مجله علوم دامی ایران
دوره ۴۴، شماره ۲، ۱۳۹۲ (۱۵۵-۱۴۹)

ساختار شجره برخی گله های گاو هلشتاین ایران و تاثیر آن بر هم خونی

رضا خلخالی[1]، رسول واعظ ترشیزی[2*] و علی اکبر مسعودی[3]
۱، ۲، ۳، به ترتیب دانش آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار و استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس
(تاریخ دریافت: ۹۱/۱۰/۱۱ - تاریخ تصویب: ۹۲/۵/۳)

چکیده

در بررسی حاضر از اطلاعات شجره ا ی گاو هلشتاین ایران، که توسط مرکز اصلاح دام کشور در طی سال های ۱۳۵۰ تا ۱۳۸۸ ثبت شده بود، برای بررسی علت افزایش هم خونی استفاده شد. ضریب هم خونی و معیار کامل بودن شجره همه گاوها با استفاده از ساختار شجره ی ۸۸۳۷۱۳ حیوان محاسبه شد. گله های با معیار کامل بودن شجره بیش از ۰/۸۵ استخراج و به دو گروه، هم خونی زیاد (گروه ۱) با متوسط هم خونی ۰/۰۵۱۴ و معیار کامل بودن شجره ۰/۹۷، و گروه هم خونی کم (گروه ۲) با متوسط هم خونی ۰/۰۱۸۴ و معیار کامل بودن شجره ۰/۹۵ تقسیم شدند. برای هر دو گروه، جمعیت مرجع (حیوانات متولد شده در طی سال های ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۸) تعریف شدند. تعداد حیوانات شجره ی هر گروه، به ترتیب، ۳۵۶۳۸ حیوان در گروه ۱ و ۴۱۸۵۰ حیوان در گروه ۲ بود. احتمال منشاء ژن (تعداد حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار و اندازه موثر حیوانات غیر بنیان گذار و سهم بنیان گذارها) برای هر دو گروه محاسبه شد. تعداد حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار و اندازه موثر حیوانات غیر بنیان گذار و سهم بنیان گذارها در ۵۰ درصد ژنوم جمعیت حاضر در گروه هم خونی زیاد، به ترتیب، ۵۲۲۶، ۲۹۶/۸۴، ۹/۳۱، ۹/۶۱ و ۱۳۴ و در گروه هم خونی کم، به ترتیب، ۷۵۶۲، ۳۳۱/۴۶، ۱۶/۷۸، ۱۷/۶۷ و ۱۵۳ بود. این نتایج نشان می دهند که، هم خونی زیاد گله های گاوهای هلشتاین ایران می تواند ناشی از تعداد موثر حیوانات بنیان گذار کم باشد.

مقدمه

بررسی رکوعی و همکاران (۲۰۱۰) نشان داده است که میزان رشد سالیانه نرخ هم خونی در گاوهای هلشتاین ایران (۰/۳۱ درصد)، حدود سه برابر گاوهای هلشتاین آمریکا (۰/۱۱ درصد) و کانادا (۰/۰۸ درصد) به عنوان پیشتازان صنعت اصلاح نژاد گاوهای شیری جهان می باشد. عوامل متعددی وجود دارند که در افزایش میزان هم خونی تاثیر گذار هستند. یکی از این عوامل، اندازه جمعیت پایه یا تعداد حیوانات بنیان گذار[1] است که نقش قابل ملاحظه ای بر میزان افزایش هم خونی دارد. حیوانات بنیان گذار، شامل حیواناتی هستند که پدر و مادر نامعلومی دارند. همچنین اگر یک حیوان، یک والد مشخص و یک والد نامشخص داشته باشد ، والد نامشخص آن جزء حیوانات بنیان گذار محسوب می شود. در مورد حیوانات بنیان گذار فرض بر این است که این حیوانات هیچ گونه رابطه خویشاوندی باهم ندارند. از طرف دیگر، با توجه به اینکه برخی از این حیوانات نسبت به دیگر حیوانات، سهم بیشتری در ساختار ژنتیکی جمعیت حاضر دارند از این رو دو پارامتر معادل (اندازه موثر) حیوانات بنیان گذار[2] و معادل ژنوم حیوانات بنیان گذار[3] برای تصحیح این اثر ارائه شد

1 . Founder

2 . Founder Equivalent (f_e)
3 . Founder Genome Equivalent (f_g)

* نویسنده مسئول: رسول واعظ ترشیزی تلفن: ۰۹۱۲۵۹۹۴۴۶۸ E-mail: rasoult@modares.ac.ir

(Sorensen et al., 2005). معادل حیوانات بنیان گذار، تعداد حیواناتی هستند که سهم ژنتیکی آن ها در ایجاد جمعیت حاضر یکسان بوده، بنابراین تنوع ژنتیکی ایجاد شده توسط آن ها در نسل های آینده، یکسان است. معادل ژنومیکی حیوانات بنیان گذار، مانند معادل حیوانات بنیان گذار است با این تفاوت که در این پارامتر، سهم ژنتیکی هر یک از حیوانات بنیان گذار، در نتیجه ی پدیده رانش ژنی و با گذشت زمان، کاهش پیدا می کند. در جوامع، مقدار معادل حیوانات بنیان گذار تحت تاثیر تعداد نامساوی حیوانات بنیان گذار در ایجاد نتاج نسل های آینده است، به این معنی که هرچه تعداد حیوانات بنیان گذار با سهم غیر یکسان، افزایش پیدا کند، میزان معادل حیوانات بنیان گذار کاهش پیدا خواهد کرد. همچنین میزان معادل ژنومیکی حیوانات بنیان گذار نیز از تعداد نامساوی حیوانات بنیان گذار و عدم انتقال برخی از آلل های بنیان گذارها به نسل بعد و در نتیجه ی از دست رفتن آن ها تاثیر می پذیرند. این پارامترها با میزان هتروزیگوتی جمعیت در ارتباط هستند بدین صورت که هرچه تعداد فرزندان به ازای بنیان گذارها افزایش پیدا کند، با بالا رفتن مقدار معادل حیوانات بنیان گذار و معادل ژنومیکی حیوانات بنیان گذار، مقدار هتروزیگوتی در جمعیت افزایش می یابد. در جمعیت های با حداقل هم خونی، انتظار بر این است که مقدار معادل بنیان گذارها برابر با نصف اندازه جمعیت موثر بوده و مقدار عددی معادل ژنومیکی حیوانات بنیان گذار همیشه کمتر از معادل حیوانات بنیان گذار باشد. این امر به این دلیل است که در پارامتر معادل ژنومیکی حیوانات بنیان گذار، با گذشت نسل ها، سهم ژنی حیوانات بنیان گذار، به خصوص در شجره های با عمق زیاد، کاهش پیدا می کند (Lacy., 1989). با توجه به اینکه پارامترهای فوق در تفسیر تغییرات هم خونی جوامع مفید هستند، هدف مطالعه حاضر بررسی عوامل موثر بر افزایش هم خونی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مقایسه این پارامترها در گله های مختلف می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات ۸۸۳۷۱۳ راس گاو هلشتاین ایران، که توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور در طی سال های ۱۳۵۰ تا ۱۳۸۷، جمع آوری شده بود، استفاده شد. گله هایی که تعداد حیوانات آنها کمتر از ۴۰ راس بود، حذف شدند. جزئیات بیشتر داده های مورد استفاده در بررسی رکوعی و همکاران (۲۰۱۰) ارائه شده است. ابتدا با استفاده از شجره کامل، هم خونی همه حیوانات گله های تحت پوشش محاسبه شد. از بین گله ها، ۷ گله با بیشترین مشاهده و بیشترین متوسط هم خونی (گروه اول) و ۹ گله با بیشترین مشاهده، اما کمترین متوسط هم خونی (گروه دوم) انتخاب شد. گله های هر دو گروه مورد بررسی، به نحوی انتخاب شدند که معیار کامل بودن شجره ی آن ها بیش از ۸۰ درصد باشد. میانگین معیار کامل بودن شجره و ضریب هم خونی گله های مورد مطالعه برای گروه های با هم خونی زیاد و کم در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱-میانگین معیار کامل بودن شجره (درصد) و ضریب هم خونی (درصد)$^{\Psi}$ گله های مورد مطالعه به تفکیک گروه‌های هم خونی

هم خونی زیاد			هم خونی کم		
تعداد	F ± SD	*PCI ± SD*	تعداد	F ± SD	PCI ± SD
۷۱۴	۵/۰۷ ± ۰/۳۹	۹۷/۲۳ ± ۳/۰۷	۸۴۵	۱/۷۳ ± ۰/۴۲	۹۵/۳۱ ± ۳/۰۰
۴۶۶	۵/۱۰ ± ۰/۴۲	۹۶/۷۵ ± ۰/۳۲	۳۲۴	۱/۸۹ ± ۰/۳۶	۹۴/۷۴ ± ۳/۰۰
۴۹۸	۵/۱۱ ± ۰/۴۲	۹۷/۱۲ ± ۳/۲۹	۱۳۸	۱/۸۷ ± ۰/۳۸	۹۳/۸۲ ± ۲/۶۶
۴۷۹	۵/۱۱ ± ۰/۴۰	۹۵/۲۹ ± ۳/۶۲	۲۱۸۲	۱/۸۱ ± ۰/۳۸	۹۶/۳۳ ± ۳/۱۰
۲۲۱۴	۵/۱۸ ± ۰/۴۳	۹۶/۶۷ ± ۳/۱۳	۵۰۴	۱/۹۵ ± ۰/۳۲	۹۳/۳۵ ± ۲/۳۸
۱۱۲۳	۵/۱۵ ± ۰/۴۱	۹۶/۷۵ ± ۳/۳۸	۳۴۸	۱/۸۹ ± ۰/۳۵	۹۴/۰۵ ± ۲/۷۳
۴۰۷	۵/۱۱ ± ۰/۴۴	۹۶/۹۹ ± ۳/۹۸	۷۶۶	۱/۸۹ ± ۰/۳۴	۹۳/۶۰ ± ۲/۲۶
-	-		۴۹۴	۱/۹۳ ± ۰/۳۵	۹۳/۳۰ ± ۰/۲۹
-	-		۱۴۵	۱/۹۵ ± ۰/۳۵	۹۴/۴۷ ± ۲/۲۶

$^{\Psi}$ F، ضریب هم خونی؛ PCI، معیار کامل بودن شجره و SD، انحراف معیار.

برای هر دو گروه مطالعه حاضر، جمعیت مرجع (افراد متولد شده، زنده و فعال در شش سال اخیر) ایجاد شد. شجره کامل حیوانات هر گروه از فایل شجره اصلی، با استفاده از نرم افزار Pedig (Boichard, 2002) استخراج

و برای هر یک از آن ها، پارامترهای تعداد حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر ژنوم حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر افراد غیر بنیان گذار، تعداد حیوانات بنیان گذاری که ۵۰ درصد ژنوم جمعیت مرجع را به خود اختصاص می دادند، متوسط تعداد نسل های مجزا، و میانگین خویشاوندی و هم خونی، با استفاده از نرم افزار CFC (Sargolzaei et al., 2006) محاسبه شدند. در این نرم افزار، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار (f_e) و تعداد موثر ژنوم حیوانات بنیان گذار (f_g) با استفاده از معادلات زیر محاسبه می شود (Lacy, 1989):

$$f_e = \left[\sum_{i=1}^{f} p_i^2\right]^{-1}$$

$$f_g = \left[\sum_{i=1}^{f} \frac{p_i^2}{r_i}\right]^{-1}$$

در این معادلات، f_e، اندازه موثر حیوانات بنیان گذار، p_i سهم ژنتیکی حیوان بنیان گذار i در جمعیت مرجع، f_g، تعداد موثر ژنوم حیوانات بنیان گذار و r_i نیز نسبتی از آلل های حیوان بنیان گذار است که در جمعیت زنده و فعال حاضر وجود دارد. کاهش هر یک از این پارامترها منجر به افزایش میزان هم خونی و اثرات ناشی از آن می شود. همچنین، اندازه موثر حیوانات غیر بنیان گذار (N_{enf})، که در واقع پارامتری برای بیان ارتباط بین f_e و f_g است، با استفاده از معادله زیر محاسبه شد (Caballero and Toro., 2000):

$$N_{enf} = \left[\frac{1}{f_g} - \frac{1}{f_e}\right]^{-1}$$

مقدار N_{enf} نشان دهنده کاهش تنوع ژنتیکی در نتیجه رانش تصادفی آلل ها در طی نسل های مختلف غیر بنیان گذارها است.

معیار کامل بودن شجره گله ها نیز براساس رابطه زیر محاسبه گردید (MacCluer *et al*., 1983):

$$PCI_{animal} = \frac{2C_{sire}C_{dam}}{C_{sire}+C_{dam}}$$

در این رابطه، C_{sire} و C_{dam} به ترتیب سهم خطوط پدری و مادری است و از معادله $C = \frac{1}{d}\sum_i^d a_i$، که a_i نشان دهنده اجداد معلوم حیوان در نسل i و d معرف تعداد نسل (برابر ۵ نسل) می باشند، محاسبه می شود. معیار کامل بودن شجره با استفاده از نرم افزار EVA (Berg et al., 2006) محاسبه شد. ساختار شجره ی مورد استفاده به تفکیک گروه های هم خونی زیاد و کم در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- ساختار شجره ی مورد استفاده به تفکیک گروه های هم خونی

	هم خونی زیاد	هم خونی کم
تعداد حیوانات	۵۹۰۱	۵۷۴۶
تعداد حیوانات در شجره	۳۵۶۳۸	۴۱۸۵۰
تعداد حیوانات با دو والد معلوم	۲۸۵۰۶	۳۲۳۹۲
تعداد حیوانات با یک والد معلوم	۱۹۰۶	۱۸۹۶

نتایج و بحث

معیار کامل بودن شجره، ضریب خویشاوندی و ضریب هم خونی به تفکیک گروه های هم خونی زیاد و کم در جدول ۳ ارائه شده است. همان طور که ملاحظه می شود معیار کامل بودن شجره ی گله های با هم خونی زیاد (۹۶/۷۱درصد) و کم (۹۴/۹۶درصد) بسیار بالا و نزدیک بهم بوده، بنابراین، آماره ها و پارامترهای هر دو جمعیت قابل مقایسه می باشند. وابستگی اعتبار مقایسه پارامترهای مختلف ساختار شجره های مورد بررسی به مقدار معیار کامل بودن شجره در مطالعه Melka و Schenkel (۲۰۱۰) گزارش شده است. این محققین با مطالعه تنوع ژنتیکی چهار نژاد خوک کانادایی بیان کردند که هر چه مقدار معیار کامل بودن شجره بیشتر باشد قابلیت اطمینان مقایسات نیز بیشتر خواهد بود.

همان طور که انتظار می رود گروه با هم خونی زیاد حدود ۳/۳۰ درصد هم خونی بیشتری نسبت به گروه با هم خونی کم داشتند. روند مشابه ای برای ضریب خویشاوندی بین دو گروه مورد بررسی مشاهده شد، به

طوری که گروه با هم خونی زیاد حدود ۴/۷۸ درصد خویشاوندی بیشتری در مقایسه با گروه با هم خونی کم داشتند. بخشی از این اختلاف ها می تواند به تفاوت ناچیز معیار کامل بودن شجره بین دو گروه نسبت داده شود اما دلیل عمده آن ناشی از ایجاد غیر تصادفی دو گروه (هم خونی زیاد و کم) برای اهداف مطالعه حاضر است. اگرچه پایین بودن ضریب هم خونی گاوهای هلشتاین ایران (۰/۱۸ درصد) در مطالعه توحیدی و همکاران (۲۰۰۰) در مقایسه با نتایج گزارش شده (۲/۹۰ درصد) توسط رکوعی و همکاران (۲۰۱۰) به نقص شجره نسبت داده شده است اما وجود تعداد کم حیوانات در گروه با هم خونی کم (۵۷۴۶) و تعداد زیاد حیوانات شجره ی آن (۴۱۸۵۰)، و همچنین، بیشتر بودن تعداد حیوانات با دو والد معلوم (۳۲۳۹۲) و کمتر بودن تعداد حیوانات با یک والد معلوم آن (۱۸۹۶) نشان می دهد (جدول ۲) که ممکن است دلایل دیگری در پایین بودن میزان هم خونی نقش داشته باشد. لازم به توضیح است که مقدار زیاد معیار کامل بودن شجره به معنای برآورد زیاد متوسط ضریب هم خونی یک جمعیت نیست، چرا که یک جمعیت می تواند برای چندین نسل شجره کامل داشته باشد اما آمیزش بین حیوانات آن جمعیت به صورتی انجام گیرد که هم خونی آن افزایش قابل ملاحظه ای نداشته باشد. این موضوع در مطالعه Sørensen و همکاران (۲۰۰۵)، بر روی گاوهای هلشتاین دانمارکی (متوسط هم خونی ۳/۹ درصد با معیار کامل بودن شجره ۹۴ درصد) در مقایسه با گاوهای جرزی دانمارکی (متوسط هم خونی ۳/۴ درصد با معیار کامل بودن شجره ۹۵ درصد) مشاهده می شود.

جدول ۳- معیار کامل بودن شجره، ضریب خویشاوندی و ضریب هم خونی به تفکیک گروه های هم خونی

	هم خونی زیاد	هم خونی کم
معیار کامل بودن شجره (درصد)	۹۶/۷۱	۹۴/۹۶
ضریب هم خونی (درصد)	۵/۱۴	۱/۸۴
ضریب خویشاوندی (درصد)	۱۰/۷۴	۵/۹۶

جدول ۴ تعداد حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار، تعداد موثر حیوانات غیر بنیان گذار، تعداد حیوانات بنیان گذار با ۵۰ درصد سهم در ژنوم جمعیت مرجع به تفکیک گروه های هم خونی را نشان می دهد. این پارامترها، برخلاف هم خونی و اندازه موثر جمعیت که تنوع ژنتیکی داخل گروه ها (نژادها) را بعد از گذشت زمان طولانی تبیین می کنند، ابزار مفیدی هستند که می توانند تنوع ژنتیکی را در طی چند نسل کوتاه توضیح دهند (Boichard et al., 1997). در دیگر مطالعات نیز بیان شده است که میزان هم خونی، به دلایلی نظیر، هم پوشانی نسل ها، انتخاب مصنوعی (غیر تصادفی)، و یا استفاده‌ی بی حد از تعداد بسیار کمی حیوان نر در تلقیح مصنوعی، ابزار مناسبی برای تعیین تنوع ژنتیکی جمعیت های حیوانات مزرعه ای نیست (Boichard et al, 1997; Hagger, 2005).

جدول ۴- متوسط تعداد نسل های مجزا و پارامترهای مرتبط با احتمال منشاء ژن به تفکیک گروه های هم خونی

پارامترهای جمعیت	هم خونی زیاد	هم خونی کم
تعداد حیوانات بنیان گذار	۵۲۲۶/۰۰	۷۵۶۲
تعداد موثر حیوانات بنیان گذار	۲۹۶/۸۴	۳۳۱/۴۶
معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار	۹/۳۱	۱۶/۷۸
تعداد موثر غیر بنیان گذارها	۹/۶۱	۱۷/۶۷
سهم بنان گذارها در ۵۰ درصد ژنوم جمعیت حاضر	۱۳۴	۱۵۳
متوسط تعداد نسل های مجزا	۱۲/۹۲	۱۰/۹۳

در مطالعه حاضر، تعداد حیوانات بنیان گذار گروه هم خونی زیاد (۵۲۲۶) کمتر از گروه هم خونی کم (۷۵۶۲) بود. اگرچه این روند برای تعداد موثر حیوانات بنیان گذار (۲۹۶/۸۴ در مقایسه با ۳۳۱/۴۶) نیز مشاهده شد، اما

تفاوت آن ها می تواند تا حدی ناشی از تعداد بیشتر حیوانات بنیان گذار در گروه با هم خونی کم باشد. با وجود این، کم بودن تعداد موثر حیوانات بنیان گذار، به عنوان معیاری برای کاهش تنوع ژنتیکی، می تواند زیاد بودن میزان هم خونی گروه با هم خونی زیاد نسبت به گروه با هم خونی کم را توجیه کند. به هر حال، تفاوت بین تعداد حیوانات بنیان گذار و تعداد موثر حیوانات بنیان گذار نشان می دهد که همه حیوانات بنیان گذار نقش یکسانی در ایجاد حیوانات مرجع نداشته اند(Lacy, 1989). این تفاوت می تواند در نتیجه شدت انتخاب برای صفات خاصی باشد که پرورش دهندگان از طریق استفاده از اسپرم گاوهای نر محدود برای بهبود گله های خود به آن اقدام نموده اند. همچنین، این نتیجه گیری می تواند از سهم کمتر تعداد حیوانات بنیان گذار در ۵۰ درصد ژنوم حیوانات مرجع در گروه هم خونی زیاد (۱۳۴) در مقایسه با گروه هم خونی کم (۱۵۳) نیز استنباط شود. در بررسی ها گزارش شده است که اگر همه بنیان گذارها نقش یکسان در ساختار ژنتیکی جمعیت مرجع داشته باشند باید تعداد واقعی حیوانات بنیان گذار با تعداد موثر حیوانات بنیان گذار مساوی باشد (Cole et al., 2004).

معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار جمعیت تحت مطالعه در گروه با هم خونی زیاد به طور قابل ملاحظه ای کمتر از گروه با هم خونی کم بود (۹/۳۱ در مقایسه با ۱۶/۷۸). این پارامتر برای تعیین تنوع ژنتیکی با هدف مدیریت جمعیت های کوچک اهمیت زیادی دارد (Lacy, 1989).

به عبارت دیگر، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار نشان می دهد که کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت نه تنها ناشی از سهم متفاوت حیوانات بنیان گذار، بلکه ناشی از رانش تصادفی ژنتیکی نیز می باشد و بنابراین وجود یا عدم وجود تنوع را به شکل صحیح تری توصیف می کند (Sorensen et al, 2005; Hammami et al, 2007; Melka and Schenkel, 2010). برای جمعیت مطالعه حاضر، تفاوت مشاهده شده نشان از این واقعیت دارد که از دست رفتن تصادفی آلل های بنیان گذار ها به علت رانش، در گروه هم خونی زیاد، علی رغم تعداد بزرگتر جمعیت آن ها، بیشتر از گروه هم خونی کم بوده است.

تفاوت تعداد موثر حیوانات غیر بنیان گذار، که کاهش تنوع در نتیجه ی فقط رانش ژنتیکی تصادفی را نشان می دهد، در دو گروه هم خونی زیاد و کم نیز مشابه تفاوت معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار بود (۹/۶۱ در گروه با هم خونی زیاد در مقایسه با ۱۷/۶۷ در گروه هم خونی کم). اما همان طور که مشاهده می شود (جدول ۴) تعداد موثر حیوانات غیر بنیان گذار بررسی حاضر اندکی بیشتر از معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار است، که با یافته های Stachowicz و همکاران (۲۰۰۹) در گاوهای هلشتاین کانادا مطابقت دارد. این محققین از این تفاوت نتیجه گرفتند که تقریبا همه رانش ژنتیکی که در جمعیت رخ داده است در طی نسل های مختلف حیوانات غیربنیان گذار حاصل شده است.

مطالعات متعددی در زمینه ارتباط هم خونی با پارامترهای احتمال منشاء ژن در گاو (شیری و گوشتی) به صورت انفرادی بر روی یک نژاد خاص (Stachowicz et al, 2009; Márquez et al, 2010) یا مقایسه ای با استفاده از چندین نژاد مختلف (Gutiérrez et al, 2003; Sørensen et al, 2005; Mc Parland et al, 2007) انجام گرفته است. اگرچه مقایسه جمعیت های گوناگون به دلیل تفاوت آن ها در تعداد حیوانات، عمق شجره و شدت های انتخاب مختلف اعمال شده برای صفات متعدد ممکن است صحیح نباشد اما به طور کلی، بررسی های مقایسه ای نشان داده است جمعیت هایی که نرخ هم خونی آن ها زیاد است تعداد موثر حیوانات بنیان گذار و تعداد موثر ژنوم های حیوانات بنیان گذار آن ها کمتر است.

برای مثال، در مطالعه (Mc Parland et al., 2007) برای گاوهای هرفورد، آنگوس، لیموزین و کارولیس به ترتیب با ضرایب هم خونی ۲/۱۹ درصد، ۱/۳۱ درصد، ۰/۵۷ درصد و ۰/۵۴ درصد، تعداد موثر حیوانات بنیان گذار به ترتیب، ۱۵۰، ۱۶۰، ۳۱۶ و ۳۵۷ گزارش شد. این تعداد برای گاو های هلشتاین (با هم خونی ۳/۹ درصد) و قرمز دانمارکی (با هم خونی ۱/۴)، به ترتیب ۷۰ و ۲۰۷ بود (Sørensen et al, 2005). تطابق نتایج بررسی حاضر با یافته های Boozi و همکاران (۲۰۰۶) نیز مشاهده می شود به طوری که این محققین تعداد حیوانات بنیان گذار را برای نژاد چیانینا با هم خونی ۲/۰۶ درصد

(۱۵۲) بیشتر از نژاد مارچی گیانا با هم خونی ۲/۱۵ درصد (۷۱) گزارش کردند.

به طور کلی، اگرچه کامل بودن و عمق شجره اثر قابل ملاحظه ای بر اندازه موثر حیوانات بنیان گذار و معادل های ژنومی حیوانات بنیان گذار دارد (Hagger, 2005)، برای مطالعه حاضر، که جمعیت های مورد بررسی از معیار کامل بودن شجره بالا و تقریبا یکسانی برخوردار بودند، افزایش هم خونی می تواند به عدم مشارکت همه ی حیوانات بنیان گذار در ایجاد نتاج جمعیت مرجع، در نتیجه ی استفاده از اسپرم تعداد معدودی گاو نر برای دستیابی به اهداف خاص، نسبت داده شود. بنابراین، لازم است پرورش دهندگان گاوهای هلشتاین ایران با همکاری مرکز اصلاح نژاد دام کشور استراتژی های انتخاب را به نحوی طراحی کنند که روند افزایش هم خونی قابل کنترل باشد. استراتژی های مختلفی تعریف شده است که می تواند برای گاوهای هلشتاین کشور مورد بررسی و مطالعه قرار گیرد (Meiwissen, 1997; Moreno et al., 2011).

REFERENCES

1. Berg, P. (2003). EVA version 1.4. Evolutionary algorithm for mate selection. User's guide. Danish Institute of Agricultural Sciences, Foulum, Denmark.
2. Boichard, D. (2002). A Fortan package for pedigree analysis suited for large population. *Proceeding 7th World Congress Genetics Applied Livestock Production*. Montpellier, France. CD-ROM communication no.28-30.
3. Boichard, D., Maignel, L. & Verrier, E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Journal of Genetics Selselectin Evolution*, 29, 5-23.
4. Bozzi, R., Franci, O., Forabosco, F., Pugliese, C., Crovetti, A. & Filipini, F. (2006). Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information. *ITALIAN Journal of Animal Science*, 5, 129-137.
5. Caballero, A. & Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical Research*, 75, 331-343.
6. Cole, J. B., Franke, D. E. and Leighton, E. A. (2004). Population structure of a colony of dog guides. *Journal of Animal Science*, 82(10), 2906-2912.
7. Gutie´rrez, J. P., Altarriba, J., Dı´az, C., Quintanilla, R., Cano´n, J. & Piedrafita, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Journal of Genetics Selection Evolution*, 35,43–63.
8. Hagger C. (2005). Estimation of genetic diversity in the brown cattle population of Switzerland obtained from pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122, 405–413
9. Hammami, H., C. Croquet, J. Stoll, B. Rekik & N. Gengler. (2007). Genetic Diversity and Joint-Pedigree Analysis of Two Importing Holstein Populations. *Journal of Dairy Science*, 90,3530–3541.
10. Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representations in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8,111–123.
11. Marquez, G. C., S. E. Speidel, R. M. Enns, & D. J. Garrick. (2010). Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 88, 59–68.
12. MacCluer, J. W., Boyce, A. J. Dyke, B. Weitkamp, L. R. Pfennig, D. W. & Parsons, C. J. (1983). Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*, 74, 394-399.
13. Melka, M. G. & Schenkel, F. (2010). Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Canadian Journal Animal Science*. 331-340.
14. Meuwissen, T. H. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of Animal Science*, 75(4), 934:940.
15. Moreno, A., Salgado, C., Piqueras, P., Gutierrez, J. P., Toro, M. A., Ibanez-Escriche, N. & Nieto, B. (2011). Restricting inbreeding while maintaining selection response for weight gain in Mus Musculus *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128, 276-283.
16. Parland, S. MC., Kearney, J. F., Rath, M. & Berry, D. P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of irish dairy and beef cattle population. *Journal of Dairy Science*, 85,322-331.
17. Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrbabak, M., Sargolzaei, M. & Sorensen, A. C. (2010). Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of Dairy Science*, 93, 3294-3302.
18. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetics diversity. *Proceeding 8th world congress Genetics Applied Livestock Production*, CD-ROM communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18.

19. Sorensen, A. C., Sorensen, M. K., & Berg, P.(2005). Inbreeding in Danish cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 88, 1865-1872.
20. Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, M. & Schenkel, F. S. (2009). Rate of Inbreeding and Genetic Diversity in Canadian Holstein Cattle. *Report presented at the DCBGC Meeting October 7th*, 2009.
21. Tohidi, R. (2000). Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression on production traits and breeding value in iranian Holstein. Tarbiat Modares University. Department of Animal Science, Tehran, Iran.