۰۰	-۰/۰۸۱۱	۰/۳۵۸۳	۰/۰۶۳۱	۰/۳۶۳۳
	B	-۰/۱۸۵۸	۰/۱۳۴۲	-۰/۲۰۲۳	۰/۷۷۶۸	-۰/۰۱۹۶	۰/۳۵۰۲
	C	-۰/۰۴۱۷	۰/۰۴۰۱	-۰/۲۲۳۸	-۰/۰۷۰۴	۰/۰۱۲۶	۰/۶۸۰۰
	D	-۰/۳۰۷۲	-۰/۲۶۱۰	-۰/۲۱۹۵	-۰/۰۵۲۶	-۰/۰۱۹۶	-۰/۱۲۳۶
	E	۰/۰۳۲۷	-۰/۰۴۹۰	-۰/۱۸۳۴	-	۰/۰۵۸۸	-۰/۱۹۰۵
	F	-	-۰/۰۹۲۹	-۰/۰۹۲۹	-	-۰/۱۶۵۵	-۰/۰۳۶۳
	G	-	-	-	-	-۰/۰۶۳۸	-
	کل	-۰/۱۳۸۶	-۰/۰۵۹۹	-۰/۱۸۵۹	۰/۳۳۲۹	-۰/۰۲۷۷	۰/۲۲۸۷

شاخص F_{IS} در هر جمعیت، نشان‌دهنده کاهش و یا افزایش فراوانی هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی مورد انتظار بوده و انعکاس دهنده سیستم آمیزشی (آمیزش تصادفی و غیر تصادفی) در آن است و مقدار منفی این شاخص در جمعیت، نشان‌دهنده زیادتر بودن فراوانی هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی مورد انتظار در درون جمعیت و در نتیجه غیر همخون بودن آنها است. نتایج برآورد شده برای F_{IS} در این مطالعه نشان می‌دهد که اکثریت جایگاه‌های مورد استفاده در این تحقیق، با مقادیر F_{IS} منفی، میزان همخونی کمتری نسبت به همخونی موردانتظار در حالت تلاقی تصادفی دارا می‌باشند. میانگین ضریب همخونی برآورد شده در کل جمعیت ۰/۲۶۱۷ درصد بود. در بررسی ننه‌کرانی و همکاران (۱۳۸۹) در گوسفندان زندی با کمک ۱۵ نشانگر ریزماهواره و ۱۲۰ نمونه دام، میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده، شاخص رایت (F_{IS}) و PIC به‌ترتیب ۰/۹۸۶ ±۰/۰۰۴، ۰/۰۲۸ ± ۰/۱۹۶- و ۰/۰۲۱ ± ۰/۸۰۸ گزارش شد. کیو و همکاران (۲۰۰۷) در بررسی چند-شکلی ٦ نژاد گوسفند و بز چین، از ۷ نشانگر ریز ماهواره و ۱۲۳ نمونه خون استفاده کردند و تمام ۷ جایگاه چند شکلی نشان دادند. آن‌ها دامنه PIC را ۰/۹۲۹٤-۰/۸۲٤٥، متوسط هتروزیگوسیتی را ۰/۹٤۹۹ و میانگین نتایج آماره F جایگاه‌ها را برای F_{IS}، F_{ST} و F_{IT} به‌ترتیب ۲/۲-، ۲/٦ و ۰/٥ درصد گزارش کردند. قنبری و همکاران (۲۰۰۷) در بررسی خود بر روی گوسفند نژاد افشاری از ۱۸ نشانگر ریزماهواره و ۱۰۰ نمونه خون استفاده کردند. آنها میانگین تعداد آلل مشاهده شده، تعداد آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، PIC و ضریب همخونی به‌ترتیب ٦، ۳/٦ آلل، ۰/۷٤، ۰/۷۲، ۰/٦۷ و ۰/۰۲- گزارش نمودند. بهاتیا و اورا (۲۰۰۸) در بررسی ژنتیکی گوسفند نژاد خه‌ری[1] در هند ۲۵ نشانگر ریزماهواره و ٤۸ نمونه خون استفاده کردند و میانگین

[1] Kheri

تعداد آلل مشاهده شده، تعداد آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، آماره F_{IS} و PIC به‌ترتیب ۵/۳، ۳/۳ آلل، ۰/۵۸۲، ۰/۶۵۱، ۰/۱۲۸ و ۰/۵۹۵ گزارش کردند. ال‌ناهاس و همکاران (۲۰۰۸) در بررسی ژنتیکی نژادهای مختلف گوسفند (بارکی، اسیمی و رحمانی) از ۱۹ نشانگر ریزماهواره و ۵۰ رأس دام استفاده کردند و تمام جایگاه‌ها چندشکلی نشان دادند. دامنه تعداد آلل‌ها و نتایج آماره F جایگاه‌ها (F_{IS} ، F_{ST} و F_{IT}) به‌ترتیب ۱۴-۶ آلل، ۰/۷۵۳ تا ۰/۱۳۰-، ۰/۱۲۷ تا ۰/۰۱۵- و ۰/۷۸۰ تا ۰/۱۱۵- بود. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در سه نژاد بارکی، اسیمی و رحمانی به‌ترتیب ۰/۵۹۰۵، ۰/۵۴۷۱ و ۰/۶۱۵۷ و میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار در سه نژاد به‌ترتیب ۰/۸۶، ۰/۸۱۱۱ و ۰/۸۵۵۱ بود. در این بررسی از جایگاه BM6526 استفاده شده بود که تعداد آلل برای این جایگاه در سه نژاد بارکی، اسیمی و رحمانی به‌ترتیب ۹، ۶ و ۱۱ آلل و نتایج آماره F این جایگاه برای F_{IS} ، F_{ST} و F_{IT} به‌ترتیب ۰/۴۵۴، ۰/۰۱۵- و ۰/۴۴۶ گزارش شد. آلوارز و همکاران (۲۰۰۹) در بررسی خود از ۲۷ نشانگر ریزماهواره و ۱۲۳ نمونه خون از ۵ نژاد گوسفند استفاده کردند. تمام جایگاه‌ها چندشکلی نشان دادند. میانگین تعداد آلل‌ها، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و آماره F_{IS} برای نژادهای مختلف به‌ترتیب ۱۰- ۶/۴ آلل، ۰/۶۹۸-۰/۶۲۹ و ۰/۱۱۶- ۰/۰۴۱ متغیر بود.

میزان ضریب همخونی بدست آمده با نشانگرهای مولکولی در این بررسی، ۰/۲۶۱۷ درصد بود که با توجه به اینکه میزان ضریب همخونی یک جمعیت خاص می‌تواند از جمعیتی به جمعیت دیگر متفاوت باشد اما برآورد حاصل در این پژوهش بیشتر از مقادیر گزارش شده توسط ننه‌کرانی و همکاران (۱۳۸۹)، قنبری و همکاران (۲۰۰۷)، بهاتیا و اورورا (۲۰۰۸) و آلوارز و همکاران (۲۰۰۹) و کمتر از مقدار گزارش شده توسط کیو و همکاران (۲۰۰۷) و در دامنه مقادیر گزارش شده توسط ال‌ناهاس و همکاران (۲۰۰۸) بود. پایین بودن ضریب همخونی برآورد شده با کمک نشانگرها در مقایسه با برآورد با داده‌های ثبت شده در شجره (۰/۶۶۸) ، ممکن است به دلیل تعداد محدود جایگاه‌ها و نمونه‌های بکار رفته باشد. بدیهی است که با بهره‌گیری از تعداد بیشتر نشانگرهای ژنتیکی با پوشش گسترده در ژنوم همچون نشانگرهای ریزماهواره و افزایش تعداد نمونه ممکن است این برآوردها به مقادیر واقعی نزدیکتر باشند.

به منظور بررسی تعادل هاردی- واینبرگ در این جایگاه‌ها در جمعیت مورد مطالعه از دو آزمون مربع کای (χ_T^2) و نسبت درستنمایی (G-square) یا (G_T^2) استفاده گردید، که از هر دو آزمون نتایج مشابهی بدست آمد. این نتایج در جدول ۶ ارائه شده است.

جدول ۶- نتایج آزمون X_T^2 و G_T^2 برای تعادل هاردی-واینبرگ

جایگاه	درجه آزادی	χ_T^2	سطح احتمال	G_T^2	سطح احتمال
BM8125	۱۰	۱۱۰/۴۷۱۲	۰/۰۰۰۰	۱۱۲/۰۲۶۹	۰/۰۰۰۰
BMS2361	۱۵	۱۵۳/۶۷۰۶	۰/۰۰۰۰	۴۲/۸۳۱۹	۰/۰۰۰۱۶۷
BM6526	۱۵	۸۷/۲۸۲۴	۰/۰۰۰۰	۱۰۷/۴۱۴۶	۰/۰۰۰۰
BM6438	۶	۷۲/۹۵۱۳	۰/۰۰۰۰	۷۴/۴۹۳۴	۰/۰۰۰۰
BMS1004	۲۱	۱۲۹/۴۹۴۸	۰/۰۰۰۰	۱۳۹/۷۴۲۷	۰/۰۰۰۰
BM6444	۱۵	۱۲۶/۵۰۸۰	۰/۰۰۰۰	۱۳۲/۲۳۸۳	۰/۰۰۰۰

براساس نتایج حاصله هیچیک از جایگاه‌های مورد بررسی در تعادل هاردی-واینبرگ نبودند و انحراف معنی‌داری از تعادل هاردی-واینبرگ نشان دادند ($p < ۰/۰۰۵$). از مهمترین عوامل عدم برقراری تعادل

هاردی- واینبرگ در جایگاه‌های مورد مطالعه می‌توان به انتخاب، کوچک بودن اندازه جمعیت، و مهاجرت اشاره نمود. از دیگر علل این عدم تعادل کوچک بودن اندازه گله می‌تواند باشد.

تنوع درون جمعیتی با تعیین معیارهایی همچون هتروزیگوسیتی مورد انتظار، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و هتروزیگوسیتی مورد انتظار نااریب (HE Nei) مورد بررسی قرار گرفت. نتایج در جدول ٤ ارائه شده- است. دامنه هتروزویگوسیتی مشاهده شده از ۰/۳۵۰ تا ۰/۹۵۰ بود که بیشترین مقدار در جایگاه BM6526 و کمترین مقدار در جایگاه BM6438 بود. دامنه هتروزویگوسیتی مورد انتظار نااریب (HE Nei) نیز از ۰/۵۲٤٦ در جایگاه BM6438 تا ۰/۸۳٦۸ در جایگاه BMS1004متغیر بود. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار برای تمامی جایگاه‌ها به‌ترتیب ۰/۲۲۸۲ ± ۰/۷۳۸۳ و ۰/۱۱۲۵ ± ۰/۷٤٦۱ بود. میزان PIC نیز به عنوان یک معیار برای تعیین سودمندی نشانگرها به‌ازای تمامی جایگاه‌ها محاسبه گردید. بیشترین و کمترین مقدار PIC به‌ترتیب مربوط به جایگاه‌های BMS1004 (۰/۸۱٦) وBM6438 (۰/٤۸٤) بود. جایگاه‌های چندشکلی همچون ریزماهواره‌ها را در صورت دارا بودن مقادیرPIC بالاتر از۰/۵ جزو نشانگرهای دارای محتوای اطلاعاتی زیاد در نظر می- گیرند (بوتستین و همکاران ۱۹۸۰). نتایج برآورد شده برای PIC در این مطالعه نشان می‌دهد که اکثریت جایگاه‌های مورد استفاده در این تحقیق، با دارا بودن مقادیرPIC بالاتر از ۰/٦۹۵می‌توانند به نحو مؤثری در بررسی‌های کاوش ژنومی استفاده شوند. بطور کلی نتایج پژوهش حاضر، تنوع ژنتیکی مناسبی را در جمعیت گوسفندان کردی شیروان نشان می‌دهد و می- توان دریافت که نشانگرهای ریزماهواره‌ای ابزاری بسیار توانمند برای مطالعات ژنتیک جمعیت و بررسی تنوع درون و بین جمعیت‌ها می‌باشند. همچنین نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که برآوردهای ساده تشابه ژنتیکی افراد که تنها بر اساس شراکت آللی بر مبنای تعداد محدودی جایگاه بدست آمده است، نمی‌تواند مبنای دقیقی برای بیان روابط و مبنای تصیمیم گیری‌های اصلاحی در گله قرار گیرد. این نتیجه ادامه استفاده از داده‌های شجرهای را به عنوان مبنای اصلی برآوردها پیشنهاد می‌نماید.

سپاسگزاری

از مسئولین محترم معاونت بهبود تولیدات دامی سازمان جهاد کشاورزی خراسان شمالی و ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند کردی شیروان جهت فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز این تحقیق تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع مورد استفاده

اسماعیلی زاده ع، میرائی آشتیانی ر ، واعظ ترشیزی ر و اکبری قرائی م، ۱۳۸۰. برآورد وراثت پذیری و بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد اولیه در گوسفند نژاد کردی، صفحه‌های ۲۷٤-۲٦۹، اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، دانشکده کشاورزی، کرج.

بیگی نصیری م ت، فروزان مهرم ر و احمدی ا، ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند کردی شمال خراسان، مجله پژوهش کشاورزی، جلد ٤، شماره ۱، تابستان، صفحه‌های ٤۸-۳٦.

خالق زادگان ا، میرحسینی س ض، وحیدی س م ف، دلیرصفت س ب و زارع ه، ۱۳۸۹. ارزیابی گوناگونی ژنتیکی در هشت نژاد گوسفند بومی ایران(اویس آریس) با بهره گیری از نشانگرهای ای اف ال پی. نشریه پژوهش‌های علوم دامی ایران، جلد ۲ شماره ۲، صفحه‌های ۱۷۷-۱۷۰.

ستایش م ر، پاشا اسکندری نسب م، معماریان م و صفی جهانشاهی ا، ۱۳۸٦. اثر همخونی بر صفات اقتصادی بز کرکی رایینی، مجله فن‌آوری‌های نوین کشاورزی (ویژه علوم دامی)، صفحه‌های ۱٤۸-۱۳٦.

عادلی‌خواه م ح، واعظ ترشیزی ر، رکوعی م و توحیدی د، ۱۳۸۷. همخونی و اثر آن بر صفات تولیدی گوسفند زندی ایران، صفحه-های ٤-۱، سومین کنگره علوم دامی کشور، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد.

عادلی‌خواه م ح، واعظ ترشیزی ر، رکوعی م و اسفندیاری م، ۱۳۸۹. همخونی و اندازه جمعیت مؤثر گوسفندان زندی ایران، صفحه-های ۳٤٤۰-۳٤۳٦، چهارمین کنگره علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج.

فرجی آروق ه، واعظ ترشیزی ر، رکوعی م، صیادنژاد م ب، ۱۳۸۷. ضریب همخونی گاوهای هلشتاین ایران و تأثیر آن بر روی تولید شیر و چربی، صفحه‌های ۳-۱، سومین کنگره علوم دامی کشور، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد.

فرهادی م، اسدی خشویی ا و محرری ع، ۱۳۸۹. بررسی اثر همخونی بر روی صفات تولیدمثلی در گله گوسفند لری بختیاری، صفحه‌های ۳۳٦۱-۳۳۵۷، چهارمین کنگره علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج.

محمدی ق ا و صابری وند ع، ۱۳۸٦. مطالعه مولکولی و تعیین چند شکلی برخی نشانگرهای ریز ماهواره‌ای پیوسته به ژن دوقلوزایی FecB در گوسفندان قزل ایرانی، مجله دامپزشکی ایران، دوره سوم، شماره دوم، صفحه‌های ٤۵-۳۸.

محمدی ی، قنبری ص، درمانی کوهی ح، ستائی مختاری م، اسماعیلی زاده کشکوئیه ع، ۱۳۹۰. مطالعه تشابه ژنتیکی بر اساس داده-های شجره ای وتعداد محدودی نشانگر ریزماهواره مولکولی، ژنتیک نوین دوره ششم شماره ۲، صفحه‌های ۸۲-۷۱.

مهمان‌نواز ی، واعظ ترشیزی ر، صالحی ع و شوریده ع، ۱۳۸۰. همخونی و اثر آن بر صفات تولیدی در گوسفند نژاد بلوچی، صفحه‌های ۲٦۸-۲٦۳، اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج.

نقوی م ر، قره‌یاضی ب و حسینی سالکده ق، ۱۳۸۸. نشانگرهای مولکولی، چاپ سوم، انتشارات دانشگاه تهران، ۳۳٤ ص.

ننه کرانی ش، امیری نیا س، امیر مظفری ن، واعظ ترشیزی ر و قره‌داغی ع ا، ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی یک جمعیت از گوسفندان زندی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، مجله دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی، شماره ۱۱ سال چهارم، صفحه‌های ۸٦-۷۹.

Alsheikh S, 2005. Effect of inbreeding on birth and weaning weights and lamb mortality in a flock of Egtptian Barki sheep. ISAH – Warsaw. Poland, 1: 187-191.

Alvarez I, Traore A, Tamboura H H, Kabore A, Royo L J, Fernandez I, Ouedraogo-Sanou G, Sawadogo L and Goyache F, 2009. Microsatellite analysis characterizes Burkina Faso as a genetic contact zone between Sahelian and Djallonke sheep. Anim Biotech 20: 47–57.

Baumung R and Solkner J, 2003. Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability. Genet Sel Evol 35: 369-383.

Bhatia S and, Arora R, 2008. Genetic diversity in Kheri-A pastoralists developed Indian sheep using microsatellite markers. Indian J Biotech 7: 108-112.

Botstein D, White RL, Skolnick M and Davis RW, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet 32(3): 314–331.

Bourdon RM, 2000. Understanding Animal Breeding, 2th edition, Prentice Hall, Inc New Jersey, USA, 538 pp.

El Nahas SM, Hassan AA, Abou Mossallam AA, Mahfouz ER, Bibars MA, Oraby AS and Hondt HA, 2008. Analysis of genetic variation in different sheep breeds using microsatellites, African J Biotech 7 (8): 1060-1068.

Gutierrez JP, Goyache F, 2005. MolKin Version 3.0- A Computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information, Departamento de Producción Animal, Universidad Complutense de Madrid.

Hun Kim S, 2004. Estimating inbreeding in an inbred line of Japanese quail (Coturnix Japonica) using pedigree and microsatellite analyses, M Sc thesis, Faculty of the Graduate Studies, University of British Columbia.

Hussain A, Akhtar P, Ali S, Younas M and JavedK, 2006. Effect of inbreeding on post-weaning growth traits of Thalli sheep in Pakistan. Pak J Agri Sci 43: 89-92.

Lukas FK, Donald MW, 2002. Inbreeding effects in wild populations, Ecol. & Evol, 17(5): 230-241.

Lush J L, 1945. Animal breeding plans, 3rd edition, Iowa State University Press, Iowa, U S A, 443 pp.

Maddox JF, Davies KP, Crawford A M,Hulme DJ, Vaiman D, Cribiu EP, Freking BA,Beh KJ, Cockett N E, Kang N, Riffkin C D,Drinkwater R, Moore S S, Dodds KG, Lumsden JM,van Stijn TC, Phua SH, Adelson DL, Burkin HR,Broom JE, Buitkamp J, Cambridge L, Cushwa WT,Gerard E, Galloway SM, Harrison B, Hawken RJ,Hiendleder S, Henry HM, Medrano JF, PatersonKA, Schibler L, Stone RT and Van Hest B, 2001. Anenhanced linkage map of the sheep genome comprisingmore than 1000 loci. Genome Research 11: 1275-1289.

Meuwissen TH E, Luo Z, 1992. Computing inbreeding coefficient in large populations, Genet Sel Evol 24: 305-309.

Qanbari S, Eskandari Nasab MP, Osfoori R and Hagh Nazari A, 2007. Power of microsatellite marker for analysis of genetic variation and parentage verification in sheep, Pak J Bio Sci, 10: 1632-1638.

Qu D, Yang Z, Guo X, Mao Y, Sun W, Gen R, Ma Y, Ren X, Chang G, Huang D, Vhang H, 2007. Study on polymorphisms of microsatellite DNA of six chinese indigenous sheep and goat breeds, Front Agric China, 1: 472–477.

Rzewuska K, Klewiec J, Martyniuk E, 2005. Effect of inbred on reproductionand body weight of sheep in a close Booroola flock. J Anim Sci 4: 237- 247.

Sargolzaei M, Iwaisaki H and Colleau JJ, 2006. CFC Release 1.0-A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity comm. 27-28 in proceeding of the 8th World Conger. Genet Appl Livest Pro, Belo Horizonte, Brazil.

Swanepoel J W, Van Wyk JB, Cloete SWP, and Delport GJ, 2007. Inbreeding in the Dohne Merino breed in South Africa.South Afri J Anim Sci. 37 (3): 176-179.

Yeh FC, Yang RC and Boyle T, 1999. POPGENE, version 1.32, Microsoft windows based Freeware for population genetic analysis, Molecular Biology and Technology Center, University of Alberta, Canada.

Genetic diversity in Shirvan Kordi sheep using microsatellite markers and compared to estimation of inbreeding coefficient using pedigree

S Naghavian[1]*, S Hasani[2], M Ahani Azari[2], AR Khanahmadi[3], DA Saghi[4] and NB Mamizadeh[1]

Received: December 13, 2012 Accepted: November 24, 2013

[1]MSc Graduate, Department of Animal Science, Gorgan University of Agriculture Sciences and Natural Resources, Iran

[2]Associate Professor, Department of Animal Science, Gorgan University of Agriculture Sciences and Natural Resources, Iran

[3]Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Gonbad kavos, Iran

[4]Assistant Professor, Agriculture and Natural Resources Center of Razavi Khorasan, Iran

[*]Corresponding author: E mail: Naghavians@yahoo.com

Abstract

This study was conducted to estimate coefficient of inbreeding of Shirvan Kordi sheep based on molecular and pedigree information. Pedigree of 7170 lambs produced from 177 rams and 2182 ewes collected during 1989 to 2009 in Shirvan Kordi sheep breeding flock were used for calculating inbreeding coefficient. Average inbreeding coefficient of the flock on base year 1989 was estimated as 0.668%. Coefficient of inbreeding was also estimated in this population using 6 microsatellite markers (BM8125, BMS2361, BM6526, BM6438, BMS1004 and BM6444) and 100 blood samples. A total of 34 alleles with an average of 5.67 was observed for each locus. Within population inbreeding (F_{IS}) in Shirvan Kordi sheep breeding flock ranged from -0.1859 for BM6526 to 0.3329 for BM6438. The F_{IS} estimates were positive for BM6438 and BM6444 loci (0.3329 and 0.2287, respectively) and for the other loci were negative. Average inbreeding coefficient based on marker data was estimated as 0.2617%. Microsatellile loci used in this population showed a high polymorphism and can be used for future genetic studies in this population. These estimates may be closer to the true values using more number of genetic markers across the whole genome and higher sample size. Moreover, the results indicated that the estimates of genetic resemblance between individuals based on allelic contribution of a limited number of loci may not be very accurate for measuring the relationships and making breeding decisions in the flocks. Therefore, estimation of inbreeding coefficients using pedigree is suggested.

Keyword: Shirvan Kordi sheep, Microsatellite markers, Inbreeding