ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی

تألیف

دکتر کور اولدنبروک

ترجمه

دکتر شهاب‌الدین قره‌ویسی	استادیار گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد قائم‌شهر
مهندس مرتضی صالحی‌نژاد	کارشناس ارشد علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد قائم‌شهر
مهندس نجمه نجفی	کارشناس ارشد علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد قائم‌شهر
دکتر سیدضیاءالدین میرحسینی	دانشیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان
دکتر علیرضا صیداوی	استادیار گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت

پیش‌گفتار مترجمان

در هزاره جدید سرعت افزایش دانش بشر روند اعجاب‌انگیزی یافته و کاروان دانش بشر شتابان در پی درک مفاهیم نوینی در حوزه‌های مختلف علوم است. در این وادی دانش ژنتیک و تنوع زیستی اهمیت بسیار زیادی دارد. امروزه سهم بالایی از پژوهش‌ها و مطالعات نوین به حوزه ژنتیک و حفظ تنوع زیستی ذخایر ژنتیکی اختصاص یافته است. فشار فزاینده‌ای که بر منابع در دسترس بشر وارد می‌آید تا نیازهای غذایی مردم جهان تأمین شود، سبب شده است دانشمندان به دنبال بهره‌گیری مداوم از پتانسیل شگرف ذخایر ژنتیکی موجودات زنده به‌ویژه حیوانات اهلی سرتاسر دنیا باشند تا بتوانند پاسخگوی نیازهای روزافزون بشر شوند.

کتاب «ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی» نگاهی جدید و جامع به حوزه تنوع زیستی، تنوع ژنتیکی و بانک ژن ذخایر ژنتیکی دام‌های اهلی داشته و یکی از بهترین و کامل‌ترین کتاب‌های مرجع در این زمینه است. پس از تألیف این کتاب، استقبال بسیار خوبی از آن در دانشگاههای معتبر دنیا شد و در بسیاری از دانشکده‌ها و مراکز پژوهشی معتبر دنیا مورد استفاده قرار گرفت و مطالعه آن به‌عنوان منبع و مرجع مهمی برای مطالعه مباحث مرتبط با ژنتیک کمّی و اصول حفظ ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی به پژوهشگران و دانشجویان مقاطع کارشناسی، کارشناسی ارشد و دکتری توصیه شد. از سویی دیگر، پژوهشگران و دانشجویان کشور عزیز ما ایران هم به کتابی مرجع که مباحث جدید تنوع ژنتیکی و نحوه حفظ و استفاده از آن را به‌طور جامع دربرگرفته باشد و هم‌چنین در آن مفاهیم نوین ژنتیک کمّی، بانک ژن و ذخایر ژنتیکی در حیوانات اهلی را به‌صورت دقیق و علمی با زبانی ساده و شیوا بیان کند، نیاز روزافزونی داشتند. بر این اساس و با توجه به این‌که مترجمان خود از اساتید و پژوهشگران حوزه علوم دامی هستند، اقدام به ترجمه این کتاب نمودند. حاصل این تلاش اینک پیش روی خوانندگان عزیز قرار دارد. مترجمان آرزو می‌کنند این کتاب بتواند راهگشای دانشجویان و پژوهشگران جوان کشور که مشتاق دریافت اطلاعات جدید و به‌روز از اصول نوین حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی دام و طیور هستند بوده و نیز بتواند آتشی در دل مشتاقان این مرز و بوم بگشاید تا با مطالعه بیشتر و دیدگاهی علمی‌تر، دستاوردهای این بخش را در ایران اعتلا بخشیده و با انجام پژوهش‌هایی جدید و همگام با محققان و اساتید دانشگاهها و مراکز پژوهشی معتبر بین‌المللی، نام میهن عزیزمان را بر تارک دنیا ثبت نمایند.

سخن آخر این‌که مترجمان وظیفه خود می‌دانند از کلیه اساتید و پژوهشگرانی که با ارایه رهنمودهای خود ما را در ارایه بهتر این اثر یاری رساندند سپاسگزاری کنند و مشتاقانه آماده دریافت نظرات و پیشنهادات سازنده آن‌ها برای بهبود کیفی اثر در چاپ‌های آتی هستند. اجر معنوی این اثر را به روح پاک مادر گرامی جناب آقای دکتر علیرضا صیداوی که ناباورانه در سرزمین وحی به دیار باقی شتافتند تقدیم کرده و برای آن عزیز از دست رفته طلب آمرزش و غفران الهی می‌کنیم.

مترجمان

پیش‌گفتار مؤلف

تنوع ژنتیکی در گونه‌ها و نژادهای حیوانات اهلی منبع ارزشمندی در سیستم‌های پرورش دام و طیور محسوب می‌شود. از بین گونه‌های مختلف مورد استفاده در پرورش دام و طیور، به دلایل مختلف فقط چند نژاد خاص برای تولید در سطح تجاری مورد توجه قرار می‌گیرند. سایر نژادها در معرض بی‌توجهی قرار دارند؛ مگر این‌که کارکرد جدیدی برای این نژادها پیدا شود. این موضوع تهدیدی جدی برای تنوع ژنتیکی در گونه‌های حیوانات اهلی محسوب می‌شود. در گونه‌های مختلف حیوانات اهلی، مقدار زیادی تنوع ژنتیکی در داخل نژادها وجود دارد. این تنوع در جمعیت‌های تجاری به‌خاطر فشار انتخاب شدید، در معرض خطر قرار دارد.

در سال ۱۹۹۲ میلادی دومین کنفرانس سازمان ملل متحدد درباره محیط زیست و توسعه در ریودوژانیروی برزیل برگزار شد و بر اهمیت تنوع ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی در قالب پیمان آگندا ۲۱ و پیمان تنوع زیستی تأکید شد. در این پیمان به لزوم افزایش آگاهی عامه مردم راجع به حفاظت و استفاده مناسب از ذخایر ژنتیکی اشاره شده و بر نقش سهام‌داران مختلف که با ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی مرتبط‌اند تأکید شده است: دامداران و سازمان‌های دامپروری، سازمان‌های دولتی، شرکت‌های اصلاح نژاد، مؤسسات آموزشی- پژوهشی، و سازمان‌های اصلاح نژاد تفننی. فعال شدن این زنجیره منجر به افزایش علاقه و فعالیت‌ها و در نتیجه حفظ و استفاده مناسب از نژادهای در معرض خطر خواهد شد.

این کتاب چشم‌اندازهای حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی را دراختیار طیف وسیعی از علاقه‌مندان این حوزه قرار می‌دهد. کاربرد ژنتیک جمعیت، ژنتیک مولکولی و ژنتیک کمّی در برنامه‌های حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی در این کتاب مطرح شده است. این کتاب می‌تواند به‌عنوان منبع درسی برای دانشجویان مقاطع مختلف تحصیلی مورد استفاده قرار گیرد. برخی از فصول این کتاب می‌تواند در مقطع کارشناسی تدریس شود؛ اما فصل‌های فنی و تخصصی‌تر عموماً مناسب مقاطع تحصیلی کارشناسی ارشد و دکتری تخصصی هستند. دو فصل اول این کتاب اختصاص به تبیین مبانی و تصمیم‌گیری درباره حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی دارد. فصل سوم درباره روش‌های مختلف درک و مشاهده تنوع داخل گونه‌ها صحبت می‌کند. در فصل چهارم روش‌های تئوری حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی مطرح شده است. فصل‌های پنج، شش و هفت مبانی نظری لازم برای اتخاذ تصمیم‌های درست در این حوزه را مورد بحث قرار می‌دهد و در فصل‌های هشت و نه نیز کاربردهای عملی طرح‌های حفظ تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنتیکی بیان شده است.

در سال ۱۹۹۸ میلادی مؤلف این کتاب، کتاب دیگری تحت عنوان «بانک‌های ژن و حفاظت از ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی» تألیف نمود. این کتاب در قالب نتایج پروژه اتحادیه اروپا درباره نقش مواد ژنتیکی ذخیره شده در برنامه‌های اصلاح دام تألیف شده بود. در سال ۲۰۰۶ میلادی تصمیم گرفته شد این کتاب بازنویسی شود؛ زیرا پیشرفت‌های زیادی در بین سال‌های ۱۹۹۸ تا ۲۰۰۶ میلادی در این زمینه و به‌ویژه در مورد روش‌ها و مفاهیم حفظ ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی و نیز استفاده مناسب از این منابع ژنتیکی صورت گرفته بود.

هدف این کتاب ارایه روش‌های کاربردی در سطح جهانی به‌جای ارایه روش‌های مختص اتحادیه اروپا است. اطلاعات همه فصل‌های کتاب به روز شده و مطالب جدیدی به آن افزوده شده است. هم‌چنین بر خلاف کتابی که در سال ۱۹۹۸ منتشر شد، در این کتاب فصل جدیدی درباره مفهوم تنوع ژنتیکی وجود دارد که مروری بر مقالات و مطالب منتشر شده درباره اهلی شدن حیوانات، فواصل نژادها و استفاده از آن‌ها است. یک فصل هم اختصاص به مبانی تئوری و کاربردهای سهم ژنتیکی داشته و فصل آخر هم درباره کاربردهای عملی استفاده و مدیریت مناسب ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی است.

تألیف این کتاب مرهون حمایت مرکز منابع ژنتیکی هلند و حمایت مالی وزارت کشاورزی، منابع طبیعی و کیفیت غذایی هلند است و از آن‌ها سپاسگزاری می‌شود.

کور اولدنبروک

فهرست مطالب

	صفحه
پیش‌گفتار مترجمان	۳
پیش‌گفتار مؤلف	۵
فهرست مطالب	۷
فصل اول: مقدمه	۱۷
خلاصه	۱۷
۱- چالش‌های تولید غذا در دامداری‌ها	۱۸
۲- چالش‌های دامداری‌ها	۱۹
۳- نتایج استفاده از گونه‌ها و نژادها	۲۰
۱-۳- گاو	۲۱
۲-۳- گوسفند	۲۲
۳-۳- بزها	۲۲
۴-۳- خوک‌ها	۲۲
۵-۳- طیور	۲۳
۶-۳- اسب	۲۳
۷-۳- تهدید ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی	۲۴
۴- اهمیت تنوع ژنتیکی حیوانات گله و اهداف نگهداری آن	۲۴
۱-۴- فرصت‌هایی برای تأمین مطالبات آتی بازار	۲۵
۲-۴- بیمه در برابر تغییرات آتی شرایط تولید	۲۵
۳-۴- بیمه در برابر از دست دادن منابع با ارزش استراتژیک بالا	۲۵
۴-۴- ایجاد فرصت برای تحقیق و پژوهش	۲۵
۵-۴- ارزش اجتماعی- اقتصادی کنونی	۲۶
۶-۴- دلایل تاریخی و فرهنگی	۲۶
۷-۴- ارزش‌های بوم‌شناختی	۲۶
۵- تاریخچه اقدامات برای توقف کاهش تنوع ژنتیکی در سطوح منطقه‌ای و جهانی	۲۷
۶- تهدیدها و فرصت‌های فراروی منابع ژنتیکی حیوان مزرعه	۲۸

۱-۶- تهدیدها ۲۸
۲-۶- فرصت‌ها ۲۹
۷- روش‌های به کارگرفته شده برای حفاظت ۳۰
۸- سهام‌داران برای برنامه‌های حفظ و نگهداری *in vivo* و *in vitro* ۳۱
۱-۸- حکومت‌های ملی ۳۱
۲-۸- مؤسسات آموزشی و پژوهشی ۳۲
۳-۸- سازمان‌های غیر دولتی (NGOها)، دامداران پاره وقت و افرادی که به‌صورت تفننی به این کار می‌پردازند ۳۳
۴-۸- اتحادیه‌های دامی، دامداران و مرتع‌داران ۳۳
۵-۸- شرکت‌های اصلاح نژاد دام ۳۴
منابع ۳۶

فصل دوم: سازوکارهایی برای حرکت از حفظ و نگهداری تا بهره‌برداری ۳۹
خلاصه ۳۹
۱- اهداف حفاظت و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی ۴۰
پی‌نوشت ۱-۲- روشی برای ارزیابی ارزش فرهنگی نژادها ۴۱
۲- روش‌ها ۴۱
۳- راه‌هایی برای بهره‌برداری از نژادهای بومی ۴۵
۱-۳- تعیین عملکرد اقتصادی نژاد ۴۷
پی‌نوشت ۲-۲- استفاده از مراتع مرتفع به وسیله گاوهای منطقه تارن‌تایس و آبون‌دانس: نمونه‌ای از بروز عملکرد نژادها در یک محیط خاص ۴۸
۲-۳- بهبود زیرساخت‌ها و همکاری‌های فنی ۴۹
۳-۳- پیشرفت ژنتیکی ۴۹
۴-۳- بهینه‌سازی سیستم تولید ۵۰
۵-۳- توسعه فعالیت‌ها برای افزایش ارزش بازار محصولات نژادهای بومی ۵۱
۱-۵-۳- رابطه بین محصولات و نژادها ۵۱
پی‌نوشت ۳-۲- برخی فراورده‌های منحصر به فرد نژادهای بومی: پنیرهای پارمیگیانو رگیانو از گاو نژاد رگیانا ۵۲
پی‌نوشت ۴-۲- برخی فراورده‌های منحصر به فرد نژادهای بومی: اسکایر، محصول گاو شیری نژاد ایسلندی، میراثی از وایکینگ‌ها ۵۲

پی‌نوشت ۵-۲- بوقلمون‌های استاندارد آمریکایی: نمونه‌ای از استفاده از ذخایر ژنتیکی برای توسعه غذای تاریخی خاص ۵۳
۲-۵-۳- محصولات فرهنگی و اکولوژیکی نژادها ۵۴
پی‌نوشت ۶-۲- مدیریت اکوسیستم و چرا در مراتع ۵۶
۶-۳- مشوق‌ها ۵۶
۴- حفاظت به کمک انجماد ۵۷
۱-۴- کدام حیوانات اهلی اعطاکننده (دهنده) هستند؟ ۵۸
۲-۴- چه تعداد حیوان اهلی اعطاکننده (دهنده) لازم است؟ ۶۰
۳-۴- چه نوع و چه مقدار مواد ژنتیکی باید ذخیره شود؟ ۶۰
پی‌نوشت ۷-۲- ایجاد یک بانک ژن برای کاهش خطرات مربوط به ریشه‌کنی بیماری جرب ۶۴
پی‌نوشت ۸-۲- مقدار مواد ژنتیکی که باید در بانک ژن ذخیره شود تا یک نژاد بازسازی شود ۶۵
۵- هزینه‌ها ۶۷
۶- تصمیم‌گیری ۶۹
۱) کدام روش حفظ و نگهداری را باید برای یک نژاد به‌کار برد؟ ۷۰
۲) رتبه‌بندی روش‌ها را از نظر کارایی در رسیدن به اهداف حفظ و نگهداری ۷۰
۳) رتبه‌بندی روش‌ها از نظر خطر عدم موفقیت ۷۱
۴) رتبه‌بندی روش‌ها از نظر هزینه ۷۱
۵) انتخاب شیوه ۷۱
منابع ۷۳

فصل سوم: تنوع ژنتیکی چیست؟ ۷۷
خلاصه ۷۷
۱- مقدمه ۷۸
۲- زیرجمعیت‌ها و نیرو(فشار)های تکاملی ۷۹
پی‌نوشت ۱-۳- نژاد چیست؟ ۸۱
پی‌نوشت ۲-۳- اهمیت تنوع نژادها به‌خاطر تنوع در عملکرد آن‌ها است ۸۲
۳- استفاده از شجره برای اندازه‌گیری تنوع ۸۴

۴- اثر اطلاعات حاصل از DNA ۸۵
پی‌نوشت ۳-۳- ویژگی‌ها و مزایای انواع نشان‌گرهای DNA ۸۶
پی‌نوشت ۴-۳- انتظار از شجره و براورد DNA از آلل‌های مشترک ۹۰
۵- الگوهای ژنومی تنوع ۹۲
پی‌نوشت ۵-۳- کروموزوم‌ها و پیوستگی ۹۴
۶- اندازه‌گیری تغییرات در تنوع ۹۵
پی‌نوشت ۶-۳- ضرایب همخونی و مثال‌هایی برای آن ۹۷
۷- ارتباط تنوع با F و ΔF ۹۸
پی‌نوشت ۷-۳- محدودیت‌ها در اندازه‌های جمعیت مؤثر ۱۰۱
منابع ۱۰۲

فصل چهارم: نقش ژنومیکس در مطالعه تاریخچه اهلی شدن و سهولت در اصلاح دام ۱۰۵
خلاصه ۱۰۵
۱- اهلی شدن حیوانات ۱۰۶
۱-۱- اهلی شدن ۱۰۶
۱-۱-۱- چرا برخی گونه‌ها اهلی شدند و برخی‌ها اهلی نشدند؟ ۱۰۷
۱-۱-۲- آیا ژن‌هایی برای اهلی شدن وجود دارند؟ ۱۰۹
۱-۱-۳- اهلی شدن چندگانه در مقابل اهلی شدن یگانه ۱۱۰
پی‌نوشت ۱-۴- نشان‌گرهای مولکولی برای مطالعه اهلی شدن ۱۱۱
۱-۲- نژادها و پیشرفت‌های نوین ژنتیکی ۱۱۲
۲- چگونه وقایع تاریخی باعث تغییر در تنوع ژنتیکی نژادها شده است؟ ۱۱۴
۲-۱- اطلاعات نشان‌گرها و توالی ۱۱۴
۲-۲- تشخیص انتخاب ۱۱۵
۲-۳- روش‌های اصلی برای پیدا کردن انحرافات زیاد ۱۱۶
۲-۳-۱- آزمون لوونتین- کراکاور ۱۱۶
۲-۳-۲- تنوع توالی ۱۱۶
۲-۳-۳- عدم تعادل پیوستگی (لینکاژ) ۱۱۸

۲-۴- جاروب انتخابی ۱۱۸

۲-۵- انبساط و انقباض ۱۱۹

۲-۶- فرایند کوآلسنس ۱۲۰

پی‌نوشت ۲-۴- اصول کوآلسنس ۱۲۱

۲-۷- ایجاد یک ساختار مخفی در یک فراجمعیت به‌وسیله روش‌های توده‌ای ۱۲۲

۳- استفاده از تفاوت‌های بین نژادها ۱۲۳

۳-۱- پیش‌بینی هتروزیس با استفاده از فواصل ژنتیکی ۱۲۴

پی‌نوشت ۳-۴- مثالی درباره استفاده از روش‌های خوشه‌بندی ۱۲۴

۳-۲- تشخیص جایگاه ژنی صفات کمّی (QTL) ۱۲۶

۳-۲-۱- ژن‌های کاندید ۱۲۶

۳-۲-۲- پویش‌های ژنومی جمعیت‌های آمیخته ۱۲۸

پی‌نوشت ۴-۴- تشخیص QTL در یک طرح F2 ۱۳۰

۳-۲-۳- تهیه نقشه انتخاب برای QTL ۱۳۱

۳-۲-۴- تهیه نقشه QTL در جمعیت‌های مختلط و جوامع قرار گرفته در تنگنا ۱۳۲

۳-۳- وارد کردن ژن به یک نژاد ۱۳۳

۳-۴- انتساب حیوانات و محصولات دامی به نژادها ۱۳۵

۴- نتیجه‌گیری ۱۳۶

پی‌نوشت ۵-۴- قابلیت ردیابی در خوک‌های ایبری ۱۳۸

منابع ۱۳۹

فصل پنجم: محاسبه تنوع ژنتیکی در حیوانات اهلی ۱۴۷

خلاصه ۱۴۷

۱- مقدمه ۱۴۷

۱-۱- چرا تنوع ژنتیکی را اندازه‌گیری می‌کنیم؟ ۱۴۸

۱-۲- ملاحظات عملی در مطالعات مربوط به تنوع ژنتیکی ۱۴۹

۲- فواصل ژنتیکی، آماره F و خویشاوندی ۱۵۰

۲-۱- فواصل ژنتیکی ۱۵۱

پی‌نوشت ۱-۵- واصل ژنتیکی ۱۵۳

پی‌نوشت ۲-۵- ایجاد درخت فیلوژنی ۱۵۴

۲-۲- آماره F ۱۵۶

۲-۳- خویشاوندی و شباهت‌های ژنتیکی ۱۵۸

۲-۳-۱- شباهت‌های ژنتیکی ۱۵۹

۲-۳-۲- تصحیح برای آلل‌های با حالت مشابه ۱۶۱

پی‌نوشت ۳-۵- ارتباط بین فواصل ژنتیکی، ضرایب خویشاوندی و شباهت ۱۶۲

۲-۳-۳- هم‌تباری مولکولی ۱۶۳

۲-۳-۴- هموزیگوتی کنونی ۱۶۳

۲-۳-۵- حداقل میانگین شباهت ۱۶۳

۲-۳-۶- مدل‌های خطی- لگاریتمی ۱۶۴

۲-۳-۷- شباهت رانش با وزن معادل ۱۶۵

۲-۳-۸- روش‌های خودراه‌انداز در براورد ضریب خویشاوندی ۱۶۶

۲-۳-۹- مرئی‌سازی ۱۶۶

۳- تنوع‌های ویتزمن و دسته هسته ۱۶۷

۳-۱- تنوع ویتزمن ۱۶۸

پی‌نوشت ۴-۵- معیار ویتزمن برای ارزیابی‌های کامل تنوع ۱۶۹

۳-۲- تنوع دسته هسته ۱۷۰

۳-۳- دسته‌های هسته MVO و MVT ۱۷۱

۳-۳-۱- حداکثر واریانس در نتاج ۱۷۱

پی‌نوشت ۵-۵- تنوع داخل و بین جمعیت ۱۷۲

۳-۳-۲- حداکثر کل واریانس ۱۷۳

۴- فواصل ژنتیکی، خویشاوندی‌ها و تصمیماتی درباره حفاظت ۱۷۴

پی‌نوشت ۶-۵- نمونه‌ای از دسته‌های هسته MOV و MVT ۱۷۷

۵- نتیجه‌گیری و ملاحظات ۱۷۸

منابع ۱۸۰

فصل ششم: انتخاب نژادها برای حفظ ذخایر ژنتیکی ۱۸۵
خلاصه ۱۸۵
۱- مقدمه ۱۸۶
۲- فعالیت‌های حفاظتی چه اهدافی را دنبال می‌کنند؟ ۱۸۷
پی‌نوشت ۱-۶- چند مثال از نژادهایی که به خوبی سازش یافته‌اند و نژادهایی که صفات منحصر به فردی دارند ۱۸۸
۳- کدام گونه‌ها در برنامه‌های حفظ تنوع ژنتیکی مورد توجه هستند؟ ۱۹۰
۴- آیا سازوکار خطر برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟ ۱۹۰
۵- آیا سازوکار حداکثر تنوع برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟ ۱۹۳
پی‌نوشت ۲-۶- اهمیت نسبی تنوع ژنتیکی بین و درون نژادها ۱۹۳
پی‌نوشت ۳-۶- احتمال انقراض نژادها ۱۹۷
پی‌نوشت ۴-۶- مثال‌هایی از کاربرد سازوکار حداکثر تنوع ۱۹۸
پی‌نوشت ۵-۶- تخصیص بهینه منابع مالی برای نژادهای انتخاب شده جهت حفاظت ۱۹۹
۶- آیا سازوکار حداکثر استفاده (سودمندی) برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟ ۲۰۱
۷- جنبه‌های عملی در انتخاب نژادها کدام هستند؟ ۲۰۳
منابع ۲۰۵

فصل هفتم: سهم ژنتیکی و همخونی ۲۰۹
خلاصه ۲۰۹
۱- همخونی و نرخ همخونی ۲۱۰
۲- سهم ژنتیکی ۲۱۲
۳- حداقل‌سازی ΔF در برنامه‌های حفاظتی ۲۱۴
۱-۳- طرح‌های بهینه برای حداقل‌سازی ΔF ۲۱۵
۲-۳- روش کار ۲۱۶
۳-۳- مطالعات ژنومی ۲۱۸
۴- انتخاب ۲۱۹
پی‌نوشت ۱-۷- اصطلاح نمونه‌گیری مندلی ۲۲۰
۱-۴- سهم ژنتیکی بهینه: محدودیت ۲۲۱

۲-۴- سهم ژنتیکی بهینه: طرح ۲۲۱
۵- پیش‌بینی ΔF ۲۲۲
پی‌نوشت ۲-۷- ارتباط بین ΔF و سهم ژنتیکی ۲۲۵
پی‌نوشت ۳-۷- سهم ژنتیکی مورد انتظار در یک جمعیت با یک جنس ۲۲۷
۶- راهنمایی‌هایی برای بهترین عمل ۲۲۸
پی‌نوشت ۴-۷- یک نسل چقدر طول می‌کشد؟ ۲۳۱
منابع ۲۳۲

فصل هشتم: عملیات طرح‌های حفاظت ۲۳۵
خلاصه ۲۳۵
۱- چه مسایلی مهم هستند؟ ۲۳۶
۲- طرح‌های حفظ موجود زنده ۲۳۸
۱-۲- اندازه جمعیت مؤثر ۲۳۸
۱-۱-۲- تعداد جمعیت مؤثر در زمان انباشتگی نسل‌ها ۲۴۰
۲-۱-۲- طولانی شدن فاصله نسل‌ها ۲۴۱
۳-۱-۲- کنترل اندازه جمعیت مؤثر ۲۴۱
۲-۲- اصول مدیریت تنوع ژنتیکی ۲۴۲
۱-۲-۲- انتخاب جفت ۲۴۵
۲-۲-۲- انتخاب سهم بهینه و آمیزش هم‌تباری فاکتوریل- حداقل ۲۴۵
۳-۲-۲- آمیزش تصادفی- غیرخویشاوندی ۲۴۶
پی‌نوشت ۱-۸- آمیزش هم‌تباری فاکتوریل- حداقل ۲۴۶
۳-۲- انتخاب و آمیزش برای رسیدن به حداقل همخونی ۲۴۸
۱-۳-۲- انتخاب سهم بهینه برای حداقل کردن میزان همخونی ۲۴۸
۲-۳-۲- آمیزش ۲۴۹
پی‌نوشت ۲-۸- انتخاب سهم بهینه برای حداقل کردن همخونی ۲۵۰
۴-۲- انتخاب و آمیزش در جمعیت‌های کوچک ۲۵۰
۱-۴-۲- انتخاب فنوتیپی ۲۵۱

۲-۴-۲- انتخاب سهم بهینه ۲۵۲

پی‌نوشت ۳-۸- شاخص انتخاب بهره ژنتیکی مطلوب ۲۵۳

۳-۴-۲- آمیزش ۲۵۴

۵-۲- انتخاب بین نژادها ۲۵۵

۱-۵-۲- تعداد بسیار کم برای اجتناب از مقادیر بیش ازحد همخونی ۲۵۵

پی‌نوشت ۴-۸- انتخاب سهم بهینه برای اصلاح ژنتیکی ۲۵۵

۲-۵-۲- وقتی‌که برای ارایه یک طرح اصلاحی رقابتی تعداد افراد بسیار کم هستند ۲۵۶

الف- واردکردن ژن‌ها ۲۵۶

ب- ادغام با سایر نژادهای بومی در معرض خطر ۲۵۷

۶-۲- انتخاب به‌کمک نشان‌گر ۲۵۷

۱-۶-۲- تشخیص QTL ۲۵۷

۲-۶-۲- تجزیه و تحلیل پیوستگی- انتخاب به‌کمک نشان‌گر (LA-MAS) ۲۵۸

۳-۶-۲- عدم تعادل پیوستگی- انتخاب به کمک نشان‌گر (LD-MAS) ۲۵۸

۴-۶-۲- انتخاب به‌کمک ژن (GAS) ۲۵۹

۵-۶-۲- انتخاب ژنومی ۲۵۹

۶-۶-۲- حفاظت با کمک نشان‌گر ۲۶۰

۳- طرح‌های حفاظت از طریق انجماد ۲۶۰

۴- ادغام شیوه‌های حفاظت موجودات زنده و حفاظت از طریق انجماد ۲۶۱

۱-۴- جنبه‌های کلی ۲۶۱

۲-۴- طرح‌های حفاظت موجودات زنده با پشتیبانی مواد ژنتیکی منجمد ۲۶۲

۱-۲-۴- پشتیبانی در بلایای طبیعی ۲۶۲

۲-۲-۴- پشتیبانی در هنگام وجود مشکلات ژنتیکی ۲۶۴

۳-۴- طرح‌های حفاظت موجودات زنده به‌کمک مواد ژنتیکی منجمد ۲۶۵

۱-۳-۴- ذخیره‌سازی جنین‌ها ۲۶۵

۲-۳-۴- ذخیره‌سازی منی ۲۶۶

منابع ۲۶۹

فصل نهم: مفاهیم عملی برای بهره‌برداری و مدیریت ۲۷۳
خلاصه ۲۷۳
۱- مقررات جهانی موجود ۲۷۴
پی‌نوشت ۱-۹- پیمان تنوع زیستی ۲۷۵
پی‌نوشت ۲-۹- پیمان حقوق مالکیت فکری مربوط به فعالیت‌های تجاری سازمان تجارت جهانی ۲۷۷
۲- یک نمونه از طرح اجرایی ملی جهت بهره‌برداری و مدیریت ۲۷۹
پی‌نوشت ۳-۹- سازمان جهانی حقوق مالکیت فکری ۲۷۹
۳- ملاحظات اقتصادی ۲۸۲
۴- شاخص‌هایی برای مدیریت پایدار ۲۸۵
۱-۴- بهره‌برداری و حفاظت از تنوع ژنتیکی ۲۸۵
۲-۴- هدف اصلاح نژاد پایدار به‌عنوان هدف انتخاب ۲۸۸
۳-۴- در نظر گرفتن واکنش متقابل ژنتیک و سیستم‌های تولیدی ۲۸۹
۴-۴- سلامت و امنیت غذایی ۲۹۰
۵-۴- تأثیر بر محیط ۲۹۱
۵- نقش نظارتی مدیران ملی ۲۹۱
۶- طرح‌های اصلاح نژادی پایدار ۲۹۲
۷- خط‌مشی‌های آینده‌ی ذخایر ژنتیکی حیوانی ۲۹۳
پی‌نوشت ۴-۹- فهرست ارزیابی طرح‌های اصلاح نژادی پایدار ۲۹۳
۸- مباحث پایداری برای سهام‌داران متفاوت ۲۹۶
منابع ۲۹۷

فصل اول: مقدمه

کور اولدنبروک[1]
مرکز ذخایر ژنتیکی، هلند

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
چالش‌های تولید غذا در دامپروری چیست؟
تغییرات آتی دامپروری چیست؟
استفاده از گونه‌ها و نژادهای مختلف چه نتایجی دارد؟
چرا تنوع ژنتیکی دام‌ها اهمیت دارد؟
چه ابتکاراتی در سطوح جهانی و منطقه‌ای برای جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی انجام شده است؟
تهدیدها و فرصت‌های منابع ژنتیکی دام‌ها چیست؟
کدام یک از روش‌های محافظت می‌تواند به کار رود؟
سهام‌داران عام کدام هستند و چه فعالیت‌هایی را توسعه می‌دهند؟

خلاصه

در این فصل چالش‌های تولید غذا توسط دام‌ها با توجه به رشد جمعیت جهان و تغییر الگوی مصرف شرح داده می‌شود. این چالش‌ها از طریق اصلاح نژاد تعداد محدودی از نژادهای برخی از گونه‌ها و اعمال شدت‌های انتخاب بالا در داخل این نژادها حل شده و صنعت دامپروری توسعه یافته است. تنوع ژنتیکی (که شامل مؤلفه‌های بین و داخل نژادها است) مورد تهدید است. تهدید ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی و پیامدهای آن در گونه‌های مختلف فرق می‌کند. تنوع ژنتیکی باید برای حفظ قابلیت انعطاف دامپروری و برای حمایت از توسعه رو به رشد مناطق روستایی حفظ شود. در این فصل فعالیت‌های جهانی و منطقه‌ای برای حفاظت و استفاده از منابع ژنتیکی دام‌ها به طور خلاصه بیان شده و روش‌های مورد استفاده توضیح داده

[1] Kor Oldenbroek; Center for Genetic Resources, The Netherlands, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands

شده‌اند. گروه‌های مختلف سهام‌داران می‌توانند نقش مهمی در خنثی کردن تهدیدها و استفاده از فرصت‌ها برای حفظ و نگهداری تنوع ژنتیکی بازی کنند.

۱- چالش‌های تولید غذا در دامداری‌ها

چالش اصلی برای تهیه خوراک در دامداری، رشد فزاینده‌ی جمعیت انسانی از شش میلیارد نفر (در حال حاضر) به نه میلیارد نفر (در سال ۲۰۵۰ میلادی) است. ریشه‌کنی فقر و گرسنگی به عنوان نخستین هدف هزاره توسط سازمان ملل متحد در سال ۲۰۰۰ میلادی مطرح شد. پنج سال پس از پذیرفتن این هدف، می‌توان نتیجه گرفت که در این رابطه توفیق اندکی حاصل شده و در نتیجه‌ی آن در قاره آسیا، کشورهای چین و هند تا حدودی توسعه یافته‌اند (سازمان ملل متحد، ۲۰۰۵). اما میلیون‌ها انسان در آفریقا و جنوب آسیا، جایی که در آن نصف کودکان زیر پنج سال از سوء تغذیه رنج می‌برند، در فقر فرورفته‌اند.

دامپروری‌ها به‌واسطه تولید غذای با کیفیت، نقش مهمی در کشاورزی دارند. در کشورهای توسعه یافته با مصرف بیش‌تر گوشت، شیر و تخم‌مرغ، رفاه بیش‌تری ایجاد شده است. در کشورهای در حال توسعه، درآمد بخشی از هفتاد درصد روستاییان فقیر جهان (دو میلیارد نفر انسان) وابسته به دامداری بوده و این صنعت یک عامل مهم در امرار معاش آن‌ها است (هافمن[1] و چفر[2]، ۲۰۰۵). نه تنها گوشت، شیر و تخم مرغ دام و طیور، بلکه الیاف و کود (برای باروری گیاهان زراعی و سوخت) نیز استفاده می‌شوند. علاوه بر این، فعالیت‌های فرهنگی و اجتماعی نظیر پس‌اندازها ، هدایا و جشن‌ها و جهیزیه به نوعی وابسته به دام و طیور است.

در کشورهای توسعه یافته چالش‌های فراروی تولید خوراک در دامداری‌ها عبارتند از کیفیت و سلامت آن برای حفظ سلامتی انسان، رفاه حیوانات در سیستم‌های متمرکز و استفاده قابل قبول از منابع دامی. در کشورهای درحال‌توسعه هم چالش‌ها عبارتند از افزایش تولید شیر، گوشت و تخم‌مرغ برای از بین بردن شکاف بزرگ بین عرضه و تقاضا. البته بهره‌برداری بهینه و مدیریت منابع ژنتیکی دام و طیور، نقطه مشترک فراروی این چالش‌ها در کشورهای توسعه یافته و در حال توسعه است.

[1] Hoffmann
[2] Scherf

۲- چالش‌های دامداری‌ها

بین سال‌های ۱۹۹۵ تا ۲۰۰۴ میلادی تولید جهانی شیر با ۱۵ درصد، تولید تخم مرغ با ۳۵ درصد و تولید گوشت با ۲۵ درصد افزایش روبه رو بوده‌اند (روساتی[1] و همکاران، ۲۰۰۵). رشد تولید اغلب در کشورهای با رشد سریع دامداری تحقق یافته است که شامل برزیل، چین، مکزیک، تایلند و چند کشور اروپای شرقی است (بانک جهانی[2]، ۲۰۰۵). به طور کلی این افزایش در تولید به‌وسیله تغییر مدیریت دامداری‌ها به سمت روش ورودی زیاد- خروجی زیاد[3] محقق شده است. منابع ژنتیکی برای این سیستم‌های تولید متمرکز تنها تعدادی نژاد و لاین هستند که به‌وسیله تعداد محدودی از شرکت‌های اصلاح نژادی چند ملیتی توسعه یافته است. تاکنون نژادها و لاین‌های زیادی توسعه یافته‌اند که در کنار زنجیره تولید غذا، در افزایش تولید دامداری و تقویت فعالیت‌های اصلاح نژادی نقش زیادی دارند.

سازمان ملل متحد برای جلب توجه عامه مردم نسبت به تهدیدهای فراروی منابع ژنتیکی، «گزارشی از جایگاه منابع ژنتیکی حیوانات سراسر دنیا» را تهیه کرد. گزارش‌های تک تک کشورها، که وضعیت سیستم‌های پرورش حیوانات اهلی و نحوه استفاده و نگهداری از نژادها را در هر یک از این کشورها توصیف می‌کنند، توسط دولت‌ها و بنا به درخواست سازمان خواروبار کشاورزی (فائو[4]) برای تشریح جایگاه منابع ژنتیکی حیوانات و تسهیل تدوین طرح‌های منطقه‌ای، ملی و جهانی جهت بهره‌برداری و نگهداری پایدار منابع ژنتیکی ارایه شد. تا سال ۲۰۰۶ میلادی، گزارش‌های ۱۶۹ کشور ارایه شد (فائو، ۲۰۰۶).

با بررسی ۱۴۸ گزارش کشورهای مذکور تا اواسط سال ۲۰۰۵ میلادی (اولدنبروک، ۲۰۰۶)، وجود اختلافات اساسی بین کشورها در زمینه توسعه سیستم‌های پرورش حیوانات اهلی مشخص شد. می‌توان چنین استنباط کرد که سیستم‌های پرورش حیوانات اهلی در این مقطع در سراسر دنیا بسیار پویا بوده‌اند. چهار منطقه جهان شامل آفریقا، آسیا، اروپا و منطقه موسوم به دنیای جدید[5] در این بررسی مورد استفاده قرار گرفتند. منطقه دنیای جدید شامل آمریکا و نواحی اقیانوس جنوب غربی است.

---

[1] Rosati
[2] World Bank
[3] High-Input & High-Output
[4] FAO
[5] New World

با توجه به رشد فزاینده‌ی جمعیت در کشورهای آفریقایی و آسیایی، نیاز به افزایش دویست درصدی در تولید غذا طی پانزده سال آینده وجود دارد (هافمن و چفر، ۲۰۰۵). در بسیاری از این کشورها فشار زیادی روی زمین وجود دارد. این کشورها همگی نیازمند افزایش کارایی سیستم‌های تولید غذا به‌خصوص بهبود کیفیت دام و طیور هستند. به‌طور کلی در آسیا این مراحل ارتقا و پیشرفت ژنتیکی سریع‌تر از آفریقا است. بسیاری از کشورهای آفریقایی در حال مبارزه با فقر شدید و بیماری ایدز هستند که توسعه‌ی اقتصادی آن‌ها را مختل می‌کند. در اروپا وجود برخی محدودیت‌های محیطی و تولیدی، هزینه‌های تولید را افزایش داده، خودکفایی و تغییرات ایجاد شده در دامداری‌ها را محدود می‌کند. بخش زیادی از زمین برای زراعت استفاده نشده و رها می‌گردد. امروزه سیستم‌های غیر فشرده نظیر کشاورزی ارگانیک معرفی شده‌اند و در حال رشد هستند. برخی کشاورزان هم به صورت پاره وقت و تفننی دام و طیور را در مناطق روستایی پرورش می‌دهند. در منطقه دنیای جدید، ساختار زراعی به‌طور مشخص دارای مزارع بزرگ با حیوانات زیاد، رشد اقتصادی، کارایی زیاد تولید و بازارهای مناسب برای صادرات است. این امر موجب تحریک در افزایش تولیدات دامی می‌شود. البته لازم است همه قسمت‌های زنجیره تولید به‌خوبی محافظت شود. هرچند در این‌جا تولیدات دامی صنعتی شده است؛ اما در کشورهای کم‌تر توسعه یافته همین منطقه‌ی دنیای جدید، هنوز امرار معاش با کشاورزی هنوز اهمیت زیادی دارد.

۳- نتایج استفاده از گونه‌ها و نژادها

چشم‌انداز مربوط به یک نژاد بستگی به گستردگی و عملکرد آن نژاد در دامداری‌ها دارد (اولدنبروک، ۲۰۰۶). تغییر سیستم‌های دامپروری ممکن است اثر زیادی بر نحوه‌ی استفاده از نژادها داشته باشد. توسعه‌ی دامداری‌ها تحت تأثیر برخی عوامل داخلی و خارجی است:

- وجود اکوسیستم‌های مناسب برای تولید دام؛
- سیاست‌های کشور برای استفاده از دام‌ها؛
- شیوع یا طغیان بیماری‌ها؛
- پایداری سیاسی؛
- زیرساخت‌های در دسترس؛
- امکانات برای معرفی نژادهای بیگانه؛

- رشد جمعیت انسانی؛
- رشد اقتصادی کشور؛
- امکان آموزش منابع انسانی؛
- امکانات برای سرمایه‌گذاری در سیستم‌های پرورش و اصلاح دام؛
- بازار و امکانات صادرات برای محصولات دامی؛

۱-۳- گاو

بازدهی زیاد گاوداری‌ها ناشی از انتخاب برای نژادهای گوشتی و شیری و استفاده از منابع ژنتیکی است. اصلاح دام نوین در گاو شیری آغاز شده و بسیاری از کشاورزان و پرورش دهندگان گاو شیری در فعالیت‌های اصلاح دام مشارکت گسترده‌ای دارند. در سطح جهانی، انتخاب نژادها برای ایجاد صفات و تبادل اسپرم از بهترین گاوهای نر، منتهی به کاهش اندازه جمعیت مؤثر در بسیاری از نژادهای گاو شیری شده و خطر واقعی از دست رفتن تنوع ژنتیکی درون این نژادها دیده می‌شود.

در تولید شیر، نژاد هلشتاین نژاد غالب دنیا است و در بخش گاوهای گوشتی هم نژاد گاوهای فرانسوی با کسب موقعیت مشابه در آینده، نژاد غالب هستند و بر موقعیت گاوهای بریتانیایی غلبه کرده‌اند. در بسیاری از کشورها، از این نژادهای خاص برای ایجاد نژادهای دورگه استفاده می‌شود تا عملکرد دام‌های بومی را بهبود بخشند. موقعیت‌های موجود در سیستم‌های پرورش نژاد، توسعه بیش‌تری یافته و امروزه جمعیت بومی و غیر بومی در کنار هم حفظ و نگهداری می‌شوند. اکنون در بسیاری از کشورها، نژادهای چندمنظوره برای کشاورزی ارگانیک مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در تمام دنیا از برنامه‌های حفظ تنوع ژنتیکی و نگهداری ذخایر زیستی جهت توسعه بیش‌تر نژادهای بومی استفاده می‌کنند و نژادهای چند منظوره‌ای دارند. شیوه‌های تولیدمثل مصنوعی (از جمله همسانه‌سازی) و حفظ و نگهداری جنین، در این گونه‌ها توسعه بیش‌تری یافته و کار حفظ و نگهداری آن‌ها را آسان‌تر نموده است.

۲-۳- گوسفند

در کشورهای غنی از دام‌های اهلی در اروپا، آمریکای شمالی و استرالیا، تعداد گوسفندان در سال‌های اخیر کاهش یافته است. امروزه پشم گوسفند دارای ارزش اقتصادی کمی است که این موضوع یک تهدید برای برخی نژادها محسوب می‌شود. در اروپای شمالی و غربی، به‌نظر می‌رسد که در آینده از گوسفند تحت شرایط مدیریت طبیعی و مبتنی بر محیط زیست استفاده شود. این امر فرصت بزرگی برای برنامه‌های حفظ و نگهداری به‌صورت *in vivo* ایجاد می‌کند؛ زیرا گله‌های بزرگی به این منظور نیاز است که برای حفظ تنوع ژنتیکی وجودشان لازم است. در سیستم‌های پرورش در مقیاس کوچک و سیستم‌های نیمه فشرده در آفریقا، آسیا، شرق و جنوب اروپا، گوسفندان هنوز برای تولید شیر و یا گوشت بسیار حایز اهمیت هستند. در بسیاری از کشورها، گوسفندان برای جشن‌های مذهبی به‌کار می‌روند. این مسایل می‌توانند ضامن بهره‌برداری مداوم از این گونه باشد. به‌طور کلی در پرورش و اصلاح نژاد گوسفند از سیستم‌های جفت‌گیری طبیعی استفاده می‌شود. شیوه‌های تولیدمثل مصنوعی در گوسفند توسعه داده شده است که در تعداد کمی از کشورها مورد استفاده قرار می‌گیرد. به‌طور مثال در طرح‌های نر مرجع برای بهبود ارزیابی ارزش اصلاحی از این شیوه استفاده می‌شود.

۳-۳- بزها

بزها برای سیستم‌های پرورش در مقیاس کوچک جهت تولید شیر و گوشت ارزش دارند. ثبات تعداد آن‌ها و تنوع شرایطی که تحت آن بزها حفظ می‌شوند، ضامن بهره برداری مداوم از این موجودات است. این گونه‌ها با تهدید واقعی مواجه نیستند. به طور کلی در اصلاح نژاد و پرورش بزها از جفت‌گیری طبیعی استفاده می‌شود. شیوه‌های تولیدمثل مصنوعی هم برای بز توسعه داده شده است که در حال حاضر فقط کاربرد آزمایشی دارد.

٤-۳- خوک‌ها

در اروپا، آمریکای شمالی و استرالیا تولید خوک به وسیله چندین شرکت چند ملیتی انجام می‌شود. با توجه به رقابت شدید در این صنعت، بسیاری از نژادها و لاین‌ها از نظر بازار تولید غذا غیر اقتصادی هستند. در بعضی از مناطق شامل اروپا، آفریقا و آمریکای شمالی هنوز

پرورش خوک‌های بومی رواج دارد. در آسیای شرقی، تعداد زیادی نژاد بومی خوک یافت می‌شود. سرعت صنعتی و تخصصی شدن این صنعت و کمبود فرصت برای حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی خوک‌ها به‌صورت *in vivo* بدان معناست که این گونه‌ها در برنامه‌های حفظ و نگهداری منطقه‌ای و ملی نیاز به توجه خاصی دارند. نطفه‌ی منجمد برای بهبود ژنتیکی و اصلاح نژاد خوک‌ها به‌کار گرفته می‌شود و نطفه و جنین منجمد هم برای تبادل منابع ژنتیکی بین شرکت‌های کشورهای مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرند.

۵-۳- طیور

اصلاح نژاد و تولید این گونه‌ها در میان تمام گونه‌های حیوانات، بیش از همه تخصصی و صنعتی شده است. این امر نشان‌دهنده شباهت این حرفه با تولید اصلاح نباتات است. در سطح جهان فقط تعداد محدودی از شرکت‌های چند ملیتی در امر فروش عمده آمیخته‌ها و جوجه‌های گوشتی فعال هستند. تعداد طیور در سطح جهان خیلی سریع افزایش یافته است که عموماً به علت بازاریابی فعال صاحبان صنعت طیور است. در کشورهای در حال توسعه، به علت این‌که پرورش طیور در مقیاس کوچک انجام شده و مردم محلی تمایل به مصرف گوشت طیور بومی دارند، منابع ژنتیکی طیور از اهمیت بالایی برخوردار است. در کشورهای توسعه یافته، عده ای از مردم از طیور جهت سرگرمی نگهداری می‌کنند که شاید یک فرصت برای حفاظت از منابع ژنتیکی باشد. روش‌های تولیدمثل مصنوعی در طیور به‌خوبی توسعه یافته‌اند. اما حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی به‌وسیله انجماد جنین یا سلول‌ها هنوز باید توسعه داده شود.

٦-۳- اسب

در گذشته از اسب برای حمل و نقل و کار در مزارع استفاده می‌شد. ماشینی شدن حمل و نقل و امور زراعی سبب شد که امروزه اکثر اسب‌ها فقط برای سرگرمی و اهداف ورزشی، اصلاح نژاد شوند. این امر به‌عنوان صنعتی مفرح که پایگاه مهمی دارد، توسعه یافته است. تنوع اهداف سبب حفظ تنوع ژنتیکی درون گونه‌ها می‌شود. در کل تنوع ژنتیکی بین نژادهای اسب به‌خاطر استفاده گسترده از تعداد محدودی نریان محبوب، مورد تهدید قرار گرفته است. نژادهای سنگین که در اصل برای اهداف فوق اصلاح شده‌اند، در معرض خطر هستند. در بعضی

کشورها از آن‌ها هنوز برای تولید گوشت استفاده می‌شود. روش‌های تولیدمثل مصنوعی (از جمله همسانه‌سازی) و شیوه‌های حفظ و نگهداری مواد ژنتیکی که در این گونه بسیار خوب توسعه یافته‌اند، حفاظت و نگهداری از منابع ژنتیکی را آسان می‌سازد.

۷-۳- تهدید ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی

از بخش‌های قبلی می‌توان نتیجه‌گیری کرد که میزان تهدید ناشی از کاهش تنوع ژنتیکی در بین گونه‌های مختلف حیوانات اهلی متفاوت است. در سطح جهان تهدیدات فراروی بز اهمیت کمی دارد و بر عکس این خطر برای خوک بسیار شدید است. در خوک، طیور و گاو فقط تعداد کمی نژاد یا لاین در سیستم‌های پرتولید توسعه یافته‌اند. تعداد زیادی از نژادها در چرخه تولید غذا قرار ندارند. این نژادها با انقراض روبرو خواهند شد؛ مگر این‌که کارایی‌های جدیدی برای آن‌ها به‌وجود آید. این یک تهدید جدی برای تنوع ژنتیکی درون گونه‌ها است (فصل ۳). در گونه‌های حیوانات اهلی مقداری تنوع ژنتیکی به‌صورت ذاتی درون نژادها وجود دارد. در جمعیت‌های تجاری گاو، خوک و طیور این تنوع ممکن است تحت تأثیر انتخاب شدید مورد تهدید قرار گیرد.

٤- اهمیت تنوع ژنتیکی حیوانات گله و اهداف نگهداری آن

تنوع ژنتیکی درون یک گونه حیوان اهلی، منبعی برای اعمال تغییرات مورد نیاز در خصوصیات فتوتیپی جمعیت است. این خصوصیات به صورت کلی می‌توانند به صفات تولیدی (کمّی و کیفی) و صفات مربوط به شایستگی (سازگاری، تطبیق، باروری و مقاومت به بیماری) دسته‌بندی شوند. تنوع ژنتیکی در صفات تولیدی، مبنای انتخاب مصنوعی در برنامه‌های اصلاح دام برای بهبود ژنتیکی جمعیت‌های آتی است. تنوع ژنتیکی در صفات شایستگی تحت تأثیر انتخاب مصنوعی در برنامه‌های اصلاح دام قرار می‌گیرد. برای نمونه انتخاب برای تولید شیر، اثری منفی روی باروری گاوهای شیری دارد. تنوع ژنتیکی هم مبنای انتخاب طبیعی است که سازگاری یک جمعیت با تغییرات محیطی را تسهیل می‌کند و هم مبنای انتخاب مصنوعی در جمعیت‌های تجاری. نژادها علاوه بر این‌که منبع تنوع ژنتیکی هستند، می‌توانند ارزش‌های دیگری هم داشته باشند. اولین مورد حفظ فرصت‌هایی برای آینده است. سه مورد هم مربوط به استفاده از این نژادها در حال حاضر و در آینده است.

۱-٤- فرصت‌هایی برای تأمین مطالبات آتی بازار

در کشورهای موفق جهان، تقاضا برای غذاهای با منشأ دامی افزایش یافته است. در نتیجه، این موضوع منجر به ایجاد تنوع در سیستم‌های تولید دامی و محصولات دامی شده است. در کنار آن استفاده از حیوانات برای اهداف دیگر مانند دامداری تفننی و استفاده از حیوانات برای اهداف ورزشی (اسب) هم افزایش یافته است.

۲-٤- بیمه در برابر تغییرات آتی شرایط تولید

سیستم‌های پرتولید و فشرده با استفاده از مقادیر زیادی کود و کنسانتره شکل گرفته‌اند. در این سیستم‌ها، به معالجات دامپزشکی با داروها، پیشگیری و مباحث کلینیکی توجه زیادی می‌شود. آلودگی کشاورزی و مقاومت در مقابل داروها می‌تواند شرایطی ایجاد کند که مستلزم مصرف بیشتر خوراک و افزایش مقاومت به بیماری است. هم‌چنین با توجه به افزایش تغییرات در مواد بیولوژیکی میان مناطق مختلف جهان، بیماری‌های جدیدی بروز می‌کنند. حفاظت از تنوع ژنتیکی می‌تواند ما را در مقابل تغییرات آتی شرایط تولید یا تهدیدات ناشی از بیماری‌های جدید بیمه سازد.

۳-٤- بیمه در برابر از دست دادن منابع با ارزش استراتژیک بالا

وقایع اخیر نظیر بیماری‌ها، جنگ‌ها و توسعه جنگ‌افزارهای بیولوژیکی سبب به وجود آمدن آگاهی سیاسی در رابطه با ارزش منابع ژنتیکی که به صورت رایج در تولید غذا استفاده می‌شوند شده است. در صورت تخریب این منابع ژنتیکی، برای سرمایه‌گذاری در این بخش باید ماده اصلاحی از منابع خارجی تأمین شود. بانک ژن پشتیبانی برای مواد ژنتیکی است که به صورت رایج استفاده می‌شود. بانک ژن فرصتی برای شروع دوباره و کامل یک برنامه اصلاح نژادی است و از سیستم‌های تولید بومی حراست می‌کند.

٤-٤- ایجاد فرصت برای تحقیق و پژوهش

متخصصان ژنتیک مولکولی حیوانات اهلی به‌طور وسیعی در جستجوی ژن‌ها هستند. این ژن‌ها کمّیت و کیفیت تولیدات، سلامت و صفات تولیدمثلی حیوانات را تحت نفوذ خود دارند. در این جستجو تجزیه و تحلیل انواع نژادها و تلاقی بین نژادهای با خصوصیات دور از هم نقش

مهمی ایفا می‌کند. تلاقی بین نژادهای با خصوصیات دور از هم، دستیابی به مقدار زیادی هتروزیگوتی و عدم تعادل پیوستگی ژن را تضمین می‌کند که برای تشخیص ارتباط میان نشان‌گرهای چندشکلی و بررسی چند شکلی در جایگاه‌های ژنی صفات کمّی و کیفی ضروری است.

٤-٥- ارزش اجتماعی- اقتصادی کنونی

در بسیاری کشورها و مناطق جهان، نژادهای بومی باعث می‌شود بتوانیم در مناطق خشن و نامناسب (جایی که اجرای سیستم‌های دامداری فشرده عملی نیستند) زندگی و تولید کنیم. بعضی اوقات هم بنا به دلایل خاصی نژادهای محلی توسط گروه کوچکی از کشاورزان استفاده می‌شوند (به‌عنوان مثال کشاورزی بیولوژیک، چرای دام در مناطق حاشیه‌ای، و یا تولید محصولات محلی برای بازارهای خاص). توسعه برنامه‌های اصلاح نژادی در این نژادهای محلی (بومی) برای سازمان‌های اصلاح نژاد بسیار پرهزینه است. ارزش اجتماعی و اقتصادی فعلی که باعث ایجاد درآمد در جوامع انسانی کشورهای در حال توسعه و دامداران خرد مناطق روستایی کشورهای توسعه یافته (مثلاً آلپ در اروپا) شده است، سبب افزایش تمایل به افزایش محصولات بومی و برقراری برنامه‌های حفاظتی شده است.

٤-٦- دلایل تاریخی و فرهنگی

بسیاری از نژادها در نتیجه‌ی فرایندهای طولانی اهلی شدن و دوره زمانی طولانی سازگاری با شرایط محیطی محلی به وجود آمده‌اند. آن‌ها بیان‌گر تاریخچه طولانی همزیستی بشر و حیوانات اهلی بوده و می‌توانند به درک مراحل سازگاری کمک کنند. این اطلاعات برای مدیریت مؤثر دام‌ها در سیستم‌های تولید کنونی لازم است. به‌طور کلی این نژادها نسخه‌هایی از تاریخچه جوامع روستایی هستند و می‌توانند چگونگی زندگی گذشتگان را به ما نشان دهند.

٤-٧- ارزش‌های بوم‌شناختی

در کشورهای توسعه یافته، آگاهی عامه مردم از ارزش‌های بوم‌شناختی در حال رشد است. در این زمینه، حیواناتی که منشأ بومی دارند، اهمیت بوم‌شناختی زیادی دارند. در کنار آن این حیوانات می‌توانند به توسعه محصولات محلی و بهبود اوضاع اقتصادی منطقه کمک کنند.

۵- تاریخچه اقدامات برای توقف کاهش تنوع ژنتیکی در سطوح منطقه‌ای و جهانی

از نظر تاریخی بحث درباره حفاظت از منابع ژنتیکی تولیدات دامی در جهان، بعد از آغاز مباحث پیرامون گیاهان مطرح شد. هرچند پیش از این تلقیح مصنوعی گاو در نیمه‌ی قرن بیستم میلادی انجام شده بود و شرکت سوئدی AI-studs منی گاوهای استفاده شده برای اصلاح نژاد را ذخیره کرده بود. در دهه‌ی شصت میلادی، انجمن‌های علمی و کشاورزی به کاهش شدید تنوع منابع ژنتیکی توجه نمودند. در اروپا دامپروران در حال ترک کردن مناطق روستایی بودند. روستاها جایی بود که بیش‌ترین تنوع نژادی را داشت. تعداد زیادی نژاد محلی توسط تعداد کمی نژاد تجاری جایگزین شدند. این نژادهای جدید گستردگی زیاد داشتند و تحت فشار انتخاب شدیدی بودند. هم‌چنین این نژادهای انتخاب شده به کشورهای در حال توسعه‌ی خارج از اروپا هم صادر و جایگزین نژادهایی شدند که به‌خوبی با شرایط محیطی وقف یافته بودند. در کنفرانس سازمان ملل متحد در سال ۱۹۷۲ میلادی در شهر استکهلم سوئد، پیشرفت‌ها و مشکلات محیط زیست مورد شناسایی و بررسی قرار گرفت. در نهایت نخستین مذاکرات فنی جهانی در مورد منابع ژنتیکی در ستاد فائو مستقر در شهر رم در سال ۱۹۸۰ میلادی برگزار شد.

در سال ۱۹۸۵ میلادی فائو، بخشی تحت عنوان «کمیسیون منابع ژنتیکی برای غذا و کشاورزی: یک راهکار جهانی توسعه یافته برای مدیریت منابع دامداری‌ها» را معرفی کرد. در سال ۱۹۹۲ میلادی فائو یک برنامه عملی مخصوص مدیریت منابع ژنتیکی حیوانات اهلی با چهارچوبی منسجم برای تحریک مشارکت کشورها را شروع کرد تا فعالیت‌های حفاظتی را برقرار کند. بخش‌های منطقه‌ای و ملی در تحریک و هماهنگ کردن کارهای آن‌ها و تهیه رهنمودهای فنی حفاظت، نقش مهمی را ایفا می‌کنند. سیستم اطلاعاتی تنوع حیوانات اهلی[1] (DAD-IS) برای جمع‌آوری اطلاعات مربوط به نژادها و فعالیت‌های حفاظتی استفاده شده و فرصتی برای تقویت فعالیت‌های حفظ تنوع ژنتیکی فراهم می‌کند. در سال ۱۹۹۸ میلادی قرار شد فائو گزارشی را راجع به منابع ژنتیکی حیوانات اهلی تهیه کند. لذا در مجموع گزارش‌هایی از ۱۶۹ کشور توسط دولت‌های ملی در سال‌های ۲۰۰۲ تا ۲۰۰۵ میلادی نوشته شد. تجزیه و تحلیل این

[1] Animal Diversity Information System

اطلاعات در سال ۲۰۰۶ میلادی به پایان رسید (فائو، ۲۰۰۶) و برنامه‌های فعالیت منطقه‌ای و جهانی برای حفظ تنوع ژنتیکی بر اساس این گزارش و در سال ۲۰۰۷ میلادی تعیین شد.

در سال ۱۹۹۲ میلادی دومین کنفرانس سازمان ملل متحد درباره محیط زیست و توسعه در شهر ریودوژانیروی برزیل برگزار شد و بر اهمیت منابع ژنتیکی حیوانات اهلی در اسناد موسوم به آگندا ۲۱ و در پیمان تنوع زیستی سازمان ملل (CBD) تأکید شد. در پیمان تنوع زیستی سازمان ملل، تنوع ژنتیکی حیوانات اهلی به عنوان یکی از مؤلفه‌های تنوع زیستی بیان شده است. پیمان تنوع زیستی سازمان ملل، حاکمیت هر کشور بر روی تمامی منابع ژنتیکی خود را به رسمیت شناخته و بر حفظ این منابع و استفاده‌ی بهینه از آن‌ها تأکید جدی کرده است.

آگاهی‌های دانشمندان و تمایل آن‌ها جهت توسعه‌ی روش‌های علمی مدیریت تنوع ژنتیکی دامی توسط انجمن تولیدات دامی اروپا[1] (EAAP) تبیین شده است. در سال ۱۹۸۰ میلادی، انجمن تولیدات دامی اروپا، کارگروهی را در این زمینه تأسیس کرد. امروزه فعالیت‌های اصلی شامل توسعه سیستم اطلاعات تنوع زیستی حیوانات اهلی اروپا (EFABIS) و تلفیق علم ژنتیک دامی با فعالیت‌های حفظ تنوع ژنتیکی است.

در دهه‌های گذشته شهروندان و کشاورزان علاقه‌مند به نگهداری نژادهای بومی، انجمن‌های حفاظت از نژادهای ملی را تأسیس کرده‌اند. این سازمان‌های غیردولتی، نوعی فعالیت برای حفاظت *in situ* از نژادهای بومی دارای پیشینه‌ی فرهنگی و تاریخی یا نژادهای باارزش بوم‌شناختی زیاد را آغاز کردند. این کار برای جلب توجه سرمایه‌گذارها به این موضوع صورت گرفت. در سطح منطقه‌ای سازمان‌هایی نظیر SAVE در اروپا، و در سطح جهانی هم سازمان بین‌المللی نژادهای نادر (RBA)[2] در این زمینه فعال هستند.

٦- تهدیدها و فرصت‌های فراروی منابع ژنتیکی حیوان مزرعه

١-٦- تهدیدها

تهدیدهای زیادی پیش روی منابع ژنتیکی حیوانات اهلی وجود دارد (هافمن و چفر، ۲۰۰۵):

[1] European Association for Animal Production (EAAP)
[2] Rare Breed International

- تغییرات اجتماعی، اقتصادی، شهرنشینی و عوامل اجتماعی، تهدیدی علیه منابع ژنتیکی دام و طیور هستند. این تغییرات باعث افزایش سطح تولید از طریق جایگزینی بسیاری از نژادهای محلی با نژادهای چند منظوره شده است.
- بازاریابی جهانی نژادهای تجاری که سبب جایگزینی نژادهای بومی با این نوع نژادهای تجاری شده است.
- آزادسازی بازارها برای محصولات دامی که مانع توسعه سیستم‌های تولید محلی با استفاده از نژادهای بومی شده است.
- از دست رفتن معیشت‌های سنتی و تنوع فرهنگی که تهدید مستقیمی برای حیات نژادهای محلی است.
- با توجه به ایجاد تغییراتی در اکوسیستم‌ها، شاید نیاز به ظرفیت‌های سازگاری دیگری از حیوانات باشد.
- جنگ‌ها، بی‌ثباتی‌های سیاسی، بیماری‌ها و حوادث طبیعی نه تنها جمعیت‌هایی از نژادهای محلی، بلکه اغلب تمامی زیرساخت‌ها برای اصلاح نژاد را از بین می‌برد.

۲-٦- فرصت‌ها

درکنار تهدیدها، چند فرصت هم برای استفاده از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی وجود دارد (اولدنبروک، ۲۰۰۶).

- وقتی از یک نژاد یا لاین در یک سیستم دامپروری استفاده می‌شود که آن نژاد یا لاین به وسیله‌ی یک شرکت اصلاح نژادی یا یک سازمان متولی نژادها معرفی شده باشد. در برنامه‌های نوین اصلاح نژادی حفاظت از تنوع ژنتیکی می‌تواند (و باید) به حساب آید و باید همراه با انتخاب برای صفات مورد نظر بهینه شده باشد. این روش‌های بهینه‌سازی به خوبی توسعه یافته شده‌اند و بسیار مؤثر هستند. این روش‌ها در فصل ۸ توضیح داده خواهد شد.
- حیوانات چرا کننده به‌خصوص نژادهای بومی و سازگار گاو، گوسفند و اسب می‌توانند نقش مهمی در مدیریت طبیعت ایفا کنند. این نقش فرصت بزرگی برای حفاظت از گونه‌های علفخوار که بخش مهمی از حیوانات اهلی هستند را فراهم می‌کند.

- توسعه‌ی کشاورزی ارگانیک[1] فرصتی برای حفاظت از نژادهای دومنظوره‌ای که اخیراً توسعه یافته‌اند فراهم کرده است. در بسیاری از موارد، این نژادها از سیستم‌های دامپروری متمرکز کنار گذاشته شده‌اند. به هرحال آن‌ها برای کشاورزی ارگانیک، مناسب‌تر از نژادهای انتخاب ژنتیکی شده یا دورگه‌ها (آمیخته‌ها) هستند.
- توسعه و تولید برخی محصولات خاص یک منطقه در محیط طبیعی و سالم برای عرضه در بازارهای خاص، امکان استفاده از نژادهای بومی و سودآور کردن آن‌ها را فراهم می‌کند.
- افراد اهل تفنن نقش مهمی در حفظ و استفاده از تنوع بین نژادی در طیور، اسب، گوسفند، بز و گاو دارند.

۷- روش‌های به کارگرفته شده برای حفاظت

از لحاظ تئوری سه روش حفاظت می‌تواند استفاده شود (فائو، ۲۰۰۶):

- حفاظت *in situ*، به صورت حفظ دام‌های اهلی از طریق پرورش مداوم آن‌ها توسط افراد دامپرور در محیط کشاورزی[2] معمولی انجام می‌شود (این روش برنامه‌های اصلاح نژادی را در بر می‌گیرد). این روش حفاظت نسبت به سایر روش‌ها ارجح است و تمام اهداف حفاظت را به بهترین وجه تأمین و امکان استفاده از نژادها را هم فراهم می‌کند. در ضمن توسعه نژاد می‌تواند ادامه داشته باشد که این امر سازگاری با تغییرات شرایط محیطی را آسان می‌سازد. البته خطر همخونی و رانش ژنتیکی باید به طور کامل در طرح‌های اصلاحی در این جمعیت‌های اغلب کوچک مورد نظر قرار گیرد.
- حفاظت *Ex situ in vivo*، به صورت محافظت از طریق نگهداری جمعیت‌های زنده در خارج از مزرعه یا منطقه‌ای که از آن‌جا آمده یا در حال حاضر یافت می‌شوند است. به‌دلایل تاریخی و فرهنگی، تعداد کمی از حیوانات یک نژاد در باغ وحش‌ها یا پارک‌های حیات وحش نگهداری می‌شوند و گاهی نقش یک موزه را ایفا می‌کنند. هزینه‌های این روش حفظ و نگهداری، کم است؛ اما این نژاد در خارج از محیط واقعی زندگی خود نگهداری می‌شود و لذا سازگاری آن با محیطش امکان‌پذیر نیست.

---

[1] Organic
[2] Agro-Ecosystem

- حفاظت *Ex situ* (cryo)، عبارت است از ذخیره گامت‌های جنین در ازت مایع. مقاله مروری هیمسترا[1] و همکاران (۲۰۰۶) حاکی از آن است که در مورد اغلب گونه‌های حیوانات اهلی، امکان حفظ نطفه وجود دارد و پس از ذوب آن، شانس باروری جنس ماده پس از تلقیح مصنوعی در سطح قابل قبولی است. در بسیاری از گونه‌های حیوانات اهلی، از جنین‌های منجمد برای ایجاد نسل جدید استفاده می‌شود. هم‌چنین پیشرفت‌هایی در شیوه انجماد تخمک‌ها نیز صورت گرفته است. برای تمام گونه‌های حیوانی، ذخیره DNA و سلول‌های سوماتیک (بدنی، سلول‌های غیرجنسی) جزء فناوری‌های شناخته شده است. اما شیوه‌هایی نظیر انتقال هسته باید توسعه و کارایی بیش‌تری پیدا کنند تا بتوانند برای حفظ و نگهداری حیوانات مورد استفاده قرار گیرند.

در عمل، تفاوت میان روش‌های *in situ* و *ex situ in vivo* مبهم است و تنها تمایز آشکار را می‌توان در مورد این دو روش قایل شد: رورش‌های حفاظت شامل *in vivo* (تلفیقی از *in situ* و *ex situ in vivo*) و *in vitro* (*ex situ*). تلفیق دو روش *in situ* و *ex situ* می‌تواند سازوکار قدرتمندی برای حفظ و نگهداری تنوع ژنتیکی نژادها ایجاد کند که در فصول ۲ و ۸ به بررسی آن خواهیم پرداخت.

۸- سهام‌داران برای برنامه‌های حفظ و نگهداری *in vivo* و *in vitro*

در سطح جهان، سهام‌داران زیادی در حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی حیوانات اهلی دخالت دارند: دولت‌های ملی، مؤسسات آموزشی- پژوهشی نظیر دانشگاه‌ها، سازمان‌های غیر دولتی، اتحادیه‌های دامی، دامداران، مرتع‌داران، دامداران پاره‌وقت و افرادی که برای سرگرمی این کار را دنبال می‌کنند و شرکت‌های اصلاح نژاد. در زیر نقش سهام‌داران مختلف به طور مختصر مرور شده است.

۸-۱- حکومت‌های ملی

این حکومت‌ها، پایه قانونی برای بهره‌برداری و اجرای برنامه‌های حفظ و نگهداری نژادها را ایجاد نموده‌اند. این امر تحت عنوان قوانین و مقررات مربوط به حفظ تنوع زیستی یا قوانین مدیریت منابع ژنتیکی حیوانات اهلی انجام می‌شود. دولت‌ها باید نقش جدی در توسعه

[1] Hiemstra

استراتژی‌های ملی برای مدیریت، بهره‌برداری و حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی حیوانی داشته باشند و سرمایه‌های لازم برای اجرای این نوع استراتژی‌های ملی را فراهم کنند (فصل ۹).
در برخی کشورهای آفریقایی و آسیایی، دولت‌ها در فعالیت‌های اصلاح نژادی به منظور افزایش خودکفایی ملی در تولید مواد غذایی با منشأ دامی نقش مهمی دارند. در بسیاری از موارد، آن‌ها دارای یک مزرعه اصلی هستند که دام‌های بومی و غیربومی را نگهداری می‌کنند. دامدارها از این مزارع، دام نر مورد نیاز خود را برای بهبود عملکرد گله خود می‌خرند. این روش نقش مهمی در حفظ و استفاده از این نژادها دارد. دامدارها تعداد زیادی حیوان اهلی را پرورش می‌دهند و در مقابل، در این مزارع، تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها حفظ می‌کنند.
در برخی کشورهای اروپایی، سیاست‌های دولت بیش‌تر بر حفظ و نگهداری و توسعه مناطق روستایی استوار است؛ یعنی جایی که توانمندی‌های اقتصادی دامداران محدود است. نشخوارکنندگان می‌توانند نقش مهمی در این نوع سیاست‌ها داشته باشند. در بخشی از اروپا، دولت به دلایل تاریخی- فرهنگی و اجتماعی- اقتصادی، انگیزه‌هایی برای حفظ نژادهای مختلف دام‌های اهلی ایجاد نموده است.
انواع زیادی از مؤسسات دولتی مانند مؤسسات دامپزشکی، زندان‌ها، مزارع آموزشی- نمایشی، پارک‌ها و موزه‌ها وجود دارند که در آن‌ها نژادهای بومی نگه داشته می‌شوند. تعداد حیواناتی که در چنین مناطقی حفظ می‌شوند، معمولاً کم است. این موضوع منجر به بروز خطر همخونی و از دست رفتن تصادفی آلل‌های با فراوانی کم در جمعیت می‌شود.

۲-۸- مؤسسات آموزشی و پژوهشی

مزارع متعلق به مؤسسات پژوهشی و دانشگاهها اغلب در فروش حیوانات خالص یا حفظ گونه‌های بومی دخالت دارند. آن‌ها این فعالیت‌ها را با وظایف اولیه آموزش به دانشجویان آغاز کرده اند و تحقیقاتی را به مورد اجرا در آورده‌اند. بسیاری از دانشگاه‌ها و مؤسسات تحقیقاتی در تلاشند تا نژادهای توسعه یافته را در شرایط بومی نگهداری کنند. آن‌ها توجه زیادی به حفظ تنوع ژنتیکی درون این جمعیت داشته‌اند. دانشگاه‌ها و مؤسسات برای این فعالیت‌ها باید برانگیخته شوند تا از تنوع ژنتیکی در تحقیقات پایه و فرایندهای ژنتیکی و فیزیولوژیکی و روش‌های ژنومی استفاده کنند.

۳-۸- سازمان‌های غیر دولتی (NGOها)، دامداران پاره وقت و افرادی که به‌صورت تفننی به این کار می‌پردازند

در بسیاری از کشورهای توسعه یافته، سازمان‌های غیردولتی (NGOها) استفاده از نژادهای بومی را به وسیله دامداران (پاره وقت) و افرادی که به‌صورت تفننی به این کار می‌پردازند، تشویق می‌کنند. این سازمان‌ها و اعضای آن‌ها نقش مهمی در حفظ و نگهداری نژادهای بومی مانند طیور، اسب، گوسفند، بز و گاو ایفا کرده‌اند. یکی از محرک‌های آن‌ها مستندسازی جنبه‌های فرهنگی و تاریخی نژادهای مختلف، جهت اهداف آموزشی و پژوهشی یا تولید محصولات خاصی برای بازارهای مورد نظر است. به‌طورکلی، سطح دانش آن‌ها در مدیریت ژنتیک محدود بوده و مشارکت افراد نیز به صورت داوطلبانه صورت می‌گیرد. تعداد دامداران پاره وقت و افرادی که برای سرگرمی به این کار می‌پردازند در اروپا و آمریکای شمالی و تا حدودی در حوزه اقیانوس آرام در حال افزایش است. اغلب گونه‌های حیوانات اهلی به استثنای خوک را می‌توان جهت سرگرمی نگهداری نمود.

٤-۸- اتحادیه‌های دامی، دامداران و مرتع‌داران

در اروپا و آمریکای شمالی، تعداد زیادی اتحادیه‌های دامی وجود دارد. آن‌ها همراه با دامداران در تلاش برای کسب بازارهای فروش محصولات دام‌های بومی هستند؛ بازارهایی که به فروش محصولات طبیعی و سالم شهرت دارند. در این شرایط، دام‌های بومی همانند برند و علامت تجاری محصولات سالم و طبیعی هستند. این امر فرصتی در اختیار افراد قرار می‌دهد تا محصولاتی تولید کنند که در شرایط معمول، غیراقتصادی هستند. در بسیاری از کشورها، دامداران یا اتحادیه‌های اصلاح دام، در کشاورزی ارگانیک هم وارد می‌شوند. در برخی موارد، نژادهای بومی در سیستم‌های ارگانیک بسیار مطلوب هستند؛ زیرا انطباق و سازگاری خوبی با شرایط مدیریتی داشته و از نظر بازاریابی وضعیت ایده‌آلی دارند. فرصت‌های موجود برای صادرات محصولات ارگانیک در بسیاری از کشورهای اروپای شرقی به‌وجود آمده، رشد روزافزونی دارد. در تعدادی از کشورهای آفریقایی هم استفاده از ذخایر ژنتیکی حیوانات بومی در سیستم‌های کم تولید بومی مطرح شده است که روشی مؤثر برای بهره‌برداری و حفظ و نگهداری از ذخایر ژنتیکی بومی در شرایط واقعی بوده و از مشکلات مالی نظیر عدم تأمین بودجه برای استفاده از سایر روش‌های حفظ و نگهداری نژادهای بومی می‌کاهد. آمیزش

کنترل نشده، تغییرات سیستم تولید و دورجفتی، از جمله مخاطرات این شکل از حفظ و نگهداری و بهره‌گیری از تنوع ژنتیکی است.

۵-۸- شرکت‌های اصلاح نژاد دام

بخش عمده تولیدات غذایی در کشورهای توسعه‌یافته، با استفاده از روش‌های جامع و مشارکت شرکت‌های اصلاح دام و طیور، عرضه‌کنندگان تجهیزات، عرضه‌کنندگان غذای دام، دامپزشکان، صنایع فراوری، خرده‌فروشان و مصرف‌کنندگان انجام می‌شود. هدف اصلی در این روش، یکسان‌سازی تولیدات و روش‌های تولید در قالب یک زنجیره منسجم است. این امر تهدیدی برای حفظ تنوع ژنتیکی به شمار می‌آید. اما از نظر رقابتی، لازم است تفاوت‌هایی بین زنجیره‌ها ایجاد شود و محصولات جدیدی توسعه یابد. این تفاوت‌ها فرصت واقعی و زمینه‌ای برای بهره‌برداری و مدیریت تنوع ژنتیکی توسط شرکت‌های اصلاح دام را فراهم می‌آورد.

در صنایع طیور تنها تعداد کمی شرکت چندملیتی در تولید و عرضه جوجه‌های گوشتی و مرغ تخمگذار آمیخته فعال هستند. آن‌ها از تعداد محدودی لاین‌های شدیداً تحت انتخاب، به‌عنوان گله‌های والد استفاده می‌کنند. تعداد این نوع طیور تولیدکننده‌ی تخم‌مرغ یا گوشت به سرعت در سطح جهان در حال افزایش یافته است. این امر در نتیجه‌ی بازاریابی گسترده صاحبان صنایع طیور و مرغ تخم‌گذار است.

در اروپا، آمریکای شمالی و استرالیا، تولید گوشت خوک به صورت کاملاً صنعتی درآمده است و فقط چند شرکت چند ملیتی بزرگ در زنجیره تولید قرار دارند. این شرکت‌ها به توسعه چند لاین محدود از تعداد کمی از نژادها پرداخته‌اند. این لاین‌ها در سراسر جهان مورد استفاده قرار دارند. نطفه‌های منجمد هم برای بهبود ژنتیکی استفاده می‌شوند. هم‌چنین نطفه و جنین‌های منجمد برای انتقال منابع ژنتیکی در مقیاس بین‌المللی مورد استفاده قرار می‌گیرد.

اصلاح نژاد گاوهای گوشتی و شیری هم یک فعالیت مختص چند کشور خاص است که از نطفه و جنین‌های منجمد برای بهبود ژنتیکی گله‌های مختلف استفاده می‌کنند.
در بهبود ژنتیکی لاین‌های خالص، شرکت‌های اصلاح نژاد از روش‌های پیچیده‌ای برای کنترل اندازه مؤثر جمعیت و اجتناب از همخونی استفاده می‌کنند. این شرکت‌ها نمی‌خواهند چشم‌انداز آتی آن‌ها محدود شود؛ بنابراین باید تنوع ژنتیکی در این نژادها و لاین‌ها را حفظ کنند.

منابع

FAO, 2006. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, first draft, Rome, Italy.

Hiemstra, S.J., T. van der Lende and H. Woelders, 2006. The potential of cryopreservation and reproductive technologies for animal genetic resources conservation strategies. In: The Role of Biotechnology in exploring and protecting Agricultural Genetic Resources. John Ruane and Andrea Sonnino (eds.), FAO, Rome, Italy.

Hoffmann, I., and B. Scherf, 2005. Management of farm animal genetic diversity: opportunities and challenges. In: Animal production and animal science worldwide. WAAP book of the year 2005. A. Rosati, A. Tewolde and C. Mosconi (eds.), Wageningen Academic Publishers, pp. 221-246.

Oldenbroek, K., 2006. *In situ* conservation strategies; a quick scan of SoW-AnGR country reports. In: J. Gibson, S. Gamage, 0. Hanotte, L.lfiiguez,J.c. Maillard, B. Rischkowsky, D. Semambo andJ. Toll (eds.), 2006. Options and Strategies for the Conservation of Farm Animal Genetic Resources: Report of an International Workshop and Presented Papers (7-10 November 2005, Montpellier, France) [CD-ROM]. CGIAR System-wide Genetic Resources Programme (SGRP)/Biodiversity International, Rome, Italy.

Rosati, A., A. Tewolde and C. Mosconi, 2005. Section 4, Statistics. In: Animal production and animal science worldwide. WAAP book of the year 2005. A. Rosati, A. Tewolde and C. Mosconi (eds.), Wageningen Academic Publishers, pp. 231-356.

The World Bank, 2005. Managing the Livestock Revolution. Policy and Technology to Address the Negative Impacts of a Fast-Growing Sector. Report No. 32725-GLB, The International Bank for Reconstruction and Development, Washington DC, USA.

United Nations, 2005. The Millennium Development Goals Report 2005, United Nations, New York

فصل دوم: سازوکارهایی برای حرکت از حفظ و نگهداری تا بهره‌برداری

گوستاو گاندینی[1] و کور اولدنبروک[2]

[1]گروه علوم دامپزشکی و فناوری‌های ایمنی غذایی، دانشگاه میلان، ایتالیا

[2]مرکز ذخایر ژنتیکی، هلند

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
اهداف حفاظت و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی چیست؟
چه روش‌هایی برای حفظ و نگهداری وجود دارد؟
چه روش‌هایی برای استفاده پایدار از حیوانات بومی وجود دارد؟
چه موادی باید در بانک ژن ذخیره شود؟
آیا هزینه برنامه‌های مختلف حفظ و نگهداری با یکدیگر متفاوت است؟
چگونه باید سازوکارهای مناسبی برای حفظ و نگهداری بهتر انتخاب نمود؟

خلاصه

این فصل در ابتدا به معرفی چهارچوب کلی توسعه و حرکت از حفظ و نگهداری تا بهره‌برداری پایدار می‌پردازد. توانایی شیوه‌های *in situ* و *ex situ* در رسیدن به اهداف حفظ تنوع ژنتیکی متفاوت است. موارد مختلف مربوط به حفظ و نگهداری نژادهای بومی به روش *in situ* بررسی شده است. برخی از جنبه‌های مربوط به حفظ و نگهداری، نظیر ایجاد بانک نگهداری اسپرم، انتخاب حیوانات اعطاکننده اسپرم، نوع و مقدار موادی که باید ذخیره شود هم در این فصل بررسی شده است. در این فصل با بررسی به منابع علمی، چهارچوب کلی برای مقایسه هزینه‌های مربوط به برنامه‌های مختلف مدیریت منابع ژنتیکی حیوانی فراهم شده است. بالاخره این‌که برخی از معیارها برای انتخاب بهترین سازوکار حفظ و نگهداری یک نژاد و محیط مناسب برای اصلاح نژاد آن نژاد هم در این فصل مطرح شده است.

[1] Gustavo Gandini; Department of Veterinary Sciences and Technologies for Food Safety, University of Milan, Via Celoria, 10, 20133 Milan, Italy
[2] Kor Oldenbroek; Center for Genetic Resources, The Netherlands, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands

۱- اهداف حفاظت و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی

ویژگی‌های مختلف منابع ژنتیکی حیوانات اهلی، انواع مختلفی از اهداف را برای بهره‌برداری، حفاظت و نگهداری از آن‌ها مطرح نموده است که البته می‌توان آن‌ها را به صورت دو هدف زیر زیر خلاصه کرد:

الف- انعطاف‌پذیری سیستم ژنتیکی در موارد مختلف:

- بیمه در مقابل تغییرات بازار یا شرایط محیطی.
- حفاظت در برابر بیماری‌ها، بی‌ثباتی‌های سیاسی و بلایای طبیعی
- ایجاد فرصت‌هایی برای تحقیق.

از این منظر، منابع ژنتیکی حیوانات اهلی، منبع تنوع ژنتیکی بوده و اهمیت زیادی برای بهبود ژنتیکی در آینده دارند. منابع ژنتیکی برای مقابله با تغییرات آتی بازار و محیط تولید نقش مهمی دارند. این منابع ژنتیکی می‌توانند در صورت وقوع بلایای طبیعی و حوادث مختلف، به کمک متخصصان اصلاح دام بیایند؛ مشروط بر این‌که خود در برابر این حوادث محافظت شده باشند.

ب- بهره‌برداری پایدار و مناسب از نواحی روستایی:

- فرصت‌هایی برای توسعه‌ی نواحی روستایی.
- حفظ تنوع اکوسیستم‌های کشاورزی.
- حفظ تنوع فرهنگی روستاها.

در حقیقت در بسیاری از نقاط جهان، نژادها خود را با محیط زیست وفق داده‌اند و منابع درآمد بی‌نظیری برای جوامع روستایی محسوب می‌شوند. پیوند میان نژادهای بومی و محیطی که در آن توسعه یافته‌اند، در برخی موارد می‌تواند آن‌ها را به اجزای تنوع فرهنگی آن منطقه تبدیل کند. به طوری این نژادها تاریخچه دورانی نسبتاً طولانی از زندگی بشر را بازتاب داده و از اجزای اصلی تنوع اکوسیستم‌های کشاورزی آن منطقه هستند.

تجزیه و تحلیل‌های گسترده حاکی از آن است که در نواحی مختلف جهان، سهام‌داران رتبه‌های مختلفی به این اجزا اختصاص می‌دهند. در نواحی فقیرنشین، منابع ژنتیکی حیوانی، یک ابزار درآمدزا برای جوامع روستایی به شمار می‌آید و از این نظر اهمیت بیش‌تری دارد. جزء فرهنگی آن نیز در کشورهای اروپایی، به‌عنوان شواهد فرهنگی و تاریخی مطرح است و

فرصتی برای ایجاد توریسم روستایی فراهم می‌کند؛ درحالی‌که همین مؤلفه در کشورهای آفریقایی می‌توانند در حفظ هویت جوامع انسانی نقش مهمی داشته باشند.

برای مدیریت مناسب منابع ژنتیکی حیوانی و ایجاد تعهد در برابر حفظ و نگهداری از آن، نیاز به توسعه فراسنجه‌هایی برای ارزیابی دستاوردهای غیرمرسوم نژادها نظیر نقش آن‌ها در محیط زیست و فرهنگ داریم. روش ارزیابی ابعاد فرهنگی نژادهای بومی حیوانات اهلی در پی‌نوشت ۱-۲ نشان داده شده است. برای براورد دستاوردها و منافع مرسوم آن‌ها می‌توان از اطلاعات موجود در بازار برای براورد ارزش اقتصادی آن‌ها استفاده کرد (روسن، ۲۰۰۵). اما معمولاً نقش‌های فرهنگی، محیطی و بیمه‌ای منابع ژنتیکی، توسط بازار زیاد مورد توجه قرار نمی‌گیرد. بنابراین باید از روش‌های خاصی استفاده شود که در ادامه راجع به آن بحث شده است.

پی‌نوشت ۱-۲- روشی برای ارزیابی ارزش فرهنگی نژادها

یک نژاد می‌تواند به عنوان یک ویژگی فرهنگی، نقشی به عنوان «یک شاهد تاریخی» داشته باشد (گاندینی و ویلا، ۲۰۰۳)؛ زیرا منبعی از آداب و سنن بومی و بنابراین «نگهبان سنت‌های بومی» است.

ارزش تاریخی یک نژاد را می‌توان به صورت زیر تجزیه و تحلیل کرد:

- **عهد عتیق** دوره‌ای که در آن نژادها در مناطقی که کشاورزی سنتی وجود داشت، به سر می‌بردند. این دوره طولانی است و بر جوامع روستایی تأثیر زیادی داشته است.
- **نظام‌های کشاورزی** نظیر روش‌های کشت و زرع، با نژادها ارتباط تاریخی تنگاتنگی دارند.
- **نقش نژادها در ایجاد چشم‌انداز** یا به‌عنوان بخشی از خود یا چشم‌انداز.
- **نقش نژادها در تغذیه** از طریق توسعه محصولات و فراورده‌های خاص و سهم آن‌ها در دستورعمل‌های آشپزی.
- **نقش نژادها در رسوم اجدادی (فولکور)** مستقیماً یا از طریق روش‌های کشاورزی. این نقش دربرگیرنده آداب و رسوم مذهبی هم است.
- **نقش نژادها در صنایع دستی** از طریق فعالیت‌های مربوط به کشاورزی یا استفاده از آن‌ها به‌عنوان مواد خام صنایع دستی.
- **وجود نژادها در آثار هنری ارزشمند** تا جایی که برخی نژادها به عنوان یکی از اجزای مهم یک روستا یا منطقه، در آثار تجسمی، اشعار، و نظایر آن ظاهر می‌شوند.

وقتی ارزش نژاد به عنوان یک جزء از شواهد تاریخی تأیید شد، ارزش آن نژاد می‌تواند ناشی از رسوم و سنت‌های بومی نواحی روستایی باشد که به شرح زیر تجزیه و تحلیل می‌شود:

- **نقش نژادها در حفظ چشم‌اندازها** به عنوان بخشی از فعالیت‌های کشاورزی که برای حفظ ویژگی‌ها و چشم‌اندازهای آن به وجود این نژادها نیاز است.
- **نقش نژادها در حفظ آداب تغذیه‌ای** به‌خاطر ارتباط موجود بین نژادها و برخی تولیدات خاص بومی مناطق مختلف دنیا.
- **نقش نژادها در حفظ فرهنگ‌های عامه یا رسوم اجدادی (فولکور)** نژادها می‌توانند در حفظ سنت‌ها و رسومات مذهبی منطقه که به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم با آن نژاد در ارتباط هستند مؤثر باشند.
- **نقش نژادها در حفظ صنایع دستی** نژادها می‌توانند در حفظ صنایع دستی منطقه که به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم با آن نژاد در ارتباط هستند مؤثر باشند.

در ادامه می‌بینیم که چگونه روش‌های مختلف به ما اجازه می‌دهند تا به اهداف مختلف برسیم و بهره‌برداری لازم از اجزای مختلف منابع ژنتیکی حیوانی را برای حفظ فرصت‌ها و توسعه ارزش افزوده تولیدات روستایی و دامی به عمل آوریم.

۲- روش‌ها

روش‌های حفظ منابع ژنتیکی حیوانی معمولاً به دو روش *in situ* (بهره‌برداری از نژادها در داخل سیستم‌های تولیدی) و *ex situ* تقسیم می‌شوند. روش *ex situ* خود دارای تقسیم‌بندی بیش‌تری است و طبق معیارهای فائو به دو روش تقسیم می‌شود: (الف) نگهداری منجد مواد ژنتیکی که شامل سلول‌های هاپلوییدی (اسپرم، تخمک) و سلول‌های دیپلوییدی (جنین‌های *in vivo* و *in vitro*، و سلول‌های بدنی) است؛ و (ب)روش *ex situ* زنده یا حفاظت از حیوانات زنده یک نژاد در خارج از سیستم تولیدی آن‌ها (مثلاً نگهداری گله در مناطق حفافظت شده، مزارع آزمایشی و نمایشی، ایستگاههای تحقیقاتی، باغ‌وحش‌ها، و توسط اصلاح‌گران باذوق. یادآور می‌شویم که گاهی اوقات تمایز خاصی بین دو روش *in situ* و *en situ* زنده وجود

ندارد؛ مثلاً وقتی که نژادی نادر توسط اصلاح‌گران نگهداری می‌شود). مباحث زیادی درباره نحوهٔ حفظ و نگهداری حیوانات اهلی در شرایط *in situ* مطرح شده است. پیمان تنوع زیستی بر اهمیت حفظ و نگهداری حیوانات اهلی در شرایط *in situ* تأکید داشته و حفظ و نگهداری در شرایط *ex situ* را به‌عنوان یک فعالیت مکمل و ضروری توصیه می‌کند. فائو در این رابطه، دستورعمل‌هایی ارایه کرده است (فائو، ۱۹۹۸) که اولویت را به حفظ و نگهداری در شرایط *in situ* می‌دهد. سیاست مشترک کشاورزی[1] (CAP) اتحادیه اروپا، پاداش‌هایی را برای تقویت نژادها در داخل سیستم‌های تولیدی خودشان در نظر گرفته است. اما روش نگهداری و حفاظت در شرایط *in situ* ابزار قدرتمند و امنی برای حفظ منابع ژنتیکی حیوانات اهلی ایجاد نموده است. بنابراین منطقی به نظر می‌رسد که تلاش‌هایی برای ایجاد این چهارچوب به عمل آید و تحقیقاتی برای تلفیق روش‌های حفاظتی *in situ* و *ex situ* انجام شود. روش حفاظتی *ex situ* می‌تواند مکمل روش حفاظتی در شرایط *in situ* باشد.

ظرفیت و توانایی روش‌های حفاظتی *in situ* و *ex situ* در دستیابی به اهداف مختلف حفاظت فرق می‌کند (جدول ۱-۲). روش حفاظتی *in situ* در رسیدن به همه اهداف حفظ و نگهداری نژادها غیر از محافظت از آن‌ها در مقابل بیماری‌ها و بلایای طبیعی و بی‌ثباتی‌های سیاسی موفق است. روش حفاظتی *ex situ* زنده فرصتی برای توسعه روستا فراهم نمی‌کند؛ زیرا در این روش، نژادها از ساختار اجتماعی- اقتصادی خود جدا می‌شود. هم‌چنین اهداف فرهنگی و اکولوژیکی نیز نمی‌تواند به طور مؤثر در این روش دنبال شود. بنابراین وقتی ارزش‌های اکولوژیکی- فرهنگی و اجتماعی- اقتصادی وجود ندارند یا در نظر گرفته نمی‌شوند، می‌توان از روش حفاظت به‌صورت منجمد استفاده کرد که منابع ژنتیکی حیوانات اهلی را در برابر بیماری‌ها و بلایا هم حفظ می‌کند.

[1] Common Agriculture Policy (CAP)

جدول ۱-۲ روش‌های حفظ و نگهداری و اهداف آن

روش / اهداف	*in situ*	*ex situ* زنده	انجماد
انعطاف‌پذیری سیستم ژنتیکی:			
بیمه در برابر تغییر شرایط تولید	بلی	بلی	بلی
حفاظت در مقابل بیماری‌ها، بلایا و نظایر آن	خیر	خیر	بلی
فرصتهایی برای تحقیق	بلی	بلی	بلی
امکان بهره‌برداری پایدار در مناطق روستایی:			
فرصت‌هایی برای توسعه روستا	بلی	خیر	خیر
حفظ تنوع اکوسیستم کشاورزی	بلی	ضعیف	خیر
حفظ تنوع فرهنگ روستا	بلی	ضعیف	خیر

در جدول ۲-۲ روش‌ها بر اساس برخی عوامل مهم مربوط به اهداف حفظ و نگهداری مورد مقایسه قرار گرفته‌اند: (۱) فرصت‌هایی برای تکامل نژاد و سازگاری و انطباق ژنتیکی با تغییرات محیط؛ (۲) فرصت‌هایی برای شناسایی بهتر نژاد؛ و (۳) قرار دادن نژاد در معرض رانش ژنتیکی تصادفی و همخونی. روش انجماد سبب توقف فرایند تکامل حیوانات اهلی شده و سازگاری ژنتیکی آن‌ها را با اخلال مواجه می‌کند. بنابراین توانایی تولید آن را در آینده کاهش می‌دهد. این روزها اطلاعات و شناخت زیادی درباره عملکرد نژادهای بومی از نظر صفات تولیدی و به ویژه از نظر شایستگی وجود ندارد. بنابراین لازم است که دانش خود را درباره نژادهای بومی افزایش دهیم تا بهره‌برداری بهتری از آن‌ها به عمل آید و ارزش و اهمیت آن‌ها به‌خوبی مشخص شود. جمعیت‌های با اندازه مؤثر کوچک در معرض رانش تصادفی قرار دارند. می‌توان اندازه جمعیت مؤثر را محاسبه کرد و همخونی آن جمعیت را تعیین نمود.

میزان رانش ژنتیکی (فصل‌های ۳، ۴، ۷ و ۸) می‌تواند با تنظیم ساختار جمعیتی گله نظیر نسبت جنسیت والدین و واریانس موفقیت تولیدمثلی آن‌ها کنترل شود. هم‌چنین می‌توان رانش ژنتیکی را با انتخاب و آمیزش نرها و ماده‌ها مدیریت نمود. انتظار می‌رود که جمعیت‌های *ex situ* زنده از جمعیت‌های *in situ* کوچک‌تر باشند و در نتیجه بیش‌تر در معرض رانش ژنتیکی قرار گیرند. از طرف دیگر، حفظ و نگهداری به روش *ex situ* زنده باعث تسهیل

مدیریت ژنتیکی گله می‌شود؛ زیرا می‌توان کنترل زیادی روی کل جمعیت از نظر انتخاب و جفت‌گیری نرها و ماده‌ها انجام داد. این مسایل به‌طور مفصل در فصل ۸ مطرح شده است.

جدول ۲-۲ مقایسه شیوه‌های حفظ و نگهداری از نظر عوامل ژنتیکی

عوامل مربوطه	*in situ*	*ex situ* زنده	انجماد
تکامل نژاد/ سازگاری ژنتیکی	بلی	ضعیف	خیر
افزایش دانش درباره ویژگی‌های نژاد	بلی	ضعیف	ضعیف
قرار گرفتن در معرض رانش ژنتیکی	بلی	بلی	خیر

باید تأکید شود که روش‌های حفاظتی *in situ* و *ex situ* دو روش مجزا نیستند و می‌توانند برای توسعه سازوکارهای حفظ نژادهای خاص در محیط‌های مورد نظر مکمل هم باشند.

۳- راه‌هایی برای بهره‌برداری از نژادهای بومی

تجزیه و تحلیل‌های پویایی فرسایش و زوال منابع ژنتیکی حیوانات اهلی بیان‌گر تصویری پیچیده و چندجانبه است. این امر ممکن است ناشی از تغییرات اجتماعی، فرهنگی، نیازهای تغذیه‌ای، تغییر زنجیره تولید غذا، تغییرات فنی، تغییر در قوانین کشور، اعمال سیاست‌های جدید درباره واردات منابع ژنتیکی، تغییر در تولید ناخالص ملی (GNP) و فعالیت‌های بازاریابی شرکت‌های چند ملیتی اصلاح دام باشد. فرایند جهانی شدن هم به روش‌های مختلف بر زوال نژادهای بومی تأثیر زیادی گذاشته است. در اغلب موارد، احتمال دارد که این عوامل سبب تنزل سود اقتصادی نژادهای بومی در مقایسه با سایر نژادها یا دورگه‌ها، یا سایر فعالیت‌های اقتصادی منطقه شوند. کاهش اندازه جمعیت اولین نتیجه این امر بوده و می‌تواند باعث انقراض نژاد بومی شود. زمانی که امکان بازیابی نژاد هنوز وجود دارد و می‌توان به استفاده از منابع ژنتیکی امیدوار بود، باید حفظ و نگهداری نژاد به روش *in situ* برقرار باشد.

روش حفظ و نگهداری نژادهای در حال انقراض یا در معرض خطر، در محیط تولیدی طبیعی آن‌ها (*in situ*)، طیف وسیعی از اهداف حفاظتی را دربرمی‌گیرد (جدول ۱-۲). بهره‌برداری مداوم از نژادها سبب حفظ آن‌ها می‌شود؛ زیرا با توجه به پویایی و سازگاری جوامع، آن‌ها می‌توانند با نیازهای جامعه و محیط سازگار شوند. عامل مهم درباره کاهش هزینه‌های حفظ

نژادها در روش *in situ*، حفظ نژادهایی است که پتانسیل خودنگهداری[1] دارند. بنابراین تجزیه و تحلیل راههای حفاظت نژادها به روش *in situ* از طریق بهره‌برداری از آن‌ها و ایجاد حالت خودنگهداری در نژادهای در حال انقراض یا در معرض خطر اهمیت زیادی دارد.

شش راهکار کلی در حفاظت به روش *in situ* باید مدنظر قرار گیرد:

۱. ایجاد عملکرد اقتصادی برای نژاد
۲. بهبود زیرساخت‌ها و الزامات فنی
۳. بهبود ژنتیکی
۴. بهینه‌سازی سیستم تولید
۵. توسعه فعالیت‌ها جهت افزایش ارزش تجاری محصولات این نژادها
۶. توسعه مشوق‌ها

تفاوت زیادی میان نواحی مختلف جهان به ویژه در زمینه تولید ناخالص ملی و دسترسی به فناوری دیده می‌شود. بر این اساس باید اقدامات فوق در هر کشور متناسب با وضعیت همان کشور تنظیم شود. با بررسی تغییرات سریعی که در برخی نقاط جهان مشاهده می‌شود، و این‌که چنین موقعیت‌هایی به‌طور مداوم در کشورهای مشابه هم اتفاق می‌افتد، می‌توان راهکارهای مختلف برای این‌که نژادها خودشان را حفظ کنند تجزیه و تحلیل کنیم. هم‌چنین باید امکان انتقال برخی راهکارها در بین کشورها و نواحی مختلف جهان درنظر گرفت.

جوامع روستایی و منابع حیوانات اهلی همگی به هم وابسته هستند و نمی‌توانیم آن‌ها را از هم جدا در نظر بگیریم. هرچند این معیار در سرتاسر جهان صادق است؛ اما در بسیاری از کشورهای در حال توسعه که دارای جوامع روستایی و مرتع‌داران کوچک هستند اهمیت بیش‌تری دارد. در سال ۲۰۰۱ میلادی، در یک کارگاه بین‌المللی (کهلر- رولفسون[2]، ۲۰۰۳) بر اهمیت توسعه «مدیریت منابع ژنتیکی حیوانات اهلی بر مبنای جامعه» تأکید شد. در این روش بر مدیریت اکوسیستم و منابع ژنتیکی حیوانات اهلی تأکید شده و در آن جامعه مسئول تصمیم‌گیری درباره تعریف، اولویت‌بندی و اجرای فعالیت‌های مختلف است. برخی از پروژه‌ها در حال آزمون و سازگاری با روش مبتنی بر جامعه هستند (کهلر- رولفسون، ۲۰۰۳). تمرکز روی جوامع روستایی، باعث افزایش توسعه جوامع روستایی و حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی حیوانی به‌طور توأم می‌شود. به طور کلی، حضور فعال دامداران و تمام سهام‌داران از

[1] Self-Sustining
[2] Kohler-Rollefson

جمله شرکت‌های تجاری برای موفقیت این راهکارها که در زیر به بررسی آن‌ها خواهیم پرداخت، نقش مهمی دارد.

۱-۳- تعیین عملکرد اقتصادی نژاد

در مورد اغلب نژادهای بومی، داده‌های معتبری از عملکرد آن‌ها وجود ندارد. در اغلب موارد:

- عملکرد بر اساس نمونه‌های کوچک ارزیابی می‌شود.
- اطلاعات تنها به داده‌های فتوتیپی اشاره دارد؛ و ارزیابی از پارامترهای ژنتیکی صورت نمی‌گیرد.
- اطلاعات مربوط به صفات شایستگی نظیر طول عمر، باروری، مرگ و میر، نیازهای مدیریتی و تغذیه‌ای وجود ندارد. این اطلاعات نقش مهمی در سودآوری حیوانات اهلی دارند.

در بسیاری از نقاط جهان، مقایسه عملکرد نژادهای دورگه با نژادهای بومی بر اساس طرح‌های آزمایشی ضعیفی انجام می‌شود که اغلب با نتایج غلطی همراه است (فائو، ۱۹۹۸). ارزیابی بهتر عملکرد اقتصادی نژادهای بومی احتمالاً باعث بهبود رتبه این نژادها در مقایسه با نژادهای غیربومی می‌شود. این کار باعث تصحیح اطلاعات قبلی شده و ممکن است نقاط قوت نژادهای بومی را نشان دهد.

مقایسه نژادها ابتدا باید بر اساس ارزیابی عملکرد آن نژاد باشد. وقتی نژادی در برنامه ملی ثبت رکوردهای صفات تولیدی حضور دارد، اطلاعات بیولوژیکی لازم برای مقایسه را می‌توان با دقت بیش‌تری گردآوری نمود. البته مقایسات دقیق‌تری نیز لازم است:

- آگاهی از اثرات متقابل بین مدیریت مزرعه و ویژگی‌های هر نژاد، مستلزم مقایسه آن نژاد در سیستم‌های مختلف مدیریتی است. برای مثال میزان نهاده‌های مصرفی می‌تواند با عملکرد نژاد اثر متقابل داشته باشد.
- آزمایش‌های تکمیلی در ایستگاه‌های تحقیقاتی یا مزارع تحت شرایط کنترل شده، علی‌رغم هزینه‌های بالا، امکان مقایسه دقیق نژادها از نظر هزینه- فایده را فراهم می‌کند. این امر برای بررسی جنبه‌های اقتصادی یک نژاد اهمیت زیادی دارد.

- تحقیقات در ایستگاه‌های آزمایشی و مزارع و ارزیابی نژادهای خالص و دورگه سبب درک بهتر امکان استفاده از نژادهای بومی در سیستم‌های تولیدی مختلف و براورد هتروزیس حاصل از تلاقی می‌شود.

مزایا یا معایب نسبی اقتصادی یک نژاد، تابعی از قیمت‌های نسبی فراورده‌های مختلف دامی است. یک نژاد که در سیستم ورودی- خروجی بالا استفاده نمی‌شود، می‌تواند به‌خاطر مصرف غذای معقول، طول عمر، باروری، مقاومت، کیفیت تولیدات و بازار خاصی که برای محصولاتش وجود دارد، برای یک سیستم ورودی- خروجی پایین سودمند باشد (پی‌نوشت ۲-۲).

پی‌نوشت ۲-۲- استفاده از مراتع مرتفع به وسیله گاوهای منطقه تارن‌تایس و آبون‌دانس: نمونه‌ای از بروز عملکرد نژادها در یک محیط خاص

رشته کوههای شمالی فرانسه «آلپ» به خاطر داشتن چشم‌اندازها و فرصت‌هایی که برای ورزش و توریسم فراهم ساخته معروف است. تولید گاوهای شیری فعالیت عمده کشاورزی این منطقه محسوب می‌شود و در آن‌جا شیر به پنیر معروف منطقه تبدیل می‌شود. دو نوع پنیر خاص به نامهای ربلوچن[1] و بوفورت[2] در کارخانه‌های کوچک لبنی منطقه تولید می‌شوند که در ۲۵ سال گذشته سهم عمده‌ای از بازار را به خود اختصاص داده‌اند. دو نژاد بومی فوق نقش مهمی را در تولید این پنیرها ایفا می‌کنند. مقایسه این نژادها با سایر نژادهای گاو شیری فرانسه (واریر[3] و همکاران، ۲۰۰۵) مشخص کرده که این نژادها با سایر گاوهای شیری فرانسه متفاوتند: ظرفیت پیاده‌روی آن‌ها زیاد است و این امر تأثیر منفی کمی بر تولید شیر آن‌ها دارد، در برابر گرما مقاوم‌تر هستند، توانایی چرای آن‌ها در شرایط سخت مراتع مرتفع بهتر است، توانایی مصرف علوفه در آن‌ها بیش‌تر است، و از نظر باروری، طول عمر، تعداد سلول سوماتیک، نسبت پروتئین به چربی شیر، کیفیت دلمه شدن شیر و تولید پنیر از سایر دام‌ها بهتر هستند.

[1] Reblochen
[2] Beaufort
[3] Varrier

در ارزشیابی نژادها، علاوه بر تولیدات سنتی نظیر شیر، گوشت، الیاف و غیره، مسایلی نظیر بیمه برای توسعه آتی تولیدات حیوانات اهلی، و وضعیت فرهنگی و محیطی نیز باید مورد توجه قرار گیرد. ارزیابی ارزش اقتصادی همه‌ی این اجزا برای اتخاذ تصمیمی درست درباره مشوق‌های اقتصادی و ارزش افزوده نژادهای بومی ضروری است. در سال‌های اخیر، تحقیقاتی در این رابطه انجام شده است (یک شماره خاص مجله Ecological Economics تحت عنوان Animal Genetic Resources به این موضوع اختصاص داده شده بود (بی‌نام[1]، ۲۰۰۳). برخی مؤلفه‌ها/ ارزش‌های منابع ژنتیکی حیوانات اهلی هنوز توسط بازار مورد توجه قرار نگرفتند. روش‌های خاصی می‌تواند برای ارزشیابی اقتصادی این اجزا مورد استفاده قرار گیرد؛ نظیر روش‌های مبتنی بر شبیه‌سازی بازارهای مجازی برای ارزیابی تمایل جامعه جهت پرداخت هزینه‌ها و تمایل دامداران برای پرورش این نژادها. ارزش‌های اقتصادی منابع ژنتیکی حیوانات اهلی را می‌توان در مقالات مروری دراکر[2] (۲۰۰۱، ۲۰۰۵) و روسن[3] (۲۰۰۵) مطالعه کرد و خلاصه‌ای از این موضوع هم در فصل ۹ ارایه شده است.

۲-۳- بهبود زیرساخت‌ها و همکاری‌های فنی

اغلب نژادهای بومی در مناطقی هستند که در آن‌ها شرایط اجتماعی- اقتصادی خاصی وجود دارد. این امر ممکن است با کمبود زیرساخت‌ها و همکاری‌های فنی همراه باشد؛ مثلاً نقص در شبکه‌های جمع‌آوری و فراوری شیر، کشتارگاه‌ها، شبکه‌های تجاری‌سازی محصولات، و ثبت عملکرد. عدم همکاری متخصصان اصلاح دام یا عدم وجود برنامه‌های اصلاح دام هم نقش منفی بر ثبات و پایداری این نژادها دارد. به احتمال زیاد رفع این محدودیت‌ها می‌تواند شرایط و فرصت‌هایی را برای افزایش عملکردهای اقتصادی نژادهای بومی ایجاد نماید.

۳-۳- پیشرفت ژنتیکی

به‌طور کلی نژادهای بومی، از روش‌های نوین اصلاح دام تا حد زیادی بهره‌ای نبرده‌اند. برنامه‌های انتخاب می‌تواند باعث افزایش توانایی ژنتیکی نژادهای بومی برای تولید و در نتیجه سودآوری شود. اما سه نکته اصلی در این رابطه مطرح است:

---

[1] Anonymous
[2] Drucker
[3] Roosen

- اهداف اصلاح نژاد باید بر مبنای حفظ ارزش‌های نژاد مطرح شود. صفات مورد نظر برای انتخاب باید به دقت از نظر همبستگی ژنتیکی با صفاتی که تعیین‌کننده حفظ ارزش‌های آن نژاد هستند ارزیابی شوند تا از پسرفت این صفات جلوگیری به عمل آید. این موارد شامل سازگاری با محیط خشن یا سیستم‌های تولیدی ورودی- خروجی کم یا صفاتی نظیر طول عمر، باروری و کیفیت گوشت و شیر است.
- طرح اصلاح نژادی باید با محیط پرورش دام سازگار باشد. نیاز به تحقیقات بیش‌تری در این رابطه است تا بتوان طرح‌های اصلاح نژادی سازگار با سیستم‌های تولیدی ورودی- خروجی کم/ متوسط تعریف نمود.
- طرح‌های انتخاب باید با حفظ تنوع ژنتیکی درون نژاد و خطرات ناشی از نرخ بالای همخونی اتخاذ شود. برای رسیدن به این اهداف، یک چهارچوب نظری در سالیان اخیر توسعه داده شده و نرم‌افزاری هم برای این کار در دسترس است (فصل ۸).

٤-۳- بهینه‌سازی سیستم تولید

علاوه بر پیشرفت ژنتیکی، افزایش عملکرد اقتصادی نژادهای بومی هم برای سازماندهی مجدد سیستم‌های تولیدی آن‌ها ضروری است؛ مثلاً برنامه‌ریزی فصلی تولید، تغییر سن و وزن کشتار یا معرفی برخی انواع آمیخته‌های دورگه.

باید توجه لازم به حفظ و نگهداری نژادهای بومی مبذول گردد. به عنوان نمونه در تلاقی بین نژاد دور از هم:

- طرح‌های اصلاحی باید ضامن حفظ جمعیت زنده آن نژاد بومی از طریق برقراری طرح اصلاح نژادی مناسب باشند.
- نژاد می‌تواند برای ایجاد تلاقی‌های تجاری با نژادی دارای عملکرد بالا استفاده شود. دورگه‌های تجاری می‌توانند در سیستم‌های ورودی- خروجی بالا منافع بیش‌تری به همراه داشته باشند؛ درصورتی‌که نژاد بومی باید جهت حفظ ویژگی‌های سازگاریش، در محیط تولیدی اولیه خود نگهداری شود.
- استفاده از نژاد بومی به‌عنوان جمعیت جنس ماده (در عوض جمعیت نر که استفاده از آن سودآورتر است)، سبب می‌شود به‌اجبار جمعیت بزرگی از ژنوتیپ بومیِ سازگار با محیط تولید حفظ گردد.

- استفاده از نژادی با عملکرد بالا که آمیخته‌هایی ایجاد می‌کند که قابل تشخیص با نژادهای بومی نیستند توصیه نمی‌شود؛ زیرا موجب ایجاد خطر ورود ناخواسته ژنوتیپ‌های غیربومی به داخل نژاد بومی می‌شود.

۵-۳- توسعه فعالیت‌ها برای افزایش ارزش بازار محصولات نژادهای بومی

نوآوری‌های موفقی در سال‌های اخیر صورت گرفته که باعث افزایش ارزش تجاری تولیدات سنتی نژادهای بومی شده است. در مقابل، هنوز نیاز به سازوکارهایی احساس می‌شود تا بازار سایر ارزش‌های نژاد نظیر خدمات فرهنگی و محیطی نژاد را هم درک کند. در ادامه این موضوع بیش‌تر مورد بررسی قرار می‌گیرد.

۱-۵-۳- رابطه بین محصولات و نژادها

به‌طورکلی، کنترل و افزایش کیفیت تولیدات کشاورزی، تلفیقی از مواد خام (شیر و گوشت) و مراحل فراوری آن‌ها است. بسیاری از نژادهای بومی، محصولاتی تولید می‌کنند که دارای کیفیت بالاتری نسبت به نژادهای تجاری (که برای صفات کمّی شدیداً انتخاب شده‌اند) هستند. در کشورهایی که بازارهای آن‌ها برای کیفیت تولیدات نژادهای بومی اهمیت قائل است، روابط خاصی میان نژادهای بومی و تولیدات آن‌ها دیده می‌شود. در این بازارها می‌توان تولیدات مختلفی را مشاهده نمود. در این مناطق، تولیدات نژادهای بومی با قیمت‌های بالاتری به فروش می‌رسند که این امر می‌تواند بهره‌وری و سودآوری نژادهای بومی را بهبود بخشد. در بخش‌هایی از جهان که امنیت غذایی زیاد مورد توجه قرار می‌گیرد - نظیر اکثر کشورهای آفریقایی-، این روش به‌ندرت مورد توجه است. به‌هرحال آگاهی از این گزینه در مورد نژادهای بومی در سراسر جهان توصیه می‌شود.

بسیاری از تجربیات موفق در سال‌های اخیر به‌خاطر ارتباط تنگاتنگ و بازاریابی مناسب نژادهای بومی و تولیدات آن‌ها نظیر فراورده‌های لبنی و گوشتی بوده است. چند نمونه از این موارد در پی‌نوشت‌های ۳-۲، ۴-۲ و ۵-۲ نشان داده شده است. افزایش علاقه مردم اروپا به تولیدات غذایی بومی باعث شده که سازمان‌های خاصی مانند اسلو فود[1]

[1] Slow Food

(www.slowfood.com) ایجاد شوند که شرایط مطلوبی را برای این تجربیات به‌وجود آورده است.

پی‌نوشت ۳-۲- برخی فراورده‌های منحصر به فرد نژادهای بومی: پنیرهای پارمیگیانو رگیانو[1] از گاو نژاد رگیانا[2]

در دهه ۱۹۴۰ میلادی، گاوهای شیری نژاد رگیانای ایتالیا، بیش از چهل هزار رأس بودند که البته تا اوایل دهه ۱۹۸۰ میلادی کم‌کم به پانصد رأس تقلیل یافتند. این فرایند ناشی از جایگزینی نژادهای بومی با نژاد پرتولیدتر فریژن بود. در سال ۱۹۹۱ میلادی، اتحادیه نژادهای بومی شروع به بازاریابی برای برند[3] (علامت تجاری) پارمیگیانو رگیانو نمود که فقط از شیر گاو نژاد رگیانا تهیه می‌شد. در نتیجه مشتری‌ها حاضر به پرداخت ۱۰۰-۳۰ درصد بهای بیش‌تر نسبت به پنیرهای معمولی شدند (گاندینی و همکاران، ۲۰۰۷a). افزایش جمعیت گاوها تا تقریباً صددرصد تا سال ۱۹۹۳ میلادی (۱۲۵۰ رأس گاو در سال ۲۰۰۴ میلادی) نتیجهٔ این نوآوری بوده است.

پی‌نوشت ٤-۲- برخی فراورده‌های منحصر به فرد نژادهای بومی: اسکایر[4]، محصول گاو شیری نژاد ایسلندی، میراثی از وایکینگ‌ها

اسکایر از شیر خامه‌گرفته‌ی گاوهای شیری ایسلندی به‌دست می‌آید و غنی از پروتئین و ویتامین بوده، کالری کمی داشته و ۲۰-۱۸ درصد ماده خشک دارد. این محصول برای کودکان کاربرد دارد و بچه مدرسه‌ای‌ها از آن به عنوان نهار استفاده می‌کنند. گاهی هم به‌عنوان یک دسر یا غذای آماده در ایسلند مصرف می‌شود. تولید صنعتی اسکایر از سال ۱۹۲۹ میلادی شروع شد و مصرف آن در دهه گذشته افزایش یافت. امروزه این فراورده به ایالات متحده آمریکا صادر می‌شود و به‌عنوان محصول سالم گاوهای ایسلند و میراث فرهنگی خاص آن منطقه به شمار می‌آید؛ میراثی که از وایکینگ‌ها به ارث رسیده است.

[1] Parmigiano Reggiano
[2] Reggiana
[3] Brand
[4] Skyr

پی‌نوشت ۵-۲- بوقلمون‌های استاندارد آمریکایی: نمونه‌ای از استفاده از ذخایر ژنتیکی برای توسعه غذای تاریخی خاص

تلاش‌های مشترک مؤسسه نژادهای دام‌های اهلی آمریکا و سازمان اسلو فود، منتهی به ایجاد بوقلمون‌های استاندارد آمریکایی شد (نبهان[1] و رود[2]، ۲۰۰۴). این بوقلمون‌ها به وسیله آزتک‌ها[3] بیش از ۲۰۰۰ سال پیش اهلی شدند. از نظر تاریخی، هشت واریته استاندارد آمریکایی در مزارع کوچک خانوادگی پرورش داده می‌شدند. آن‌ها نژادهایی هستند که قابلیت تغذیه عالی دارند و در برابر شرایط سخت و بیماری مقاومند، ولی رشدشان نسبت به نژادهای صنعتی کم‌تر است. تا دهه ۱۹۴۰ میلادی، بوقلمون فقط برای جشن‌های عید و تعطیلات مصرف می‌شد. واریته‌های استاندارد نژادهای پرارزشی هستند که از نظر گوشت و طعم غنی‌تر و لذیذترند. در سال ۲۰۰۱ میلادی سازمان «اسلو فود» توانست فعالیت‌های موفقیت‌آمیزی برای پرورش بوقلمون‌های مذکور و استفاده از آن‌ها در رستوران‌ها و جشن‌ها صورت دهد. امروزه بوقلمون استاندارد آمریکایی به میان مردم بازگشته است.

از این تجربیات نتایج زیر حاصل می‌شود:

- برقراری رابطه تنگاتنگ میان محصول و نژاد، می‌تواند باعث بهبود سودآوری اقتصادی آن نژاد شود.
- ایجاد این رابطه می‌تواند گزینه‌های مختلفی را پیشنهاد کند: مثلاً این رابطه می‌تواند بخشی از پروژه حفاظت از نژاد باشد؛ همانند آن‌چه که در اروپا اتفاق افتاده است. هم‌چنین می‌تواند برای تمایز بیش‌تر یک محصول در یک بازار به‌کار رود.
- بیش‌تر بودن یک نژاد غیر بومی در مزارع دارای نژاد بومی، ممکن است از ایجاد رابطه بین نژاد بومی و محصول ممانعت به عمل آورد (مثلاً دشواری جداسازی شیر نژادهای بومی و غیربومی).
- در برخی از موارد به نظر می‌رسد که رابطه میان محصول و محیط پرورش نژاد، مناسب‌تر و منطقی‌تر از رابطه میان محصول و نژاد باشد.

---

[1] Nabhan
[2] Rood
[3] Aztecs

۲-۵-۳- محصولات فرهنگی و اکولوژیکی نژادها

با مراجعه منابع علمی اروپایی درمی‌یابیم که:

- قبل از فرایند صنعتی شدن و تقویت این صنایع در دهه‌های اخیر، پرورش حیوانات اهلی رابطه تنگاتنگی با استفاده از مزارع داشت و معمولاً به‌صورت وسیع و پراکنده انجام می‌شد. اغلب نواحی که این روزها به‌عنوان مناطق طبیعی تشخیص داده شده‌اند، در حقیقت اکوسیستم‌های زراعی هستند که به وسیله کشاورزان و نژادهای بومی آن‌ها ایجاد و حفظ شده‌اند. در پاره‌ای موارد می‌توان فرایندهای تکامل همزمان و توأم بین نژادها و اکوسیستم‌های زراعی را مشاهده کرد. زوال نژادهای حیوانی و سیستم‌های تولیدی آن‌ها، نگرانی‌هایی است که همواره در مورد این اکوسیستم زراعی و چشم‌اندازهای فرهنگی آن‌ها مدنظر بوده است. نمونه‌هایی از این مناظر را می‌توان در چشم‌اندازهای آلپ و مراتع تابستانی آن که مملو از گله‌های گاو، گوسفند و بز است مشاهده نمود. جنگل‌های بلوط مدیترانه‌ای منطقه پنیمسولای ایبریا، زمین‌های بایر جنوب شرقی مجارستان و بوته‌زارهای شمال غربی اسکاتلند هم نمونه‌های دیگری از آن به شمار می‌آید.
- وقتی چرای دام‌ها متوقف می‌شود، بوته‌ها رشد زیادی می‌یابند که این امر استفاده از این نوع زمین‌ها را برای تفریح و سرگرمی دشوار می‌سازد. کشاورزان و دامداران این چشم‌اندازهای غنی فرهنگی را بسیار زیبا نگه می‌دارند. نمونه‌هایی از این مناطق در چراگاه‌ها و مراتع آلپ است که در تابستان توریست‌های زیادی را به سوی خود جلب می‌کند.
- کاهش چرای دام باعث افزایش خطر آتش‌سوزی‌های طبیعی به ویژه در مناطق مدیترانه یا جاری شدن سیل در مناطق آلپ می‌شود.
- نژادهای بومی اغلب نقش مهمی را در دوره‌های نسبتاً طولانی در حرفه کشاورزی و زندگی اجتماعی جوامع روستایی ایفا نموده‌اند. شواهد زیادی در این رابطه وجود دارد که وجود این نژادهای بومی باعث ایجاد و توسعه زندگی روستایی شده است.
- امروزه نژادهای بومی اغلب نقطه مرجع آداب و سنن محلی هستند. به‌عنوان مثال این نژادها یادآور بسیاری از غذاها، صنایع دستی و آداب و رسوم اجدادی (فولکور) هستند و نقش مهمی در حفظ میراث فرهنگی بومی منطقه از جمله چشم‌اندازهای روستایی ایفا

می‌کنند. در این زمینه، نژادهای بومی قدیمی، عناصر مهمی هستند که «شبکه‌های فرهنگی» لقب گرفته‌اند.

- برخی انواع فراورده‌های با منشأ دامی امروزه توسط دست‌اندرکاران اروپایی توانسته ارزش زیادی پیدا کند. این فراورده‌ها از نژادهای بومی خاص منشأ گرفته و به روش‌ها و مناطق خاص کشاورزی تعلق دارند. این تولیدات بخشی از روش زندگی جوامع روستایی، آداب و سنن غذا خوردن، مذهب، جشنواره‌های بومی- محلی، و ارزش‌های فرهنگی هر منطقه را رقم می‌زنند.

بر اساس این ملاحظات و برخی موارد مشابه، در چند کشور و اتحادیه اروپا، سیاست‌های محیط زیستی- کشاورزی خاصی تدوین شده است که شامل پرداخت یارانه جهت مدیریت چشم‌اندازهای روستایی و اکوسیستم‌های کشاورزی است. البته انتظار نمی‌رود که پرداخت این یارانه‌ها در دراز مدت هم ادامه داشته باشد. بنابراین سؤالی در این رابطه مطرح می‌شود: آیا امکان دارد نوعی ارزش تجاری برای خدمات فرهنگی و بوم‌شناختی نژادهای بومی را توسعه داد؟ با توجه به تجربیات اخیر می‌توان گفت:

- در سال‌های اخیر در اروپا ، کارهایی در زمینه توسعه توریسم فرهنگی و تقویت فرهنگ پرورش نژادهای بومی صورت گرفته است (فلامنت[1] و همکاران، ۱۹۹۵). توریسم فرهنگی به سرعت طی دو دهه گذشته توسعه یافته است و انتظار می‌رود در آینده رشد بیش‌تری نیز پیدا کند. این امر می‌تواند با تلاش‌هایی برای حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی حیوانات اهلی در برخی از کشورهای فقیر همراه شود.
- در جنوب اروپا، انجمن‌های تولیدکنندگان پنیر و نژادهای بومی شروع به توصیف نقش بوم‌شناختی برای نژادهای بومی نموده‌اند. برای مثال از سال ۱۹۹۳ میلادی، در منطقه «ساوی[2]»، تولید شیر گله‌های نژاد «تارانتایز[3]» و «آبوندانس[4]» محدود شده است تا تعداد دام در هر هکتار به حد منطقی برسد. در بخش جنوبی ایتالیا در مناطق آلپ، پنیر فونتینا[5] نیز از گاوهای نژاد والدوستانا[6] تهیه می‌شود که در مراتع تابستانی آلپ به چرا مشغول هستند.

---

[1] Flament
[2] Savoy
[3] Tarantaise
[4] Abondance
[5] Fontina
[6] Valdostana

- در چند بخش از اروپا، مشخص شده است که اسب‌ها برای کمک به برداشت محصول در شرایط مختلف مناسب‌ترند. این امر می‌تواند در حفظ و نگهداری اسب‌های اصیل اروپایی مؤثر باشد.
- چرا به‌وسیله دام‌های اهلی توانسته تنوع زیستی بیش‌تر و اکوسیستم‌های کامل‌تری را ایجاد کند (پی‌نوشت ۶-۲). در بریتانیا پروژه حیوانات اهلی چرا کننده در سال ۱۹۹۷ میلادی توسعه یافت و استفاده از حیوانات اهلی در مدیریت حفظ اکوسیستم‌های با ارزش را تسهیل نمود.

پی‌نوشت ٦-۲- مدیریت اکوسیستم و چرا در مراتع

مطالعات انجام شده درباره تفاوت‌های رفتار چرا و علاقه غذایی به علوفه‌های مختلف بین دو نژاد پرتولید و متوسط تولید در نروژ نشان داد که تفاوت بین نژادها اهمیت زیادی در مدیریت مراتع نیمه طبیعی دارد (سیتر[1] و همکاران، ۲۰۰۶). نژاد پرتولید، گاو نژاد جدید قرمز نروژی (NR) و نژاد متوسط تولید هم نژاد قدیمی STN[2] بود. این دو نژاد از نظر مدت زمان چرا تفاوتی با هم نداشتند؛ اما نژاد NR نیاز بیش‌تری به علوفه غنی داشت و لذا نسبت به نژاد STN، علوفه‌های با کیفیت بالاتر را ترجیح می‌داد. با توجه به این تفاوت‌ها باید گفت کاهش تنوع پوشش گیاهی، این نژاد را بیش‌تر در معرض خطر قرار خواهد داد.

٦-۳- مشوق‌ها

در برخی کشورها نظیر ایتالیا با پرداخت مشوق به دامداران برای جبران سود کم نژادهای بومی، مانع از جایگزینی نژادهای بومی با نژادهای پرتولید تجاری می‌شوند. این موضوع از سال ۱۹۹۲ توسط اتحادیه اروپا هم تأیید و حمایت شده است.

مشوق‌های اقتصادی در موارد زیادی مانع از زوال نژادهای بومی شده‌اند. اما این مشوق‌ها نمی‌توانند تا ابد ادامه داشته باشند. هم‌چنین به رغم حمایت اتحادیه اروپا، پرورش نژادهای بومی توسط دامداران باز هم فاقد توجیه اقتصادی است (سیگنورلو[3] و پاپالاردو[1]، ۲۰۰۳).

[1] Seather
[2] Blacksided Tronder and Nordland Cattle (STN)
[3] Signorello

هم‌چنین هنگام بروز بحران‌های اقتصادی، پرداخت یارانه توسط دولت‌ها با محدودیت مواجه می‌شود. هم در اروپا و هم در سایر نقاط دنیا به‌نظر می‌رسد پرداخت یارانه برای حمایت از نژادهای بومی تحت شرایط خاصی منطقی و امکان‌پذیر باشد. به‌عنوان مثال در اروپا حذف سهمیه تولید شیر برای نژادهای در معرض خطر می‌تواند وضعیت پرورش آن‌ها را به‌طور مؤثری بهبود بخشد. در واقع مشوق‌های اقتصادی به‌جای حمایت مالی صرف از دامدار، باید در جهت تسریع روند ثبات و پایداری نژادهای بومی صرف شوند.

٤- حفاظت به کمک انجماد

بانک ژن فرصت مهمی برای حفظ و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی فراهم نموده است. در این فصل دیدیم که حفاظت به کمک انجماد به ما اجازه می‌دهد به برخی از اهداف حفظ تنوع ژنتیکی دست یابیم. تلفیق روش‌های *in situ* و *ex situ* می‌تواند ابزار قدرتمندی برای دستیابی به همه اهداف حفظ و نگهداری تنوع ژنتیکی فراهم آورد. به‌عنوان مثال در فصل ۸ نشان داده شده که مواد ژنتیکی منجمد شده را می‌توان در طرح‌های مدیریتی جهت کنترل رانش ژنتیکی در جمعیت‌های زنده با اندازه کوچک مورد استفاده قرار داد.

تجزیه و تحلیل‌های این بخش، از دستورعمل تنظیم برنامه‌های ملی حفاظت حیوانات اهلی به کمک انجماد و برخی مقالات معتبر دیگر تبعیت می‌کنند (هیمسترا[2]، ۲۰۰۳). اطلاعات مفصل‌تر در رابطه با این مسایل و جنبه‌های سازمانی، مسایل قانونی، الزامات بهداشتی و نظایر آن برای بانک مواد ژنتیکی منجمد، به تفصیل در راهنمای منتشر شده توسط فائو (۱۹۹۸) و ERFP (هیمسترا، ۲۰۰۳) مطرح و خلاصه‌ای از آن‌ها هم در فصل ۹ بررسی شده است.

میزان نمونه‌گیری از حیوانات اعطاکننده (دهنده) [3]، و نیز نوع و مقدار مواد ژنتیکی که باید ذخیره شود، همگی تابع سرمایه‌های مالی دسترس، محدودیت‌های محلی، دسترسی به مواد ژنتیکی، و بالاتر از همه اهداف ذخیره‌سازی است. این عوامل بر حسب زمان و کشور مورد نظر فرق می‌کند. انجماد مواد ژنتیکی با توجه به اهداف زیر انجام می‌شود:

- برای احیای نژاد، وقتی نژادی در حال انقراض است یا در مواردی که بخش زیادی از جمعیت در حال زوال است.

---

[1] Pappalardo
[2] Hiemstra
[3] Donor

- برای ایجاد لاین/نژادهای جدید، در مواردی که نژاد منقرض شده باشد، با تلفیق مواد ژنتیکی ذخیره شده با مواد ژنتیکی سایر نژادها.
- به عنوان پشتیبان برای تغییر سریع نژادها و یا جهت‌دهی مجدد[1] به نژادها، فرایند تکامل یا انتخاب جمعیت.
- برای حمایت از جمعیت حیوانات اهلی نگهداری شده به‌صورت *in vivo* در طرح‌های حفظ نژاد با استفاده توأم از جمعیت‌های زنده انجماد (cryo aided live): (۱) به عنوان پشتیبان در مواردی که مشکلات ژنتیکی در جمعیت زنده رخ دهد (به‌عنوان مثال از دست رفتن تنوع آللی، همخونی و وقوع ترکیبات ژنتیکی زیان‌آور؛ (۲) برای افزایش اندازه مؤثر جمعیت‌های کوچک و کاهش رانش ژنتیکی.
- به عنوان یک منبع ژنتیکی برای تحقیق.

در ادامه به تجزیه و تحلیل معیارهای کلی انتخاب حیوانات اهلی اعطاکننده (دهنده) و انتخاب مواد ژنتیکی که باید ذخیره شود می‌پردازیم. با توجه به وجود حالت‌های مختلف، نمی‌توان دستور کلی برای ذخیره منابع ژنتیکی داد؛ اما موارد مهم و رایج توضیح داده خواهد شد.

۱-٤- کدام حیوانات اهلی اعطاکننده (دهنده) هستند؟

وقتی انجماد ذخایر ژنتیکی یک نژاد مدنظر باشد، با توجه به اهداف مختلف حفظ مواد ژنتیکی لازم است انواع مختلفی از تنوع ژنتیکی ذخیره شود. انتخاب حیوانات اعطاکننده با توجه به معیارهای خاصی انجام می‌گیرد:

- نمونه‌گیری تصادفی به منظور حفظ نمونه‌ای که نماینده تنوع ژنتیکی آن نژاد باشد. این روش احتمالاً معمول‌ترین شیوه است.
- انتخاب حیوانات حامل ژنوتیپ‌ها/آلل‌ها/هاپلوتیپ‌های[2] خاص، جهت ایجاد تغییر یا بازیابی[3] تکامل/ انتخاب جمعیت، برای الحاق ژن[4] و ایجاد لاین‌ها/نژادهای جدید. انتخاب افراد می‌تواند بر پایه نشانگرهای ژنتیکی، ارزش‌های اصلاحی[5]، فنوتیپ، یا اطلاعات شجره‌ای آن‌ها باشد. در پی‌نوشت ۷-۲ مثالی از بانک اسپرم بریتانیا جهت ریشه‌کنی

[1] Reorient
[2] Haplotype
[3] Reorient
[4] Introgression
[5] Breeding Value

بیماری اسکراپی[1] از جمعیت گوسفندان مطرح شده است. بانک ملی اسپرم منجمد فرانسه (واریر[2]، ۲۰۰۳) توصیه کرده است اسپرم نژادهای تحت انتخاب شدید و مواد ژنتیکی گاوهای دومنظوره تحت انتخاب برای تولید شیر و گوشت، به‌صورت دوره‌ای ذخیره شود.

- حداکثرسازی تنوع ژنتیکی- در موارد خاصی ممکن است نیاز به ذخیره نمونه‌های حاصل از حداکثر تنوع ژنتیکی یک نژاد باشد؛ همانند آن‌چه در بانک اسپرم فرانسه ذخیره شده است (واریر و همکاران، ۲۰۰۳). هدف ذخیره این تنوع زیاد ژنوتیپ‌ها این است که ممکن است این ژنوتیپ‌ها در تغییر تکامل جمعیت مناسب باشند. اگر اطلاعات مربوط به شجره یا نشانگرهای مولکولی مربوط به حیوانات اعطاکننده (دهنده) در دسترس باشد، می‌توان سهم تعداد اسپرم‌ها و/یا جنین‌های حیوانات اعطاکننده (دهنده) به بانک‌ژن را به‌صورت تابعی از خویشاوندی میان آن‌ها بهینه کنیم. سپس می‌توان حیوانات را به منظور به‌حداقل رساندن همپوشانی ژنتیکی میان حیوانات اهلی کاندید (داوطلب) انتخاب کرد. این کار می‌تواند طبق روش‌های کابالرو[3] و تورو[4] (۲۰۰۲) و یا روش ادینگ و همکاران (۲۰۰۲) به‌صورت زیر انجام داد (فصل‌های ۵ و ۸):

$$K_a = \sum_i \sum_j c_i \; c_j \; k_{ij}$$

در این‌جا $\sum_i (\sum_j)$ مجموع همه کاندیدهای دهنده، k_a میانگین خویشاوندی میان دهنده‌های انتخاب شده، k_{ij} ضریب خویشاوندی بین/ میان حیوانات کاندید i و j، و c_i (c_j) سهم نسبی حیوان i در هسته است.

انتخاب حیواناتی که باید بانک ژن را تشکیل دهند براساس سهم آن‌ها در هسته انجام می‌شود. برای مثال اگر حیوانی دارای سهمی معادل صفر باشد، نمی‌تواند به عنوان دهنده درنظر گرفته شود؛ زیرا ژن‌های آن حیوان به وسیله سایر حیوانات انتخاب شده به‌عنوان دهنده، در بانک ژن بروز یافته است. سهم بهینه c_i، مقدار k_a را به حداقل می‌رساند. این موضوع در فصل‌های ۵ و ۸ توضیح داده شده است. یک کاربرد این روش برای انتخاب حیوانات والد در برنامه‌های اصلاح نژاد آبزیان به وسیله هایز[5] و همکاران (۲۰۰۶) ارایه شده است. در عوض بررسی

[1] Scrapie
[2] Verrier
[3] Caballero
[4] Toro
[5] Hayes

سازوکارهای نگهداری یک نژاد از طریق انجماد و ذخیره مواد وراثتی، هدف می‌تواند منجمد کردن ذخایر ژنتیکی[1] جمعیت‌های مختلف با استفاده از سهم هر جمعیت باشد. در این رابطه، روشی برای محاسبه سهم بهینه‌ی هر جمعیت ارایه شده که روشی ارزشمند است (تورو و همکاران، ۲۰۰۶) و می‌توان برای اطلاع از جزئیات آن به فصل ۵ مراجعه نمود.
بالاخره این‌که به‌طورکلی در برخی موارد ممکن است لازم باشد با آمیزش‌های مناسب، حیوانات دهنده خاصی ایجاد نمود.

۲-٤- چه تعداد حیوان اهلی اعطاکننده (دهنده) لازم است؟

تعداد حیوانات دهنده و میزان خویشاوندی میان آن‌ها، بر مقدار تنوع ژنتیکی ذخیره شده در بانک ژن منجمد شده مؤثر است. در صورت نمونه‌برداری تصادفی با استفاده از افراد هتروزیگوت به عنوان یک پارامتر تنوع ژنتیکی، نسبت هتروزیگوتی[2] نژاد در بانک ژن به‌صورت 1-[1/(2N)] خواهد بود که N تعداد افراد دهنده است. در اغلب موارد پیشنهاد می‌شود از ۲۵ دهنده استفاده شود تا ۹۸ درصد هتروزیگوسیتی را حفظ کند (اسمیت، ۱۹۸۴). وقتی می‌خواهیم تنوع آللی را تسخیر کنیم و اطلاعات نشانگر را برای دهنده‌های احتمالی نداریم، احتمال ذخیره یک آلل خاص، تابعی از فراوانی آن (p) در جمعیت نمونه‌برداری شده و تعداد افراد دهنده (N) است و معادل $1-(1-p)^{2N}$ خواهد بود. البته وقتی هدف خاصی مطرح باشد، ممکن است نیاز به تعدادی خاصی دهنده باشد.

۳-٤- چه نوع و چه مقدار مواد ژنتیکی باید ذخیره شود؟

در جدول ۳-۲، مواد ژنتیکی موجود یا در حال توسعه برای ذخیره در بانک ژن، با کارایی زیستی این مواد ژنتیکی در رسیدن به برخی اهداف انجماد مواد ژنتیکی مقایسه شده است. راجع به هزینه‌ها هم در بخش‌های بعدی بحث شده است.
تخمک‌ها با جنین از نظر کارایی دستیابی به اهداف مختلف انجماد مواد ژنتیکی متفاوت هستند. زیرا بر خلاف رویان، در مورد تخمک‌ها هنوز می‌توان آمیزش مورد نظر را انتخاب کرد. با این وجود، در جدول فوق تخمک‌ها با رویان‌ها یکی درنظر گرفته شده‌اند. رویان‌ها می‌توانند اولین گزینه برای احیای نژادها باشند و پس از آن‌ها سلول‌های سوماتیک یا بدنی

[1] Germplasm Pool
[2] Hetrozygosity

(همسانه‌سازی) گزینه بعدی هستند. فرض بر این است که روش همسانه‌سازی به زودی قابل دسترس باشد. اسپرم، ماده ژنتیکی انتخابی برای ایجاد نژادهای مصنوعی، ادغام ژن و کمک در مدیریت ژنتیکی برنامه‌های *in situ* یا *ex situ* است. برای این منظور، رویان‌ها و سلول‌های بدنی (غیرجنسی) کارایی کم‌تری دارند. هم‌چنین می‌توان با استفاده از اسپرم برای تلاقی با حیوانات ماده حاصل از تلاقی برگشتی[1]، نژاد را مجدداً احیا نمود. تعداد نسل را n در نظر می‌گیریم که که در نسل F1، مقدار n معادل ۱ است. بنابراین در نسل n تعداد n-1 آمیزش برگشتی انجام شده است. در نسل n، نسبت مورد انتظار ($1-5^n$) ژن‌های اسپرم منجمد شده در جمعیت آخرین آمیزش برگشتی وجود دارد. برای مثال در یک طرح احیای نژاد، انتظار می‌رود با پنج نسل آمیزش برگشتی، ۹۷ درصد ژنوم اولیه در این جمعیت احیا شود (هیل، ۱۹۹۳). انجام این روش با اسپرم دارای محدودیت‌هایی است. مثلاً نمی‌توان صددرصد ژن‌های نژاد اصلی را احیا نمود. هم‌چنین هنگام استفاده از سلول‌های بدنی (غیرجنسی یا سوماتیک)، اثرات سیتوپلاسمی متغیر خواهد بود. با افزایش تعداد نسل‌های تلاقی برگشتی، درصد ژن به‌میزان کم‌تری افزایش خواهد یافت، اما اسپرم مورد نیاز در برخی از موارد به‌طور نمایی افزایش خواهد یافت. به‌علاوه در مورد احیای نژاد، وقتی پتانسیل تولیدمثل حیوانات ماده کم باشد (مثل گاو و اسب)، میزان اسپرم مورد نیاز برای این کار می‌تواند بسیار زیاد باشد. برای حل این مشکلات می‌توان ترکیبی از اسپرم و رویان را به جای هر کدام به تنهایی استفاده کرد (بوئتچر[2] و همکاران، ۲۰۰۵). در این مورد، احیای نژاد با تکثیر تعداد خاصی از حیوانات جنس ماده از بین رویان‌های منجمد شده با اسپرم‌های منجمد صورت می‌گیرد.

جدول ۳-۲ اهداف حفظ و نگهداری نژادها با استفاده از روش‌های مختلف *ex situ*

هدف	اسپرم	رویان	سلول‌های بدنی (سوماتیک)
بازسازی نژاد	بلی، اما کم‌تر از صد درصد	بلی	بلی
ایجاد نژادهای مصنوعی	بلی	ضعیف	ضعیف
ادغام ژن	بلی	ضعیف	ضعیف
تلفیق روش انجماد و زنده	بلی	ضعیف	ضعیف
مطالعات QTL	بلی	ضعیف	ضعیف

[1] Backcrossing
[2] Boettcher

در نژادهایی که تعداد دهنده‌های ماده کم است و نمی‌توان رویان‌های مورد نیاز را از ذخایر جنینی تأمین کرد، تعداد اسپرم و رویان قابل تغییر خواهد بود. تنوع نژاد را می‌توان با استفاده از تلقیح اسپرم ذخیره شده روی تعداد کمی از حیوانات اهلی موجود در طرح *ex situ* زنده بازیابی کرد. در پی‌نوشت ۸-۲ نشان داده شده که چگونه می‌توان وقتی هدف از انجماد مواد ژنتیکی، ذخیره‌سازی آن‌ها برای بازیابی نژادها در آینده است، مقدار مواد ژنتیکی را تعیین نمود. اطلاعات موجود در پی‌نوشت ۸-۲، مقادیر مورد انتظار هستند و اگر تعداد افراد کم باشد، واریانس می‌تواند بالا باشد. شبیه‌سازی برای به‌دست آوردن اطمینان بیش‌تر در رسیدن به اهداف مورد نظر ضروری است (بوئتچر و همکاران، ۲۰۰۵). یک توصیه مشترک در این رابطه، تهیه مواد ژنتیکی کافی برای دو بانک ژن است. این مواد باید در مکان‌های جداگانه ذخیره شوند تا از خطرات مربوط به بلایای طبیعی یا خطاهای سهوی کاسته شود. در آینده، دسترسی به فناوری‌هایی نظیر تعیین جنسیت رویان و اسپرم و باروری به‌صورت آزمایشگاهی (*in vitro*) با هزینه کم، می‌تواند مقدار ماده ژنتیکی لازم برای ذخیره را کاهش دهد. گرفتن اسپرم از اپیدیدیموس[1] حیواناتی که در کشتارگاهها ذبح می‌شوند، می‌تواند فرصت‌های لازم برای ایجاد بانک‌های اسپرم ایجاد کند (گاندینی و همکاران، ۲۰۰۷b).

کارایی روش‌های تولیدمثل و انجماد در حال افزایش است؛ اما هنوز بین گونه‌های مختلف حیوانات از این نظر تفاوت‌هایی وجود دارد. جدول ۴-۲، وضعیت روش‌های مختلف حفظ و نگهداری اسپرم منجمد را نشان می‌دهد.

[1] Epididymus

جدول ٤-٢ کارایی حفظ مواد ژنتیکی به‌صورت منجمد در گونه‌های مختلف حیوانات

+ = این روش به‌صورت رایج در دسترس است؛ ٠ = نتایج تحقیقاتی آن مثبت بوده است؛ * = فعلاً در مرحله پژوهشی است؛ - = در حال حاضر امکان‌پذیر نیست؛ ؟ = این روش هنوز ناشناخته است.

گونه‌ها	اسپرم	تخمک	رویان	سلول‌های بدنی (سوماتیک)
گاو	+	+	+	٠
گوسفند	+	٠	+	٠
بز	+	*	+	٠
اسب	+	٠	٠	٠
خوک	+	٠	٠	٠
خرگوش	+	؟	+	٠
مرغ	+	-	-	٠
برخی گونه‌های ماهی	+	*	*	*
سگ	+	؟	؟	٠
گربه	٠	٠	٠	٠

همان‌طور که گوسفندی به نام دالی[1] به وسیله سلول‌های سوماتیک پستان با روش‌های همسانه‌سازی[2] ایجاد شد، می‌توان سایر حیوانات را نیز از روی سلول‌های سوماتیک دوباره‌سازی نمود. سایر گونه‌ها هم به این روش همانندسازی شده‌اند: اسب، گاو، خوک، سگ، و گربه. از روش انتقال هسته بین گونه‌ها هم استفاده می‌شود. ذخیره سلول‌های بدنی ارزان است (گرونولد، ۲۰۰۵)؛ اما تاکنون نتوانسته‌ایم از این روش به‌عنوان روشی معمول برای احیای حیوانات اهلی یا یک نژاد استفاده نماییم. اما با توجه به پیشرفت علم و هزینه‌های نسبتاً کم انجماد سلول‌های بدنی، این روش می‌تواند مورد توجه قرار گیرد. انجماد تخمک در گاو

[1] Dolly
[2] Cloning

امکان‌پذیر است، اما کارایی رشد و نمو آزمایشگاهی (*in vitro*) آن بعد از تلقیح و نرخ ماندگاری بعد از انجماد هنوز پایین است. در نتیجه، ابزارهای موجود در حال حاضر، ذخیره اسپرم و رویان است. اما انجماد تخمک و سلول‌های بدنی نیز می‌توانند در صورت فقدان روش‌های دیگر مورد استفاده قرار گیرند و به عنوان ابزارهایی مکمل مطرح باشند. تجزیه و تحلیل جامعی درباره فناوری‌های حفظ و نگهداری مواد ژنتیکی منجمد توسط هیمسترا[1] (۲۰۰۳) منتشر شده است.

پی‌نوشت ۷-۲- ایجاد یک بانک ژن برای کاهش خطرات مربوط به ریشه‌کنی بیماری جرب[2]

جرب نوعی انسفالوپاتی[3] اسفنجی شکل قابل انتقال (TSE) در گوسفندان به شمار می‌آید. پنج هاپلوتیت در تفرق ژن پروتئین پریون گوسفند (PrP) دیده شده است: ARR، AHQ، ARH، ARQ و VRQ که در میزان مقاومت در برابر جرب دخالت دارند. اولین و آخرین هاپلوتیپ به‌ترتیب دارای بیش‌ترین مقاومت و حساسیت در برابر بیماری هستند. به‌دلیل احتمال ارتباط انسفالوپاتی[4] اسفنجی شکل قابل انتقال گوسفندی انسفالوپاتی اسفنجی شکل گاوی (BSE)، برنامه‌های اصلاح نژادی در اروپا برای حذف هاپلوتیپ‌های حساس‌تر از جمعیت گوسفندان و افزایش فراوانی و تثبیت آلل ARR انجام شد. اما سه خطر در مورد ریشه‌کنی ژنوتیپ جرب مطرح است (روگاسدج[5] و همکاران، ۲۰۰۶): اولاً این امکان وجود دارد که TSE جدیدی ظاهر شود که هاپلوتیپ ARR نتواند نسبت به آن مقاوم باشد. ثانیاً خطر از دست رفتن بعضی صفات مطلوب که با ژنوتیپ‌های ریشه‌کن شده مرتبطند وجود دارد. البته تاکنون ارتباطی بین انواع PrP و صفات تولیدی شناسایی نشده است. خطر سوم احتمال از دست دادن تنوع ژنتیکی از جمعیت‌ها به‌خاطر انتخاب شدید روی ژنوتیپهای PrP است. به همین دلیل برای بیمه شدن در برابر این سه خطر، اخیراً بانک اسپرمی در بریتانیا ایجاد شد که هدف آن ذخیره هاپلوتیپ‌های PrP بود که انتظار می‌رفت پس از اجرای برنامه ریشه‌کنی این بیماری، در جمعیت از بین رود.

[1] Hiemstra
[2] Scrapie
[3] Encephalophaty
[4] Encephalophaty
[5] Rougasedge

این هدف خاص از حفاظت ژنتیکی مستلزم تصمیم‌گیری خاصی است تا افراد دهنده انتخاب شده و مقدار مواد ژنتیکی لازم برای ذخیره کردن هم مشخص شود. این تصمیمات را می‌توان ابتدا با شبیه‌سازی سناریوهای مختلف برای احیای هاپلوتیپ‌های حذف شده در جوامع گوسفندان بررسی و اولویت‌بندی کرد. با توجه به انتخاب قوچ‌های دهنده، به‌منظور جلوگیری از خطر سوم یعنی کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت، می‌توان از سازوکار نمونه‌برداری مناسب استفاده کرد (فرناندز و همکاران، ۲۰۰۶) تا سهم بهینه تمامی قوچ‌های کاندید تجزیه و تحلیل شود (فصل‌های ۵ و ۸) و به فراوانی مورد نظر هاپلوتیپ‌های حذف شده در بانک اسپرم برسیم. در این حالت، تنوع ژنتیکی در سایر جایگاه‌های ژنی غیر متصل با اهداف برنامه ریشه‌کنی هم حفظ خواهد شد.

پی‌نوشت ۸-۲- مقدار مواد ژنتیکی که باید در بانک ژن ذخیره شود تا یک نژاد بازسازی شود

این پی‌نوشت مقدار مواد ژنتیکی که باید به‌صورت منجمد ذخیره شوند تا در صورت انقراض آن نژاد، جمعیتی با ۲۵ نر و ۲۵ ماده در سن جفت‌گیری ایجاد کنند را نشان می‌دهد.

تعداد جنین مورد نیاز برای احیای ۲۵ ماده از طریق زیر محاسبه می‌شود:

معادله (۱-۲) $$\text{جنین } N° = ۲۵/(pf \times c \times sr \times sb)$$

که pf احتمال آن است که جنین ماده باشد، c نرخ آبستنی، sr و sb به‌ترتیب احتمال بقای فرد دریافت‌کننده تا هنگام زایمان و فرد تازه متولدشده از هنگام تولد تا سن باروری است. فرض را بر این قرار می‌دهیم که جنسیت جنین‌ها مشخص نشده باشد. بنابراین تعداد ۲۵ حیوان نر هم در کنار این ماده‌ها به‌دست خواهیم آورد.

احیای نژاد فقط با استفاده از اسپرم به‌وسیله ایجاد تلاقی‌های F1 به‌دنبال یکسری نسل‌های تلاقی برگشتی انجام می‌شود. تعداد دوز اسپرم مورد نیاز برای ایجاد ۲۵ فرد ماده می‌تواند به صورت زیر محاسبه شود (الیور[1] و رنارد[2]، ۱۹۹۵):

معادله (۲-۲) $N°\text{دوز اسپرم}=d\times F\times np$

که d تعداد دوزهای مورد نیاز برای هر دوره زایمان، F تعداد ماده‌هایی که باید در طی فرایند احیا تلقیح شوند تا ۲۵ فرزند ماده به‌دست آید و به‌صورت $۲۵\times(r+r^2+....+r^n)$ محاسبه می‌شود که r عکس طول عمر تولیدی مورد انتظار دختران بارور حاصل از ماده‌ای است که میانگین np زایمان دارد. با محاسبه ماده‌ها در یک زمان مشخص، می‌توانیم np را کم‌تر از میانگین گونه تنظیم کنیم: در این روش، زمان احیای نژاد کاهش خواهد یافت، اما r، F و تعداد دوز اسپرم افزایش خواهند یافت. بالاخره n تعداد نسل‌هایی است که ما تصمیم داریم از آن‌ها بهره‌برداری کنیم. ازآن‌جایی‌که فرض کردیم اسپرم‌ها تعیین جنسیت نشده‌اند، در پایان ۲۵ نر هم خواهیم داشت. لطفاً توجه کنید که استفاده از اسپرم تعیین جنسیت شده، مقدار اسپرمی که باید ذخیره شود را کاهش می‌دهد. گاهی اوقات انتخاب داخل خانواده در طی احیای نژاد توصیه می‌شود که باید طبق معیار F انجام شود.

از طریق ذخیره ترکیبی از اسپرم و جنین، می‌توان احیای نژاد را با تعداد ماده کم‌تر از ۲۵ جنین منجمد شروع کرد و تکثیر را با استفاده از اسپرم‌های بانک ژن ادامه داد تا احیای نژاد به نتیجه دلخواه برسد (۲۵ ماده بارور). در این حالت، استفاده از معادله ۲-۲ تعداد دوز اسپرم را بیش از حد براورد می‌کند؛ زیرا به طول عمر افراد ماده توجه نشده است. مقدار اسپرم را می‌توان با شبیه‌سازی رایانه‌ای نیز محاسبه کرد. اگر فرض شود جنسیت اسپرم تعیین نشده باشد، در پایان فرایند احیای نژاد، ۲۵ نر خواهیم داشت.

در طی این فرایند احیای نژاد فقط توسط اسپرم، باید به حداقل رساندن کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از رانش ژنتیکی توجه کنیم.

[1] Ollivier
[2] Renard

مثال (تولید بز):

الف) ذخیره فقط جنین (با فرض این‌که pf=۰/۵، c=۴، sr=۰/۹، و sb=۰/۸ باشد) : ۱۷۴ جنین باید ذخیره شود.

ب) ذخیره فقط اسپرم (با فرض این‌که n=۵، d=۲، و r=۰/۶۷ باشد و np برای اجتناب از افزایش مدت زمان احیا به بیش از ده سال، معادل سه تنظیم شد): F=۴۵ و ۲۷۰ دوز اسپرم باید ذخیره شود.

ج) ذخیره جنین و اسپرم: نتایج حاصل توسط بوئتچر و همکاران (۲۰۰۵) (در این مورد، هیچ محدودیتی برای تعداد زایمان در نظر گرفته نمی‌شود: np=۴؛ r=۰/۵) : ۴۳ جنین و ۶۵ دوز اسپرم یا ۱۰۸ جنین و ۴۵ دوز اسپرم.

زمان برای احیای نژاد: فقط جنین= ۲سال؛ فقط اسپرم= ۹/۴ سال؛ جنین+ اسپرم= ۵/۴ و ۳/۲ سال به‌ترتیب برای دو مورد فوق. مقادیر جنین و اسپرم محاسبه شده در قسمت بالا باید برای ایجاد دو پایگاه ذخیره منابع ژنتیکی، دو برابر شود.

۵- هزینه‌ها

منابع مالی در دسترس برای حفظ منابع ژنتیکی حیوانات اهلی معمولاً محدود است. البته هزینه‌هایی که در این رابطه صرف می‌شود، با توجه به نژاد، نوع برنامه، کشور و منطقه متفاوت است. در این زمینه مقالات کمی منتشر شده است. هزینه‌های طرح‌های *in situ*، *ex situ* و تلفیق این دو روش برای برنامه‌های حفظ و نگهداری گاو آفریقایی در یک دوره زمانی پنجاه ساله مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته است (ریست- مارتی[1]، ۲۰۰۶). توسعه سیاست‌ها و برنامه‌های حفظ و نگهداری ذخایر ژنتیکی مستلزم تجزیه و تحلیل هزینه‌های مربوطه است. مدلی برای اختصاص بهینه منابع مالی جهت حفاظت از تنوع ژنتیکی توسط سیمیئانر[2] (۲۰۰۳) پیشنهاد شده است. برای مقایسه هزینه‌های دو روش *in situ* و *ex situ* لازم است:

- دوره زمانی حفظ ذخایر ژنتیکی باید تعریف شود. در صورت حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی به‌صورت منجمد، هزینه‌ها تابع سال‌های استفاده از آن است. یکی از مزایای روش حفظ و نگهداری به‌صورت منجمد نسبت به روش *in situ*، ارزان‌تر بودن این روش با

[1] Reist-Marti
[2] Simianer

گذشت زمان است؛ زیرا در روش‌های دیگر باید هر سال هزینه‌های نگهداری حیوانات زنده را متقبل شد.

- باید مشخص شود هزینه‌های انجماد و نگهداری مواد ژنتیکی منجمد چه قدر است. حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی به‌صورت اسپرم منجمد برای احیای نژاد بیش‌تر است (لومکر[1] و سیمون[2]، ۱۹۹۴).

بنابراین این نوع مقایسه‌ها بستگی به فرضیه‌ها و اطلاعات خاصی راجع به ساختار طرح و نژاد مربوطه دارد. با توجه به مقالات منتشر شده، سه روش می‌تواند در اجرای این فرایند مؤثر باشد.

- **روش *in situ***: روش مذکور شامل حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی حیوانات اهلی بومی از طریق بهره‌برداری پایدار از آن‌ها است. این روش می‌تواند به شرح زیر انجام شود: (۱) پرداخت تشویقی به دامداران تا بتوان بازدهی اقتصادی را افزایش داد و با این کار شکاف درآمدی بین پرورش نژادهای در معرض خطر و نژادهای تجاری را پر کرد. برای تعیین مقدار مشوق‌ها لازم است نژادها مقایسه شوند؛ (۲) مدت زمان پرداخت‌های تشویقی به دامداران، بستگی به دوره‌ای دارد که لازم است تا نژادها به خودپایداری[3] برسند؛ (۳) سوق دادن نژادها به سمت خودپایداری مستلزم صرف هزینه‌هایی برای کمک‌های فنی، توسعه انجمن‌های نژادی، ثبت عملکرد یا رکوردگیری، و اجرای طرح‌های اصلاح نژادی و نیز صرف هزینه‌هایی برای شناساندن، تعیین کیفیت و بازاریابی محصولات (فرهنگی و بوم‌شناختی) مربوط به نژاد باشد. باید توجه شود که وقتی نژاد به خودپایداری می‌رسد، هزینه‌های حفظ و نگهداری آن به صفر می‌رسد. هزینه طرح‌های استفاده از حیوانات زنده به‌همراه مواد ژنتیکی منجمد هم باید محاسبه شود.
- **روش *ex situ* زنده:** هزینه این روش مساوی است با تفاضل میان سود حاصل از پرورش نژادهای تجاری و نژادهای در معرض خطر انقراض که مشابه هزینه روش *in situ* در آغاز است. سازوکارهای بازار برای ارتقای صنعت توریسم (نگهداری گله‌ها در مناطق محافظت شده و اراضی طبیعی، نمایش زندگی دامداری و نظایر آن) و ارتقای کیفیت تولیدات می‌تواند میزان سودآوری را افزایش دهد. هزینه طرح‌های استفاده از حیوانات زنده به‌همراه مواد ژنتیکی منجمد هم باید محاسبه شود.

---

[1] Lomker
[2] Simon
[3] Self-Sustainability

- **حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی منجمد *ex situ*:** کل هزینه‌های حفظ و نگهداری منابع ژنتیکی منجمد شامل هزینه جمع‌آوری، ذخیره، هزینه‌های نگهداری درازمدت منابع ژنتیکی و احیای مجدد نژاد است. هزینه جمع‌آوری و ذخیره، تابع مقدار منابع ژنتیکی مورد نیاز و هزینه‌های هر واحد از آن است. هزینه‌های هر واحد در کشورها و نواحی مختلف جهان متفاوت است. مطالعاتی با استفاده از روش شبیه‌سازی نشان داد که تنوع زیادی از نظر هزینه‌ها در میان گونه‌های اصلی حیوانات اهلی وجود دارد و این هزینه‌ها به عوامل زیر بستگی دارد: سازوکارهای اداره بانک ژن (ذخیره اسپرم، ذخیره جنین یا ذخیره هر دو)، وجود یا عدم وجود بازاری برای اسپرم نژادها، جمع‌آوری استاندارد اسپرم یا گرفتن اسپرم از اپیدیدیموس، و وجود یا عدم وجود هزینهٔ خرید حیوانات دهنده (گاندینی، ۲۰۰۷b). در مجموع ذخیره رویان از ذخیره توأم رویان و اسپرم یا ذخیره اسپرم به تنهایی گران‌تر است که این امر به دلیل هزینه‌های بالاتر ذخیره و جمع‌آوری رویان در اغلب گونه‌ها است. البته در پاره‌ای موارد، هزینه‌های ذخیره توأم رویان و اسپرم تفاوت زیادی با ذخیره اسپرم ندارد. در مجموع به نظر می‌رسد که دستورعمل واحدی برای نحوه ایجاد بانک ژن وجود ندارد و باید در هر مورد از ابزارهای موجود جهت براورد هزینه‌ها با توجه به اهداف حفظ و نگهداری آن نژاد، نوع نژاد و روش کار استفاده کرد.

٦- تصمیم‌گیری

در اغلب موارد به خاطر محدود بودن منابع انسانی و مالی، همه نژادها اولویت یکسانی از نظر حفظ و نگهداری ندارند. در فصل ۶ معیارها و روش‌های انتخاب نژادها جهت حفظ و نگهداری بررسی خواهد شد. این نژادها بر اساس سیاست‌های کلی نظیر حفظ و نگهداری تنوع ژنتیکی برای استفاده‌های آتی و/یا حفظ تنوع فرهنگی روستا و/یا توسعه نواحی روستایی انتخاب خواهند شد. هزینه‌های این کار بستگی به تعداد نژادها دارد. این انتخاب ممکن است در کشورهای مختلف فرق داشته باشد؛ زیرا علایق و اولویت‌های دولت‌ها و جوامع انسانی فرق می‌کند. همزمان با انتخاب، سؤالاتی مطرح می‌شود: کدام یک از روش‌های *in situ* یا *ex situ* و یا تلفیق این دو روش استفاده شوند؟

در این فصل توانایی هر روش در رسیدن به اهداف حفظ و نگهداری بررسی و تجزیه و تحلیل شد. هم‌چنین روش‌های *in situ* و *ex situ* به‌طور مفصل و با ذکر جزئیات بررسی شدند. نحوه

تجزیه و تحلیل هزینه‌های نگهداری در روش‌های مختلف هم در این فصل بیان شد. در این‌جا روشی برای انتخاب مناسب‌ترین شیوه حفظ و نگهداری ذخایر ژنتیکی بر اساس پنج مرحله مختلف ارایه می‌شود (شکل ۱-۲):

۱) کدام روش حفظ و نگهداری را باید برای یک نژاد به‌کار برد؟

انتظار می‌رود که ارزیابی دقیقی از ارزش‌های حفظ و نگهداری نژاد هنگام انتخاب نژادها انجام شود. به خاطر بسپارید که تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی درون و بین نژادها، معیار هدفمندی داشتیم؛ اما هنوز ابزارهای استانداردی برای ارزیابی سایر ارزش‌های یک نژاد نظیر خدمات اجتماعی- اقتصادی و بوم‌شناختی نژاد نداریم.

۲) رتبه‌بندی روش‌ها را از نظر کارایی در رسیدن به اهداف حفظ و نگهداری

تمام روش‌های مطرح شده تاکنون، اثربخشی یکسانی از نظر رسیدن به اهداف حفظ و نگهداری نژادها ندارند. طبق شکل ۱-۲، رتبه روش‌های مختلف (*in situ*، *ex situ* زنده، و انجماد) یا تلفیق این روش‌ها، تابع کارایی آن‌ها در رسیدن به اهداف حفظ و نگهداری نژادها است که از قبل تعریف شده است. اگر بهره‌برداری پایدار از نواحی روستایی، به‌عنوان یک هدف مطرح باشد، نگهداری نژاد در داخل سیستم تولید (روش *in situ*) و در برخی موارد روش *ex situ* زنده تنها روش در دسترس است. حفظ و نگهداری به‌صورت منجمد هم می‌تواند در کنار دو روش *in situ* و *ex situ* زنده، خطر انقراض نژاد را کاهش دهد. هنگام رتبه‌بندی باید عوامل مربوط به روش کار (جدول ۲-۲) همانند ایجاد فرصت برای تکامل/سازگاری نژاد و دستیابی به اطلاعات بیش‌تر درباره ویژگی‌های نژاد نیز درنظر گرفته شود.

۳) رتبه‌بندی روش‌ها از نظر خطر عدم موفقیت

روش‌ها را از نظر خطر عدم موفقیت تجزیه و تحلیل کنید. روش‌هایی را که سطح خطر آن‌ها غیرقابل قبول است حذف کنید. به‌عنوان مثال در روش *in situ*، خطر عدم موفقیت تابع عوامل زیر است:

- امکان کنترل رانش ژنتیکی (به‌عنوان مثال دسترسی به تکنسین‌های ماهر، ساختار دامداری معقول و مدیریت ژنتیکی مناسب)؛
- امکان حذف عواملی که در گذشته موفقیت در زمینه حفظ و نگهداری نژاد را محدود کرده یا از بین می‌بردند؛
- امکان داشتن جمعیت‌های خودپایدار اقتصادی؛
- احتمال بی‌ثباتی سیاسی، و اجتماعی- اقتصادی؛
- احتمال شیوع بیماری و نظایر آن.

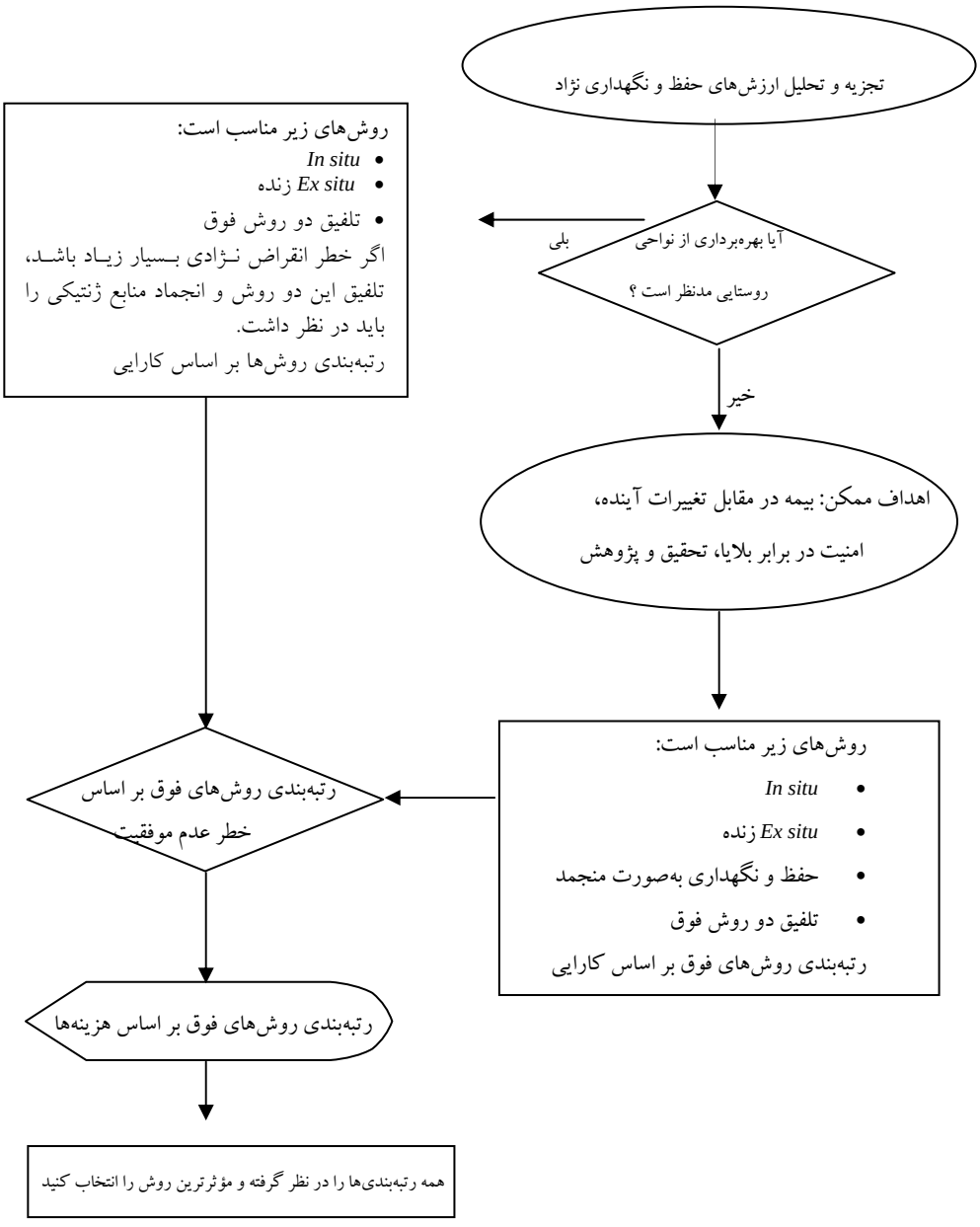
٤) رتبه‌بندی روش‌ها از نظر هزینه

در مورد روش‌هایی که خطر عدم موفقیت آن‌ها در سطح معقولی است، باید هزینه‌ها را ارزیابی کرد. تمام روش‌ها را بر اساس هزینه‌های آن‌ها رتبه‌بندی کنید.

۵) انتخاب شیوه

به رتبه‌بندی‌های مختلف توجه کنید: (۱) کارایی در دستیابی به اهداف حفظ و نگهداری؛ (۲) خطر عدم موفقیت؛ (۳) هزینه‌ها. اهمیت و وزن هر یک از این عوامل بستگی به علایق و اولویت‌ها، منابع مالی موجود و سازوکار مورد نظر دارد.

بالاخره این‌که همان‌گونه که در بالا یادآور شدیم، انتخاب شیوه حفظ و نگهداری نژاد باید همزمان با انتخاب نژاد صورت گیرد و توجه شود که این دو فرایند بر یکدیگر تأثیرگذار هستند.



شکل ۱-۲ انتخاب روش حفظ و نگهداری نژاد

منابع

Anonymous, 2003. Special Issue on Animal Genetic Resources. 2003. Ecological Economics, 45 (3).

Boettcher, P.J., A. Stella, F. Pizzi and G. Gandini. 2005. The combined use of embryos and semen for cryogenic conservation of farm mammal genetic resources. Genetics Selection Evolution 37: 657-675.

Caballero, A. and M.A. Toro. 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided Populations.3:289-299

Drucker, A.G., V. Gomez and S. Anderson. 2001. The economic valuation of farm animal genetic resources: a survey of available methods. Ecological Economics 36: 1-18.

Drucker, A.G., M. Smale and P. Zambrano, 2005. Valuation and sustainable management of crop and livestock biodiversity: a review of applied economics literature. CGIAR, IFPRI, IPGRI, ILRI.

Eding. H., R.P.M.A. Crooijmans, M.A.M. Groenen and T.H.E. Meuwissen, 2002 Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. Genetics Selection Evolution 34: 613-633.

FAO, 1998. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome. Italy.

Fernandez, J., T. Roughsedge., J.A. Woolliams and B. Villanueva, 2006. Optimization of the sampling strategy for establishing a gene bank: storing PrP alleles following a scrapie eradication plan as a case study. Animal Science 82: 813-821.

Flamant, J.C., A.V. Portugal., P. Costa, A.F. Nunes and. Boyazoglu (eds.), 1995. Animal Production and rural tourism in Mediterranean Regions. EAAP Publication No 74. Wageningen Pers. Wageningen.

Gandini, G.C. and E. Villa. 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 1-11.

Gandini, G, C. Malrecca. F. Pizzi, A. Bagnato and R. Rizzi, 2007a. Comparing local and commercial breeds on functional traits and profitability: the case of Reggiana dairy catde. Journal of Dairy Science (in press).

Gandini, G., F. Pizzi, A. Stella and P.J. Boettcher. 2007b. The costs of cryogenic conservation of mammalian livestock genetic resources. Genetics Selection Evolution (in press).

Groeneveld, E., 2005. A world wide emergency program for the creation of national genebanks of endangered breeds in animal agriculture, AGRl36: 1-6.

Hayes, B., J. He, T. Moen and J. Bennewitz. 2006. Use of molecular markers to maximise diversity of founder populations for aquaculture breeding programs. Aquaculture 255: 573-578.

Hiemstra, S.J. (ed.), 2003. Guidelines for the Constitution of National Cryopreservation Programmes for Farm Animals. Publication No. 1 of the European Regional Focal Point on Animal Genetic Resources.

Hill, W.G., 1993. Variation in genetic composition in backcrossing programs. Journal of Heredity 84: 212-213.

Kohler-Rollefson, I., 2003. Community-based management of farm animal genetic resources. In: Farm Animal Genetic Resources - Safeguarding National Assets for Food Security and Trade. Proceedings of the workshop held in Mbabane. Swaziland 7-11 May 2001. GTZ, CTA, FAO, Rome. Italy.

Lomker, R. and D.L. Simon, 1994. Costs of and inbreeding in conservation strategies of endangered breeds of cattle. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph. 21: 393-396.

Nabhan, G.P. and A. Rood, 2004.RenewingAmerica's Food Traditions. The Center for Sustainable Environments at Northern Arizona University,

Flagstaff Arizona.

Ollivier, L. and J.P. Renard, 1995. The costs of cryopreservation of animal genetic resources. Proceedings 46th Annual Meeting of EAAP. Prague.

Reist.Marti, S.B., A. Abdulai, and H. Simianer. 2006. Optimum allocation of conservation funds and choice of conservation programs for a set of African cattle breeds, Genetics Selection Evolution 38:99-126.

Roosen, J., A, Fadolaue, and M. Bretaglia, 2005. Economic Evalution for conservation of animal genetic resources. Journal of Animal Breeding and Genetics 122: 217-228

Roughsedge, T., B. VilIanueva and J.A. Woolliams, 2006. Determining the relationship between restorative potential and size of a gene bank to alleviate the risks inherent in a scrapie eradication breeding programme. Livestock Science 100: 231-241.

Saether, N.H., H. Sickel, A. Norderhaug, M Sickel and O. Vangen, 2006. Plant and vegetation preferences for a high and a moderate yielding Norwegian dairy cattle breed grazing semi-natural mountain pastures Animal Research 55: 367-387.

Signorello, G. and G. Pappalardo, 2003, Domestic animal biodiversity conservation: a case study of rural development plans in the European Union. Ecological Economics 45: 487-499.

Simianer, H., S.B. Reist-Marri, J. Gibson, O. Hanorre, and E.O. Rege, 2003. An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimise loss of genetic diversity between livestock breeds. Ecological Economics 45: 377-392.

Small, R.W., 2004. The role of rare and traditional breeds in conservation: the Grazing Animals Project. In: Farm Animal Genetic Resources (BSAS Publication n° 30), G. Simm, B. VilIanueva, K.D. Sinclair and S. Townsend (Eds.), Nottingham University Press, Nottingham, pp. 263-280.

Smith, C., 1984. Estimated costs of genetic conservation in farm animals. In: FAO Animal Production and Health Paper 44/1. FAO, Rome, Italy, pp. 21-30.

Toro, M.A., J. Fernandez and A. Caballero, 2006. Scientific basis for policies in conservation of farm animal genetic resources. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD.ROM Communication No. 33-05.

Verrier, E., C. Danchin-Burge, S. Moureaux, L. Ollivier, M. Tixier-Boichard, M.J. Maignel, J.P. Bidanel and F. Clement, 2003. What should be preserved: genetic goals and collection protocols for the French National Cryobank. In: Workshop on Cryopreservation of Animal Genetic Resources in Europe, D. Planchenault (ed.), Paris 2003.

Verrier, E., M. Tixier-Boichard, R. Bernigaud and M. Naves, 2005. Conservation and value of local livestock breeds: usefulness of niche products and/or adaptation to specific environments. AGRI 36: 21-31.

فصل سوم: تنوع ژنتیکی چیست؟

جان ولیامز[۲،۱] و میگوئل تورو[۳]

[۱]مؤسسه روزلین، بریتانیای کبیر

[۲]گروه علوم دامی و دامپزشکی، دانشگاه علوم حیاتی نروژ، نروژ

[۳]گروه اصلاح دام، مؤسسه ملی تحقیقات غذا و کشاورزی، مادرید، اسپانیا

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
معنی تنوع چیست؟
به چه روش‌هایی می‌توان تنوع را اندازه‌گیری نمود؟
براوردهای مختلف تنوع ژنتیکی، چه مقدار از تنوع را شرح می‌دهند؟
چگونه می‌توانیم تغییرات تنوع ژنتیکی را اندازه‌گیری نماییم؟

خلاصه

این فصل راه‌های اندازه‌گیری تنوع مشاهده شده در داخل گونه‌ها را بررسی می‌کند. به‌طور کلی موارد زیر در این فصل مورد بررسی قرار می‌گیرند: (۱) چگونه می‌توان تنوع مشاهده شده در جمعیت یک گونه را به تفاوت‌های بین نژادها (تفاوت‌های بین زیر جامعه‌ها) و تفاوت‌های درون نژادها تقسیم نمود؟ (۲) چگونه می‌توان با استفاده از شجره‌ها و بررسی توالی DNA افراد، تنوع درون نژادی را تعریف کرد؟ (۳) چه روش‌هایی را می‌توان برای اندازه‌گیری تنوع استفاده کرد؟ (۴) این براوردها چه‌قدر با مفاهیم همخونی ارتباط دارند؟

[1] John Wooliams; Roslin Institute, Roslin, Midlothian EH25 9Ps, United Kingdom
[2] Department of Animal and Agricultural Sciences, Norwegian University of Life Science, Box 1432, As, Norway
[3] Miguel Toro; Department of Animal Breeding, National Agriculture and Food Research Institute, Carretra La Coruna km7, 28040 Madrid, Spain

۱- مقدمه

تنوع به مفهوم عام تفاوت در شکل‌ها و رفتارهای بین گونه‌ها است. به هر حال این تعریف بسیار محدود بوده و قادر به شناسایی تنوع افراد داخل یک گونه که از نظر خصوصیات (یا فنوتیپ) با یکدیگر تفاوت دارند نیست. فنوتیپ‌های مشاهده شده یا کیفی هستند مثل رنگ بدن و یا کمّی هستند مثل قد و وزن. در حیوانات اهلی همیشه فنوتیپ‌های خاصی مدنظر هستند که سود بیش‌تری برای انسان دارند. مهم‌ترین روش اندازه‌گیری تفاوت‌های بین حیوانات، متغیر آماری واریانس است. اگر مجموعه‌ای از متغیرهای مستقل با واریانس خاص خود داشته باشیم، این واریانس می‌تواند به زیر مؤلفه‌های خود تفکیک شود. مجموع واریانس این متغیرها برابر با واریانس کل می‌شود. از این ویژگی می‌توان به صورت زیر استفاده کرد.

می‌توانیم کل تنوع یک صفت را در درون یک گونه، به صورت واریانس فنوتیپ‌ها تعریف کنیم. البته همه واریانس‌هایی که مشاهده می‌کنیم دارای منشأ ژنتیکی نیستند. به‌عنوان مثال با این وجود که انتظار داریم شباهت‌های زیادی بین دوقلوهای همسان وجود داشته باشد، اما آن‌ها کاملاً یکسان نیستند؛ زیرا در طول مراحل زندگی، تحت تأثیر اثرات محیطی قرار می‌گیرند. در مطالعات ژنتیکی این نکته حایز اهمیت است که می‌توانیم فنوتیپ را به دو مؤلفه مستقل تقسیم کنیم که یکی از آن‌ها نتیجه‌ی اثرات ژنتیکی و دیگری نتیجه‌ی اثرات محیطی است. به عبارت دیگر $P=G+E$ که در این رابطه P دربردارنده‌ی واریانس فنوتیپی کل (σ_P^2)، Gواریانس ژنتیکی کل (σ_G^2) و E واریانس محیطی کل (σ_E^2) است. با استفاده از ویژگی تجزیه‌پذیری واریانس به اثرات مستقل که در بالا شرح داده شد، می‌توانیم رابطه $\sigma_P^2=\sigma_G^2+\sigma_E^2$ را برقرار سازیم و بنابراین کل واریانس فنوتیپی مشاهده شده می‌تواند به مؤلفه‌های ژنتیکی و محیطی تفکیک شود. بخشی از کل واریانس فنوتیپی که منشأ ژنتیکی دارد را وراثت‌پذیری عام گفته و به‌صورت H^2 نشان می‌دهند. با انجام آزمایش‌هایی برای براورد H^2 می‌توان کل واریانس ژنتیکی را در جامعه محاسبه نمود.

انجام آزمایش‌هایی برای براورد H^2 بسیار دشوار است؛ زیرا باید در پی یافتن افرادی باشیم که از لحاظ ژنوتیپی شبیه هم هستند؛ مثل دوقلوهای همسان و همسانه‌ها که پیدا کردن آن‌ها کار دشواری است. بنابراین به‌طور معمول مؤلفه‌ای از واریانس ژنتیکی به نام واریانس ژنتیکی افزایشی (σ_A^2) را در محاسبه وراثت‌پذیری مدنظر قرار می‌دهیم. از آن‌جایی‌که این مؤلفه قسمتی از واریانس ژنتیکی را تشکیل می‌دهد که با انتخاب، میانگین جامعه را تغییر می‌دهد و

هم‌چنین واریانس ارزش‌های اصلاحی در جمعیت نیز به شمار می‌رود، لذا اهمیت زیادی در برنامه‌های اصلاح نژادی دارد. نسبت σ_A^2 به کل واریانس فنوتیپی را وراثت‌پذیری خاص می‌نامند و با h^2 نشان داده می‌شود. در اکثر مقالات به‌ویژه مقالات اصلاح دام و همین‌طور در این کتاب، منظور از عبارت وراثت‌پذیری همان h^2 یا وراثت‌پذیری خاص است. فالکونر و مک‌کی (۱۹۹۶) جزئیات بیش‌تری درباره‌ی تعریف ارزش اصلاحی، وراثت‌پذیری و مفاهیم مربوط به آن‌ها بیان کردند. معمولاً دست یافتن به اطلاعات ارزش‌های اصلاحی از روی داده‌های آزمایشگاهی یا مزرعه‌ای آسان است و بنابراین واریانس ژنتیکی در جمعیت اغلب به‌طور ساده به‌صورت σ_A^2 تخمین زده می‌شود. توجه داشته باشید که همیشه $\sigma_A^2 \leq \sigma_G^2$ و $h^2 \leq H^2$ است.

استفاده از واریانس برای خلاصه‌سازی تنوع به خصوص در مورد صفات پیوسته‌ای مثل وزن و قد بسیار کاربردی است. هم‌چنین می‌توان از مؤلفه‌های واریانس برای صفات کیفی که دو حالت دارند (مثلاً صفت شاخدار یا بی‌شاخ بودن) نیز استفاده کرد. برای این‌کار می‌توان این دو حالت را به دو رده‌ی صفر و یک تقسیم‌بندی کرد و با این اعداد واریانس‌ها را محاسبه نمود. اما زمانی که صفات کیفی بیش از دو حالت داشته باشند، کار دشوارتر می‌شود. در این حالت می‌توان حالت‌های مختلف یک صفت را به‌صورت گروه‌هایی مثل ضعیف، متوسط یا خوب تعریف کرد که در واقع نوعی توالی مرتب و پشت سر هم هستند. سپس به این گروه‌ها مقیاس عددی اختصاص داده شده و واریانس آن‌ها را محاسبه می‌کنیم. اما در مواردی که این صفات توالی‌های مرتبی تشکیل ندهند، مثل رنگ بدن که قرمز، سفید و سیاه است، محاسبه واریانس علی‌رغم اهمیت آن دشوارتر خواهد شد. یک روش برای فایق آمدن بر این مشکلات در مورد صفات کیفی، مطالعه جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده‌ی این صفات، و آلل‌های متفرق شونده‌ای است که این تفاوت‌های کیفی را ایجاد می‌کنند، تا بتوانیم مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس برای فراوانی‌های آللی را کمّی سازیم.

۲- زیرجمعیت‌ها و نیرو(فشار)های تکاملی

مشاهده گوسفندان اسکاتلندی که همگی صورت سیاه و پشم‌های بلندی دارند این ایده را به ما القا می‌کند که در مورد این صفات، تنوع اندکی وجود دارد. اما این ایده، ایده‌ی غلطی است. زیرا در نواحی دیگر جهان مثل استرالیا، اغلب گوسفندان صورت سفید با پشم‌های ظریف

دارند. بنابراین جمعیت‌های حیوانات اهلی دارای زیرجمعیت‌های متعددی هستند که این زیرجمعیت‌ها در اثر نیروهایی مثل جداسازی جغرافیایی، انتخاب توسط پرورش‌دهندگان و سایر نیروهای تکاملی به‌وجود آمده‌اند. این زیرجمعیت‌ها با تسامح، نژاد[1] نامیده می‌شوند (پی‌نوشت ۱-۳). انتخاب در این نژادها براساس خصوصیات ظاهری، و عملکرد صفات اقتصادی انجام می‌شود که البته هر گروه از پرورش‌دهندگان هم اهداف متفاوتی در مورد گله‌ی خود دارند. توسعه نژادها در فصل ۴ کاملاً شرح داده خواهد شد. اما با توجه به هدف این فصل، شناسایی چنین زیرجمعیت‌های مهم به نظر می‌رسد. در ادامه زیرجمعیت‌ها را معادل نژاد فرض می‌کنیم.

با توجه به اثر وجود نژاد روی تنوع، می‌توانیم ارزش اصلاحی مشاهده شده برای هر فرد را به صورت $A=A_B+A_W$ تعریف کنیم. در این رابطه A_B میانگین ارزش اصلاحی فرد است که برای همه افراد یک نژاد مشابه است، و A_W هم انحراف ارزش اصلاحی فرد از میانگین نژاد است. از آن‌جایی‌که نژادها دارای میانگین‌های متفاوتی هستند، این میانگین‌ها دارای واریانس خود یعنی σ_B^2 هستند و انحراف افراد از میانگین نژادشان هم دارای واریانس σ_W^2 است. با توجه به این‌که میانگین و انحراف از میانگین، حاصل تجزیه فنوتیپ به دو مؤلفه‌ی مستقلی هستند که در ابتدای فصل شرح دادیم، می‌توانیم رابطه‌ی $\sigma_A^2= \sigma_B^2+\sigma_W^2$ را داشته باشیم. در نتیجه می‌بینیم که تنوع ژنتیکی یک گونه می‌تواند به دو مؤلفه ژنتیکی بین و درون نژادها تفکیک شود. نسبت $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ اهمیت تنوع نژاد به کل تنوع ژنتیکی در گونه‌ها را نشان می‌دهد. این نسبت از صفتی به صفت دیگر متغیر است و مقدارش از صفر تا یک تغییر می‌کند. به این ترتیب می‌توان دریافت وجود نژادهای مختلف اهمیت زیادی در حفظ تنوع یک گونه دارد.

اهمیت این نوع تنوع بین نژادها در فصول ۴، ۵ و ۶ به تفصیل بررسی شده است. اما نسبت $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$، یک متغیر آماری کلیدی و مهم در تعیین اهمیت نسبی نژادهایی است که باید حفظ شوند (پی‌نوشت ۲-۳). در مقیاس جهانی، تعداد نژادها به‌سرعت در حال کاهش است؛ به‌طوری‌که این نژادها از طریق جایگزین شدن توسط سایر نژادها یا از طریق تلاقی‌های بی‌برنامه منقرض شده یا در حال انقراض هستند. جایگزینی نژادها بر اساس اهداف تجاری و اقتصادی صورت می‌گیرد و نژادهای با مصرف کم یا متوسط توسط نژادهای پرمصرف و

[1] Breed

پرتولید جایگزین می‌شوند. بنابراین کاهش تعداد نژادها امری انتخابی بوده و سبب کاهش σ_B^2 می‌شود که کاهش تنوع ژنتیکی را درپی دارد. این کاهش تنوع به‌ویژه در مورد صفات سازگاری با محیط و شایستگی اتفاق می‌افتد که نژادهای کم مصرف از آن برخوردارند.

پی‌نوشت ۱-۳- نژاد چیست؟

این یک سؤال ساده اما دارای پاسخی دشوار است. تاکنون تعاریف زیر توسط گروه‌های مختلف درباره‌ی نژاد ارایه شده‌اند:

۱- حیواناتی که از طریق انتخاب و اصلاح نژاد، یک ویژگی را درخود جمع کرده و توانایی انتقال آن را به نسل بعد دارند (http://www.ansi.okstate.edu/breeds/، ۲۰۰۶/۹/۲۸).

۲- یک نژاد گربه گروهی از گربه‌های اهلی هستند که ویژگی‌های ظاهری آن‌ها باعث تمایزشان از دیگران می‌شود. یک نژاد باید خصوصیات قابل تشخیصی داشته باشد که آن‌ها را از سایر نژادها مجزا سازد (انجمن گربه http://www.cfa.org/breeds/breed-definition.html، ۲۰۰۶/۹/۲۸).

۳- یک نژاد یا واریته از انسان یا سایر حیوانات (یا گیاهان) دارای خصوصیات خاص و متمایزی هستند که به ارث می‌رسند (http://www.biology-online.org/dictionary/breeds، ۲۰۰۶/۰۹/۲۸).

۴- نژاد، گله، سویه، و لاین گروهی از افراد هستند که خصوصیات قابل توارث خود را نسل به نسل حفظ می‌کنند (فرهنگ لغات انگلیسی آکسفورد، ۱۹۵۹).

۵- یک زیر گروه خاص از حیوانات اهلی با خصوصیات ظاهری قابل تعریف و قابل شناسایی که باعث تمایز آن‌ها از سایر گروه‌های مشابه همان گونه می‌شود، یا گروهی که به دلیل تفکیک جغرافیایی/فرهنگی از سایر گروه‌ها، هویت مجزایی پیدا کرده‌اند (FAO World Watch List، ویرایش سوم).

۶- یک نژاد گروهی از حیوانات اهلی هستند. این تعریف از طرف اصلاح‌گران حیوانات اهلی ارایه شده است که در بین خودشان استفاده می‌شود و یک تعریف علمی مورد قبول خودشان است (ژنتیک جمعیت، لوش[1]، ۱۹۹۴).

۷- یک نژاد را زمانی می‌توان نژاد نامید که تعداد کافی از مردم آن را نژاد بنامند (کی. هاموند[2]، ارتباطات شخصی).

[1] Lush
[2] K. Hammond

پی‌نوشت ۲-۳- اهمیت تنوع نژادها به‌خاطر تنوع در عملکرد آن‌ها است

تفاوت عملکرد بین نژادها معیار مهمی در طراحی استراتژی‌های توسعه نژادهای اهلی است. برای یک صفت خاص σ_B^2 نشان می‌دهد که با انتخاب بین نژادها چه مقدار پیشرفت در آن صفت ممکن است حاصل شود. لذا استراتژی‌هایی دنبال می‌شوند که در نهایت منجر به جایگزینی نژادها می‌شوند. مشاهده تفاوت‌های اساسی نژادها باعث تمرکز برنامه‌های اصلاح نژادی روی ایجاد نژادهای کم‌تر و کم‌تر شده و در عوض نژادهای زیادی که سود اقتصادی ندارند در خطر انقراض قرار می‌گیرند. هم‌چنین به علت همبستگی منفی بین تولید و قابلیت سازگاری، این استراتژی باعث کاهش تنوع بین نژاها در مورد صفاتی می‌شود که در شرایط فعلی ارزش اقتصادی کمی دارند. اما این صفات برای ایجاد ثبات در جوامع روستایی و فقیر، اهمیت زیادی دارند. بنابراین سؤال کلیدی این است که چه نسبتی از تنوع ژنتیکی کل برای صفات کمّی، بین نژادها مخفی شده است؟ اگر این فراسنجه کوچک باشد، می‌توان انتظار داشت که بتوان از تنوع درون نژادی برای برنامه‌های انتخاب و غلبه بر ضعف‌های موجود استفاده کرد. اما اگر این فراسنجه بزرگ باشد، می‌تواند برای به‌دست آوردن پاسخ انتخاب مناسب در درون نژادها مورد استفاده قرار گیرد.

برای بهبود خصوصیات لاشه، رشد و ضریب تبدیل، آزمایشی با چهارده نژاد گاو انگلیسی انجام شد (تیسن[1] و همکاران، ۱۹۸۴؛ ۱۹۸۵). در آزمایش دیگری در مؤسسه Clay در آمریکا، گاوهای ماده نژادهای آنگوس و هرفورد با گاوهای نر هفده نژاد از جمله ساهیوال و برهمن تلاقی داده شدند. هدف این مطالعات بررسی نژادها در یک محیط مشابه بود. البته محیط‌ها در شرایط آزمایشگاهی بوده و حداقل تنش‌های محیطی وجود داشت.

تیسن و همکاران (۱۹۸۵) گزارش کردند که نسبت $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ برای ضریب تبدیل غذایی در طول دوره‌ی رشد و میزان رشد نسبی به‌ترتیب تقریباً ۰/۲۵ و ۰/۳۳ بودند. آزمون انجام گرفته در مؤسسه Clay آمریکا شامل گروه وسیع‌تری از نژادها و البته روی صفات بیش‌تری مثل آسان‌زایی بود که رابطه‌ی بیش‌تری با شایستگی نژادها داشتند. محدوده‌ی تنوع نژادی که در مؤسسه Clay آمریکا با استفاده از رابطه‌ی $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ اندازه‌گیری شده بود، مقدار بزرگ‌تری را نشان می‌داد. به‌طور مثال برای صفات وزن (جنکینس[2] و همکاران،

[1] Thiessen
[2] Jenkins

۱۹۹۱)، گوساله‌زایی، و ماندگاری پس از شیرگیری (کوندیف[1] و همکاران، ۱۹۸۶) حدود ۰/۵ براورد شده بود. در مورد صفات کیفیت و طعم لاشه هم از تعداد کم‌تری از نژادها استفاده شد که نسبت $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ مقدار بالایی داشت.

تیسن و همکاران (۱۹۸۵) معیار دیگری به‌نام $g_2^2=\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\frac{1}{4}\sigma_W^2)$ را محاسبه کردند. این رابطه نشان دهنده بخشی از «تنوع ژنتیکی به‌سرعت انتخاب‌پذیر»[2] است که در بین نژادها مخفی شده است. توجیه آن‌ها برای محاسبه‌ی g_2^2 این بود که تنوع درون نژادی هم باید شناسایی شود؛ درحالی‌که شناسایی تنوع نژادها کار ساده‌ای است. مقدار g_2^2 برای سرعت رشد و سرعت نسبی رشد به ترتیب ۰/۵۷ و ۰/۶۶ براورد شد.

می‌توان اظهار داشت که تنوع نژادی تقریباً نیمی از کل تنوع ژنتیکی را دربرمی‌گیرد. درصورت عدم وجود اطلاعاتی راجع به طرف دیگر قضیه، می‌توان فرض کرد که این نسبت در مورد بسیاری از صفات قابل استفاده است. از جمله‌ی این صفات می‌توان به شایستگی برای تولید در محیط‌های ضعیف یا متوسط همراه با تنش اشاره کرد. اگر بحرانی اتفاق بیفتد و لازم باشد تولیدات دام‌های اهلی سریعاً با چالش‌های جدیدی سازگار شوند، در این صورت مقدار g_2^2 اهمیت مضاعفی پیدا خواهد کرد و بیش از $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ خواهد بود. بنابراین حفاظت از نژادها با طیف متنوعی از ویژگی‌ها، پاسخی مناسب و استراتژیک به ابهامات و شرایط نامعلوم محیطی در آینده خواهد بود.

تفاوت‌های بین نژادها از طریق تلفیق چهار نیروی تکاملی یعنی رانش ژنتیکی، مهاجرت، انتخاب و جهش توسعه می‌یابد (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). رانش ژنتیکی عبارت است از نوسانات تصادفی فراوانی آلل‌ها که در اثر نمونه‌برداری تصادفی هنگام انتقال ژن‌ها از والدین به نتاج اتفاق می‌افتد. رانش ژنتیکی با همخونی ارتباط دارد. رانش ژنتیکی در طول زمان باعث افزایش تفاوت‌های ژنتیکی بین دو نژاد حاصل از یک جمعیت مشابه می‌شود که به‌طور مجزا نگهداری شده‌اند. مهاجرت افراد هم حرکت آن‌ها از یک نژاد به نژاد دیگر است که بر علیه همخونی عمل می‌کند؛ زیرا باعث کاهش تفاوت‌های ژنتیکی موجود بین نژادها و افزایش تنوع در درون نژاد پذیرنده می‌شود. اگر انتخاب انجام شود، حاملین آلل‌های مطلوب دارای مزیت انتخاب برای نسل بعد خواهند بود و در این حالت میزان تفاوت‌ها بین دو نژاد لزوماً

[1] Cundiff
[2] Immediately selectable genetic variation

منعکس‌کننده‌ی میزان جداسازی نیست. انتخاب با توجه به فرایند انتخابی انجام شده در هر نژاد ممکن است باعث همگرایی یا واگرایی مطلوب در هر نژاد شود. در حیوانات اهلی، انتخاب می‌تواند مصنوعی یا طبیعی باشد. به‌عنوان مثال انتخاب طبیعی نقش مهمی در افزایش سازگاری برخی نژادها که نسل‌های متمادی در محیط‌های با شرایط خاص مثل خشکسالی‌های مداوم زندگی کرده‌اند بازی می‌کند. به‌طور کلی جهش در ژنوم باعث افزایش تفاوت‌های ژنتیکی بین نژادها شده و تنوع ژنتیکی را ایجاد می‌کند. لیکن جهش فراوانی کمی دارد (فصل ۸) و در غیاب انتخاب، اثر جهش را فقط می‌توان پس از گذشت نسل‌های متمادی اندازه‌گیری کرد. با همه‌ی این تفاصیل جهش باعث ایجاد چندشکلی‌هایی است که قلب تنوع ژنتیکی به‌شمار می‌آیند.

۳- استفاده از شجره برای اندازه‌گیری تنوع

میزان تنوع بین نژادها را می‌توان با آزمایش‌هایی ساده اما پرهزینه یعنی قرار دادن نژادهای مختلف در یک محیط مشابه تخمین زد. در این حالت باید دو عامل زیر را رعایت کنیم. اول این‌که تعداد حیوانات به ازای هر نژاد باید به حد کافی زیاد باشد تا خطای تخمین میانگین نژاد در این حالت در مقایسه با مقدار تفاوت‌های بین نژادها ناچیز و قابل چشم‌پوشی باشد. دوم این‌که حیوانات مورد مطالعه باید نماینده‌ی واقعی و کاملی از نژادهای مورد نظر باشند تا واریانس σ_B^2 حاصل از میانگین نژاد باشد. سؤال اساسی در این زمینه این است که کدام محیط برای آزمایش استفاده شود؟ و اگر از محیط دیگری استفاده شود، چه پاسخی به‌دست می‌آید؟ نکته مهم این است که محیط‌های آزمایشی باید برای اجرای آزمایش، مناسب باشند.

کمّی کردن مقدار تنوع ژنتیکی در یک صفت در درون یک نژاد کار دشواری بوده و مستلزم آگاهی از شباهت‌های ژنتیکی بین افراد و شباهت‌های فنوتیپی آن‌ها است. انتظار می‌رود افراد خویشاوند نسبت به افرادی که به تصادف درنظر گرفته می‌شوند، شباهت زیادتری با هم داشته باشند. فالکونر و مک‌کی (۱۹۹۶) نشان دادند که چگونه رابطه‌ی خویشاوندی بین افراد می‌تواند با مقدار کوواریانس عملکرد آن‌ها ارتباط داشته باشد و چگونه این موضوع سبب براورد وراثت‌پذیری (h^2) می‌شود. یک منبع اصلی برای اخذ اطلاعات قابل اعتماد درباره‌ی خویشاوندی افراد، شجره است. در شجره همیشه پدر و مادر هر فرد در طول نسل‌ها ثبت می‌شود. در عمل، مهم‌ترین و باارزش‌ترین نوع خویشاوندی، رابطه بین خواهر- برادران ناتنی

از سمت پدر است (افرادی که پدر مشترک دارند). زیرا در افراد نر گونه‌های اهلی، نرخ بالای تولیدمثل باعث ازدیاد خواهر- برادران ناتنی پدری می‌شود که دارای کوواریانس $\frac{1}{4}\sigma_A{}^2$ هستند که به راحتی قابل تفسیر است. در غیاب اطلاعات مربوط به DNA افراد، ما نیازمند شناسایی این نوع روابط بین افراد از طریق مشاهده و ثبت شجره‌ی حیوانات (حداقل برای شناسایی پدرها) هستیم.

٤- اثر اطلاعات حاصل از DNA

در دهه اخیر با کاهش هزینه‌های کسب اطلاعات ژنوتیپی، اطلاعات ژنوتیپی زیادی برای اهداف اقتصادی و علمی فراهم شده است. این امر فرصت‌های تازه‌ای را برای بررسی تنوع ژنتیکی فراهم آورده است. انواع نشان‌گرهای مختلف در مطالعات علمی استفاده شده است که در گذر زمان، میزان محبوبیت آن‌ها با پیشرفت فناوری‌های مختلف تغییر یافته است. در پی‌نوشت ۳-۳ خصوصیات مختلف نشان‌گرها به‌طور اجمالی مرور شده است.

نشان‌گرهای ژنومی می‌توانند از دو راه به براورد تنوع کمک کنند. نخست، غلبه بر مشکل عدم وجود یا پرهزینه بودن مشاهده شجره در برخی گونه‌ها مثل ماهی‌ها است. در این حالت با استفاده از تعداد کمی نشان‌گر (حدود ۱۰-۵) در نتاج و والدین می‌توان پدران و مادران تقریباً تمام نتاج را شناسایی نمود. دوم، تعیین ژنوتیپ به‌صورت گسترده برای همه کروموزوم‌های ژنوم به‌منظور براورد نسبت واقعی DNA مشترک بین برادر- خواهران یا سایر خویشاوندان است. این روش در مقایسه با روش براورد بر اساس شجره، دقت فوق العاده‌ای دارد (پی‌نوشت ۴-۳). این روش‌ها با حذف برخی محدودیت‌ها به ما امکان بیش‌تری می‌دهند.

پی‌نوشت ۳-۳- ویژگی‌ها و مزایای انواع نشان‌گرهای DNA

ویژگی‌های نشان‌گرها: در این قسمت به ویژگی‌های مطلوب نشان‌گرها که می‌توانند شناسایی شوند اشاره کنیم:

پراکندگی وسیع: پراکندگی وسیع نشان‌گر در سرتاسر ژنوم امکان تهیه نقشه کل ژنوم و هم‌چنین ردیابی جریان ژنی در جمعیت‌ها را فراهم می‌سازد؛ اگرچه ممکن است دستاوردهای کمی به دنبال داشته باشد.

تراکم موضعی: توانایی استفاده از تعداد زیادی نشان‌گر در یک ناحیه ژنومی کوچک، امکان تهیه نقشه دقیق ژنومی را فراهم می‌سازد.

چندشکلی زیاد: سودمندی نشان‌گر به توانایی آن در ایجاد تمایز بین قطعات مشابه کروموزومی بستگی دارد. این امر به فراوانی هتروزیگویستی وابسته است، که با افزایش تعداد آلل‌ها در هر جایگاه نشان‌گری، افزایش می‌یابد. مقدار اطلاعات حاصل از یک نشان‌گر را اغلب به‌وسیله محتوای اطلاعاتی آن بیان می‌کنند (لینچ و والش، ۱۹۹۸).

هم‌بارزی: این ویژگی به‌طور ایده‌آل توانایی تشخیص هر دو آلل در یک جایگاه را به ما می‌دهد. در مورد برخی از نشان‌گرها، افرادی که حامل یک یا دو نسخه از یک آلل هستند، قابل تشخیص از یکدیگر نیستند.

نرخ پایین جهش: در مورد بسیاری از کاربردهای نشان‌گرها، پایداری طولانی مدت آن نشان‌گر در طول نسل‌ها برای استنتاج درباره شناسایی نسب (IBD) از اهمیت زیادی برخوردار است. بالا بودن نرخ جهش سبب کاهش استنتاج‌ها می‌شود. اغلب برای یک نشان‌گر دارا بودن یک فعالیت جهش که معرف ناحیه کد شونده یا توالی تنظیم باشد مطلوب است.

عملکرد بالا: عملکرد نشان‌گر تابع عواملی مثل پاسخ به PCR است که باعث می‌شود ژنوتیپ‌های بیش‌تری از یک مقدار مشخص DNA به‌دست آید و البته توانایی خودکار کردن آزمایش و نیز توسعه واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمراز را فراهم می‌آورد.

هزینه‌های فنی پایین: یکی از مزایای نشان‌گرها داشتن حداقل هزینه‌ها برای تعیین هر ژنوتیپ است.

قابلیت تکرارپذیری: نتایج آزمایش‌ها باید درون یک آزمایشگاه و نیز در بین آزمایشگاه‌های مختلف تکرارپذیر باشد.

انواع نشان‌گرها

ماهوارک‌ها: یک توالی از جفت بازهای DNA که عموماً حاوی ده جفت باز است که چند بار پشت سر هم تکرار می‌شوند.

اثرانگشت DNA: عموماً شامل آرایه‌های چندگانه‌ای از ماهوارک‌ها است.

چندشکلی طول قطعات حاصل از هضم (RFLP): یک نوع نشان‌گر دو آللی مبتنی بر مکان‌های تشخیص حاصل از آنزیم‌های برشی.

DNA چندشکلی تکثیر یافته تصادفی (RAPD): نشان‌گرهای تشکیل شده از یک سری آغازگرهای دلخواه PCR که باعث ایجاد یکسری تصادفی از قطعات تکثیر شده می‌شوند.

ریز ماهواره‌ها: این نشان‌گرها مبتنی بر مناطقی هستند که در یک توالی کوتاه، چند بار تکرار می‌شوند.

AFLP: آرایه‌های چندگانه RFLPها هستند که روی یک ژل منفرد نمایش داده می‌شوند.

چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP): جهش نقطه‌ای در توالی ژنوم که غالباً دو آللی هستند، اما می‌توانند تا چهار آلل هم داشته باشند که هر کدام از چهار باز نوکلئوتید در همان مکان ظاهر می‌شود.

جدول ۱-۳ مقایسه کلی ویژگی‌های انواع نشان‌گرها

ویژگی	ماهوارک‌ها	اثر انگشت	RFLP	RAPD	ریز ماهواره‌ها	AFLP	SNP
پراکندگی وسیع	متوسط	متوسط	خیلی خوب	خیلی خوب	خیلی خوب	خیلی خوب	خیلی خوب
تراکم موضعی	ضعیف	ضعیف	متوسط	متوسط	خوب	متوسط	خیلی خوب
توانایی موضعی	ضعیف	خیلی ضعیف	خیلی خوب	ضعیف	خیلی خوب	متوسط	خیلی خوب
چندشکلی	خیلی خوب	خیلی خوب	ضعیف	متوسط	خیلی خوب	ضعیف	ضعیف
هم‌بارزی	بلی	خیر	بلی	خیر	بلی	خیر[1]	بلی
میزان جهش	سریع	سریع	قابل قبول	قابل قبول	سریع	قابل قبول	قابل قبول
سرتاسری بودن	خیلی کم	خیلی کم	متوسط	متوسط	متوسط	متوسط	خیلی زیاد[2]
هزینه‌های فنی	خیلی زیاد	خیلی زیاد	خیلی زیاد	خیلی زیاد	متوسط	متوسط	خیلی کم
تکرارپذیری	ضعیف	ضعیف	خوب	خیلی ضعیف	خوب	خوب	خیلی خوب

[1] استنتاج اطلاعات ژنوتیپی در روش AFLP را می‌توان با تراکم‌سنجی افزایش داد.

[2] به‌عنوان مثال چیپ‌های DNA می‌توانند در هر واکنش منفرد، پنجاه هزار SNP فراهم سازند.

روند فعلی در انتخاب نشان‌گر: امروزه اغلب از SNPها به‌عنوان نشان‌گر انتخابی استفاده می‌شود. عیب این نوع نشان‌گرها در دوآللی بودن آن‌ها است که باعث می‌شود اطلاعات کم‌تری فراهم کنند. این مشکل با افزایش تعداد و تراکم نشان‌گرها همراه با سرتاسری بودن بالا و هزینه‌های فنی رفع شده است. ریزماهواره‌ها هم هنوز مورد توجه هستند؛ زیرا می‌توانند اطلاعات قابل توجهی از چند ژنوتیپ محدود فراهم کنند (مثلاً اطلاعاتی که برای ترسیم شجره لازم است) که در برخی موارد مشکل نسبی ضعیف بودن سرتاسری آن را در مقایسه با SNPها جبران می‌کند.

اما در دسترس بودن DNA به ما امکان براورد تنوع را به روش‌های مختلفی می‌دهد. زیرا می‌توانیم توالی نوکلئوتیدی افراد را در ناحیه‌ی خاصی از ژنوم به‌دست آورده و آلل‌های تفرق یافته در جمعیت برای هر موقعیت نوکلئوتیدی و در نتیجه ژنوتیپ افراد را مشخص کنیم. در ادامه موارد بررسی تنوع با این نوع اطلاعات ارایه می‌شود:

۱- آزمون تنوع فراوانی آللی با تعیین فراوانی آللی هر فرد به صورت ۰، ۰/۵ و ۱ به‌ترتیب برای افراد حامل صفر، یک و دو نسخه از آلل مورد نظر انجام می‌پذیرد. این صفت می‌تواند به عنوان یک صفت پیوسته بررسی شده و تنوع درون و بین نژادها به‌صورتی که قبلاً بیان شد اندازه‌گیری شود. ایده‌ی در نظر گرفتن فراوانی آللی منفرد به عنوان یک صفت، ایده‌ی مهمی است که دارای این ویژگی مفید است که همه تنوع ژنتیکی آن افزایشی است؛ یعنی $\sigma_A^2=\sigma_G^2$. توجه داشته باشید که در این روش، میانگین نژاد تخمینی از فراوانی آللی برای نژاد است. به عنوان مثال، اگر دو نژاد برای آلل‌های متفاوتی تثبیت شده باشند، هیچ تنوع درون نژادها دیده نمی‌شود و تمامی تنوع در بین دو نژاد قرار می‌گیرد. توضیح بیش‌تر این موضوع در ادامه این فصل و نیز در فصل ۴ ارایه شده است.

۲- میانگین‌های نژاد برای فراوانی‌های چند آلل (معمولاً از جایگاه‌های ژنی غیرپیوسته) با استفاده از رابطه‌ای از پیش تعریف شده، تلفیق می‌شوند تا فاصله ژنتیکی بین نژادها براورد گردد. چند روش براورد فاصله وجود دارد (فصل ۵) که با هم تفاوت دارند. این مطلب در فصل ۵ بیش‌تر توضیح داده می‌شود.

۳- به جای استفاده از فراوانی‌های ژنی، می‌توان فراوانی‌های هتروزیگوت‌ها را اندازه‌گیری نمود. یک هتروزیگوت دارای دو آلل متفاوت در یک جایگاه ژنی است. هتروزیگوسیتی

تابع فراوانی‌های آللی، غیرتصادفی بودن آمیزش‌ها و میزان زنده ماندن افراد است. گواه این مطلب این است که هنگام عدم وجود تنوع، هیچ هتروزیگوسیتی در جمعیت دیده نمی‌شود. با فراهم آوردن شرایط آمیزش تصادفی، مقدار هتروزیگوسیتی با توجه به تعداد آلل‌های یافت شده در جمعیت و هم‌چنین با کاهش تنوع بین فراوانی‌های آللی برای جمعیت افزایش می‌یابد. فرض آمیزش تصادفی بسیار مهم است و اغلب فرض بر این است که در داخل یک نژاد آمیزش‌های تصادفی انجام می‌شود. اما انحرافات از آمیزش تصادفی به‌ویژه اگر تبادلات نسبتاً کمی در بین اصلاح‌گرها وجود داشته باشد، مهم خواهد بود. اگر داده‌های ژنوتیپی در دسترس باشند، می‌توان فرضیه آمیزش تصادفی را با بررسی مقدار انحرافات مشاهده شده از تعادل هاردی- واینبرگ بررسی کرد (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶؛ لینچ و والش، ۱۹۹۸). با این حال، در صورت عدم وجود آمیزش‌های تصادفی، هم هتروزیگوسیتی مشاهده شده و هم هتروزیگوسیتی مورد انتظار می‌توانند برای مطالعه تنوع مفید باشند.

نتایج محاسبه شده برای هتروزیگوسیتی، به نمونه‌ی جایگاه‌های ژنی مورد استفاده بستگی دارد. بسط و تفسیر این نتایج برای کل ژنوم کار دشواری است. به‌عنوان مثال تورو[1] و همکاران (۲۰۰۶) توصیفی را برای رابطه مطرح شده توسط Nei ارایه دادند. آن‌ها نشان دادند که اولین تخمین برای همبستگی بین هتروزیگوسیتی یک نمونه با r جایگاه ژنی و یک ژنوم با n جایگاه ژنی به صورت $(r/n)^{0.5}$ است. به عبارت دیگر برای نمونه‌ای حاوی ۲۰ جایگاه ژنی از ژنومی با ۲۰۰۰۰ جایگاه، همبستگی مورد انتظار حدود ۰/۰۳ براورد می‌شود. بنابراین مقایسه‌های واقعی بین نژادها باید با استفاده از تراکم‌های بالای نشان‌گرها انجام شود. در برخی گونه‌ها مثل گاو که چیپ‌های DNA می‌توانند حاوی بیش‌تر از ۵۰۰۰۰ نشان‌گر باشند، این کار امکان‌پذیر است.

۴- یک روش ساده اما محدود برای براورد تنوع، شمارش تعداد آلل‌های متفاوت ظاهر شده در یک جمعیت برای یکسری از جایگاه‌های ژنی است. هرچه تعداد آلل‌ها بیش‌تر باشد، تنوع هم بیش‌تر است. شمارش تعداد آلل‌ها در هر نژاد و تعداد آلل‌های مشترک یک نژاد با نژادهای دیگر، امکان بررسی تفاوت‌های بین نژادها را فراهم می‌سازد. تنوع در این حالت می‌تواند با شمارش تعداد آلل‌های خصوصی براورد شود. آلل‌های خصوصی

[1] Toro

آلل‌هایی هستند که در یک نژاد پیدا می‌شوند، اما در سایر نژادها وجود ندارند. هم‌چنین تنوع موجود بین نژادها نه تنها براساس آلل‌های مشترک یا غیرمشترک بین نژادها است، بلکه می‌تواند بر این اساس مشخص شود که آیا آلل‌های مشترک، فراوانی‌های نزدیک به هم دارند یا خیر؟ بنابراین روش شمارش نسبت به اندازه‌گیری فراوانی خود آلل‌ها از ارزش کم‌تری برای براورد تنوع برخوردار است. با این وجود مشاهده آلل‌های خصوصی می‌تواند در سایر روش‌ها نظیر برنامه‌های ردیابی بسیار مفید باشد.

موارد چهارگانه‌ی فوق ایده‌های ساده‌ای برای محاسبه تنوع مولکولی را بیان کردند. یک سؤال منطقی که باید پاسخ داده شود این است که چه ارتباطی بین براوردهای مولکولی و کمّی تنوع وجود دارد؟ آیا این روش‌ها یکی هستند یا هر کدام داستان خود را دارد؟ رید[1] و فرانخام[2] (۲۰۰۱) پیشنهاد کردند که میانگین همبستگی بین تخمین‌های مولکولی و کمّی برای تنوع ضعیف است (۰/۰۵±۰/۲۲). این امر نشان می‌دهد که براوردهای مولکولی از تنوع، فقط حدود چهار درصد تنوع در صفات کمّی را شرح می‌دهند. با توجه به پیشرفت‌های زیاد در آینده در مورد داده‌های مولکولی، سؤال فوق بی‌پاسخ باقی نخواهد ماند. چرا که در طی دهه‌های آینده دستیابی بیش‌تر ما به اطلاعات ژنومی می‌تواند بر نواقص موجود غلبه کرده و باعث بهبود تخمین‌های ما از تنوع با استفاده از روش‌های مولکولی شود.

پی‌نوشت ٤-۳- انتظار از شجره و براورد DNA از آلل‌های مشترک

زمانی که تنوع ژنتیکی را با استفاده از شجره بررسی می‌کنیم، در واقع از انتظارات خود از شجره استفاده می‌کنیم. اما استفاده از ژنوتیپ‌های DNA به ما کمک می‌کند وضعیت واقعی را براورد کنیم. دو خواهر- برادر تنی را در نظر بگیرید. هر کدام نصف DNA بدنی خود را از مادر و نصف دیگر را از پدر می‌گیرند؛ اما آن‌ها حتماً نصف‌هایی شبیه برادر- خواهر تنی خود دریافت نمی‌کنند. زیرا هر آللی که از والدین به نتاج منتقل می‌شود، کاملاً طی یک فرایند تصادفی انتقال می‌یابد. بنابراین به‌طور میانگین، انتظار داریم که دو بردار- خواهر تنی فقط در مورد نصف ژن‌های منتقل شده از پدر و نصف ژن‌های منتقل شده از مادرشان با

[1] Reed
[2] Frankham

یکدیگر مشابه باشند. این مقدار نشان‌دهنده میانگینی است که هنگام استفاده از شجره فرض می‌کنیم. در دنیای واقعی این نسبت ژنی مشترک می‌تواند بیش‌تر یا کم‌تر باشد. این نسبت را می‌توان با استفاده از نشان‌گرهای مولکولی که در سرتاسر ژنوم والدین پراکنده باشند، مستقیماً تعیین کرد. البته نشان‌گرها باید توانایی تشخیص این را داشته باشند که کدام آلل همولوگ از پدر و کدام آلل همولوگ از مادر به فرزندان منتقل می‌شود.

نشان‌گرهای مفیدتر و متراکم‌تر می‌توانند دقیق‌تر نسبت واقعی آلل‌های مشترک را براورد کنند. توجه به این نکته مهم است که استفاده از شجره‌ها بهتر از استفاده از نشان‌گرهایی با تراکم کم است. در واقع استفاده از نشان‌گرهایی با تراکم کم می‌تواند اطلاعات گمراه‌کننده‌ای به ما بدهد. تورو و همکاران (۲۰۰۲) میزان همخونی ۶۲ خوک ایبری از دو سویه‌ی خویشاوند را با دو روش محاسبه کردند. در یک روش از شجره‌ای تا ۲۰ نسل قبل استفاده شد و در روش دوم از ۴۹ ریزماهواره کمک گرفته شد. همبستگی بین دو روش برای سویه‌ی گودیرباس[1] منفی (۰/۳۲-) و برای سویه‌ی توربیسکال[2] کم (۰/۱۹) بود. اما همبستگی این دو روش برای همه افراد بالا (۰/۶۹) بود. به علاوه، تلاش برای یافتن حیوانات با اجداد مشترک با استفاده از نشان‌گرها، نتایج ناامیدی داد؛ زیرا تفسیر این مطلب مستلزم اطلاع از فراوانی‌های آللی واقعی نشان‌گرها در جمعیت پایه واقعی بود که معمولاً در دسترس نیستند. اسلات[3] و همکاران (۲۰۰۴) تعداد ۵۹۰ گوسفند نژاد کوپ‌ورث[4] را با مطالعه شجره ۷ نسل قبل و نیز با استفاده از ۱۰۱ نشان‌گر ریزماهواره بررسی نمودند. در این مورد نیز همبستگی دو روش به‌طور مشخص پایین بود (۰/۱۷). این نتیجه نشان می‌دهد که برای داشتن همبستگی بالا بین همخونی براورد شده با کمک شجره و همخونی محاسبه شده با روش‌های مولکولی، به تعداد زیادی جایگاه ژنی و مهم‌تر از آن به واریانس زیاد بین ارزش‌های همخونی در روش شجره‌ای نیاز داریم. نتایج بیان‌گر عدم رابطه بین براورد همخونی با شجره و نشان‌گرها نبود؛ بلکه نشان دادند که در براوردهای مولکولی تناقصاتی دیده می‌شود. به‌عنوان مثال دیتیلر[5] و همکاران (۲۰۰۶) نشان دادند که در گاوهای هلشتاین

[1] Guadyerbas
[2] Torbiscal
[3] Slate
[4] Coopworth
[5] Daetwyler
[6] Fernandez

کانادایی، لگاریتم هتروزیگوسیتی مشاهده شده با استفاده از ۱۰۰۰۰ نشان‌گر SNP دارای رگرسیون مورد انتظار یک بر لگاریتم (F–۱) است. مقدار F از روی شجره محاسبه شده بود. در نتیجه استفاده از اطلاعات شجره در صورت در دسترس بودن ارجح است. استفاده محدود از نشان‌گرها برای تصدیق، تصحیح، تکمیل و جایگزینی محدود نتایج حاصل از شجره می‌تواند مفید واقع شود (فرناندز[۶] و همکاران، ۲۰۰۵).

۵- الگوهای ژنومی تنوع

پیش از این روش‌هایی که اطلاعات حاصل از DNA می‌توانند دیدگاه ما را درباره تنوع تقویت کنند را شرح دادیم. اما درحالی‌که روش‌های فوق می‌توانند با هر کدام از نشان‌گرها استفاده شوند، لیکن تفسیر نتایج حاصل بستگی به موقعیت نشان‌گرها در ژنوم دارد. DNA عملگر[۱] کم‌تر از پنج درصد کل ژنوم را تشکیل می‌دهد (فدروا[۲] و فدروف[۳]، ۲۰۰۵). این بخش شامل نواحی کد شونده برای اسیدهای آمینه‌ی به کار رفته در ساخت پروتئین‌ها و همچنین نواحی تنظیمی است که کنترل‌کننده‌ی رونویسی نواحی کد شونده‌ی DNA هستند. بقیه نواحی ژنوم غیر فعال هستند و هنوز علم نتوانسته است نقش آنها را درک کند و شاید هیچ نقش و عملکردی نداشته باشند. برای برخی جایگاه‌های ژنی در نواحی فعال ژنوم، ممکن است یک آلل باعث مزیت انتخابی برای افراد حامل باشد و بنابراین با گذشت زمان فراوانی آن افزایش یابد تا جایی که در جامعه تثبیت شود. در مقالات و کتب معمولاً نشان‌گرهایی را که از نواحی غیر فعال ژنومی استفاده می‌کنند خنثی می‌نامند. به عبارت دیگر این نشان‌گرها با آلل‌هایی که مزیت انتخابی ایجاد می‌کنند رابطه‌ای ندارند. توجه به خنثی بودن نشان‌گر از اهمیت زیادی برخوردار است، زیرا فرض می‌شود که این نشان‌گرها فقط از طریق رانش ژنتیکی فراوانی‌ها را تغییر می‌دهند؛ نه از طریق انتخاب. خنثی بودن یک جایگاه ژنی در بین نژادها متفاوت است، زیرا (۱) ممکن است یک نژاد آلل‌های مهم تفرق یافته‌ای داشته باشد که در سایر نژادها تفرق ندارند و (۲) نژادهای مختلف حیوانات اهلی در معرض معیارهای متفاوت انتخاب قرار خواهند گرفت که البته بستگی به اهداف متخصصان اصلاح دام دارد.

[1] Functional DNA
[2] Federova
[3] Federov

ژنوم در داخل کروموزوم سازماندهی شده است و در آن پدیده پیوستگی[1] دیده می‌شود (پی‌نوشت ۵-۳). یکی از نتایج پیوستگی این است که آلل‌هایی که روی یک کروموزوم هستند و در نزدیکی یک جهش مطلوب قرار دارند، تمایل به افزایش فراوانی خود در کنار جهش دارند (مایناردـ اسمیت[2] و هایگ[3]، ۱۹۷۴). احتمال دارد که آلل‌های خیلی نزدیک و متصل به جهش، در جمعیت تثبیت شوند. بنابراین این ناحیه از کروموزوم که به جایگاه ژنی تحت انتخاب بسیار نزدیک است، تنوع بسیار کمی را نسبت به جایگاه‌های ژنی اطراف خود در داخل آن نژاد نشان می‌دهد. بنابراین بررسی تنوع آللی در سرتاسر ژنوم، الگوهایی از نواحی با تنوع بالا را که به‌وسیله نواحی با تنوع نسبتاً پایین علامت‌گذاری شده‌اند نشان می‌دهد. این نوع الگوی تنوع درون ژنومی را ردپای انتخاب[4] می‌نامند و نشان می‌دهد که جایگاه‌های ژنی برای اهلی شدن، تثبیت خصوصیات خاص هر نژاد (وینر[5] و همکاران، ۲۰۰۳) و یا نواحی حفظ شده برای یک جنس (اهلی یا وحشی) اهمیت زیادی دارند. این نواحی در فصل ۴ کاملاً شرح داده می‌شوند. جستجوی مؤثر برای ردپاهای انتخاب در حیوانات اهلی با استفاده از نشان‌گرهای بسیار متراکم و پراکنده در سطح ژنوم مثل SNPها شروع شده است.

گستردگی اطلاعات DNA، اجازه‌ی مطالعه تنوع حاصل از ترکیبات آللی را در جایگاه‌های ژنی سرتاسر ژنوم فراهم می‌سازد. این نوع تنوع درون نژادی، نه تنها به فراوانی آللی، بلکه به مقدار عدم تعادل پیوستگی (LD)[6] مشاهده شده نیز بستگی دارد. عدم تعادل پیوستگی ممکن است در اثر اندازه جمعیت و نوع مدیریت گله در نسل‌های متمادی اتفاق افتاده باشد. اما این نوع تنوع در هر دو شکل درون و بین نژادی، بیان‌گر وجود اثرات متقابل اپیستاتیک روی عملکرد حیوانات است. به‌طور خلاصه با مطالعه تنوع ژنتیکی می‌توان تفاوت‌های الگوهای ژنومی بین و درون نژادها را بررسی کرد.

---

[1] Linkage
[2] Maynard-Smith
[3] Haigh
[4] Selection Footprint
[5] Wiener
[6] Linkage Disequilibrium

پی‌نوشت ۵-۳- کروموزوم‌ها و پیوستگی

در طی فرایند لقاح، یک فرد دو نسخه از DNA را در هر جایگاه ژنی خود (غیر از جایگاه‌های ژنی وابسته به جنس) دریافت می‌کند که هر نسخه از یکی از گامت‌های والدین منتقل شده است. جایگاه‌های ژنی به بلوک‌های مجزای DNA موسوم به کروموزوم منتقل می‌شوند. کروموزوم منتقل شده از پدر به همراه کروموزوم همتای آن که از مادر منتقل شده را کروموزوم‌های همولوگ (همتا) می‌نامند. تعداد کروموزوم‌های انسان با در نظر گرفتن کروموزوم‌های جنسی، ۲۳ جفت است، این تعداد در گاو ۳۰ جفت کروموزوم است. کروموزوم‌های منتقل شده به نتاج در واقع انتخاب‌های تصادفی از بین کروموزوم‌های والدین (پدری و مادری هستند). انتخاب در زمان تشکیل گامت‌ها که آن را میوز می‌نامند صورت می‌پذیرد. در میوز، پدیده کراسینگ‌اور اتفاق می‌افتد که در آن قطعاتی از کروموزوم‌های همولوگ حمل شده توسط والدین با یکدیگر جابه‌جا می‌شوند. در نتیجه توالی‌های جدید ژنی حاصل می‌شوند.

البته نوترکیبی با فراوانی نسبتاً کمی در مقایسه با تعداد کل ژن‌ها اتفاق می‌افتند، زیرا آلل‌های به ارث رسیده از پدر یا مادر در جایگاه‌های ژنی مجاور روی یک کروموزوم به احتمال زیاد همراه با هم روی یک گامت به فرزندان منتقل می‌شوند. اما احتمال این‌که جایگاه‌های ژنی دور از هم روی یک کروموزوم، با هم به ارث برسند ۰/۵ است. به عبارت دیگر این جایگاه‌های ژنی دارای احتمالی شبیه به دو جایگاه ژنی مجزا روی دو کروموزوم هترولوگ هستند. این موضوع احتمال وقوع جفت کراسینگ‌اورهای بین آن‌ها را افزایش می‌دهد. این تمایل آلل‌های پدری یا مادری روی یک کروموزوم به انتقال همراه هم را پیوستگی یا لینکاژ می‌نامند. در این حالت می‌گوییم دو جایگاه ژنی موجود روی یک کروموزوم همولوگ، به هم متصل یا پیوسته هستند. پیوستگی را با واحد مورگان (M) یا سانتی‌مورگان (cM) اندازه‌گیری می‌کنند. طول کروموزوم برحسب پیوستگی دو جایگاه ژنی در یکی از دو انتهای کروموزوم تعریف می‌شود. انتظار می‌رود کروموزومی که طول آن x مورگان باشد، x کراسینگ‌اور در طی میوز در آن اتفاق افتد. البته تعداد کراسینگ‌اورهای واقعی، یک متغیر تصادفی است (برای کسب اطلاعات بیش‌تر راجع به پیوستگی و محاسبه‌ی آن به لینچ و والش، ۱۹۹۸ مراجعه کنید). طول معمول کروموزوم پستانداران معمولاً یک مورگان است. وقتی فاصله دو جایگاه ژنی صفر مورگان باشد؛ این امر نشان می‌دهد که آلل‌های والدی همواره با

هم به ارث می‌رسند. اما وجود فاصله زیاد بین دو جایگاه ژنی نشان می‌دهد که احتمال انتقال آن‌ها با هم به نسل بعد ۰/۵ است.

٦- اندازه‌گیری تغییرات در تنوع

تا به حال ما فقط مقدار تنوع موجود در جامعه را اندازه‌گیری می‌کردیم. مقدار تنوع ناشی از وقایعی بود که در طول تاریخ آن جامعه یا نژاد و اغلب از زمان‌های دور تاکنون اتفاق افتاده بود. اطلاعات مربوط به تنوع حتی گاهی اوقات می‌تواند منشأ نژادها را هم به ما نشان دهد. اما امروزه مدیریت پایدار منابع ژنتیکی تحت تأثیر مدیریت تنوع است. فهم این نکته مهم است که بدانیم بخشی از تنوع ژنتیکی به‌ناچار در هر نسل در اثر انتقال تصادفی آلل‌ها از والدین به نتاج، از دست می‌روند. اطمینان از این‌که همه‌ی تنوع موجود در تمام ۳×۱۰^{۹} جفت باز ژنوم حیوانات می‌تواند در حیوانات انتخاب شده برای جایگزینی نسل حاضر تکرار شود غیر ممکن است. با این حال در هر نسل پتانسیل‌هایی مثل جهش، مهاجرت (اگر جمعیت بسته و محصور نباشد) یا اپی‌ستازی بین ژن‌ها وجود دارند که می‌توانند باعث وارد شدن تنوع جدید به جمعیت‌های انتخابی شوند (کارلبورگ[1] و همکاران، ۲۰۰۶). بنابراین مدیریت پایدار تنوع، می‌تواند میزان کاهش تنوع را در سطح مطلوبی نگه دارد (ولیامز[2] و همکاران، ۲۰۰۲). بنابراین ما به میانگین براورد یا پیش‌بینی مقدار کاهش در تنوع نیاز داریم.

موضوع مهم در اندازه‌گیری میزان کاهش در تنوع، همخونی است. برای اندازه‌گیری همخونی باید تاریخچه جمعیت و نسل پایه آن را شناسایی کنیم. ما باید فرض کنیم که در این نسل همه آلل‌ها در یک جایگاه ژنی خنثی یا بی‌اثر فرضی، به‌طور قابل تشخیصی از هم تفاوت دارند. هرچند این فرض غیرواقعی و خیالی است، اما چارچوب لازم برای تخمین تغییرات واقعی در تنوع مشاهده شده در طول زمان را فراهم می‌سازد. هر فرد متولد شده بعد از نسل پایه، دارای یک «ضریب همخونی» دارد که از روی شجره محاسبه می‌شود (پی‌نوشت ۶-۳). این ضرایب همخونی میزان کاهش مورد انتظار در تنوع نسبت به نسل پایه را تعیین می‌کنند.

نکات زیر در بررسی همخونی اهمیت زیادی دارند. برای یک جمعیت حاصل از نسل پایه در زمان t=۰، $\sigma_A^2(t)$، $H(t)$، و $F(t)$ به ترتیب بیان‌گر σ_A^2، هتروزیگوسیتی در زمان t و میانگین ضریب همخونی در زمان t هستند.

[1] Carlborg
[2] Woolliams

۱- مقدار همخونی $\Delta F=[F(t)-F(t-1)]/[1- F(t-1)]$ یک معیار چند بعدی است و برای جمعیتی با اندازه ثابت که در معرض فشار انتخاب ثابت است، و همواره نیز ثابت باقی می‌ماند. توجه کنید که در این حالت $F(t)-F(t-1)$ ثابت نیست.

۲- به همین منوال رابطه $\Delta F=[H(t-1)-H(t)]/H(t-1)$ کاهش نسبی هتروزیگوسیتی در یک نسل را نشان می‌دهد.

۳- انتظار می‌رود که رابطه $H(t)=[1-F(t)]H(0)$ برقرار باشد. به عبارت دیگر اگر وقتی هتروزیگوسیتی میانگینی از تعداد زیادی از لاین‌های همخون در همان جمعیت باشد، مقدار هتروزیگوسیتی کاهش خواهد یافت. البته این فرایند تصادفی است و مقدار هتروزیگوسیتی وقتی فقط در یک لاین مشاهده شود، ممکن است کم یا زیاد شود.

۴- برای صفتی که $\sigma_A^2(0)=\sigma_G^2(0)$ باشد، انتظار می‌رود که $\sigma_A^2(t)=[1-F(t)]\sigma_A^2(0)$. اگرچه مثل بند ۳، این هم یک انتظار است نه یک قانون کلی.

۵- وقتی $\sigma_A^2(0)=\sigma_G^2(0)$ باشد، واریانس ژنتیکی بین زیرجمعیت‌های جدا شده از یک نسل پایه، به کمک رابطه‌ی $2F(t)\sigma_A^2(0)$ محاسبه می‌شود. ازآن‌جایی‌که فراوانی آللی صفتی است که در آن $\sigma_A^2(0)=\sigma_G^2(0)$، این مشاهده نشان می‌دهد که فراوانی یک آلل بی‌اثر یا خنثی نسبت به فراوانی اولیه با واریانس تجمعی $2F(t)\sigma^2A(0)$ رانش می‌یابد. این واریانس را «واریانس رانش» گویند. این رانش فراوانی آلل‌ها در طول زمان، باعث می‌شود آلل حذف شده یا در جمعیت تثبیت شود. در حقیقت همواره در طول یک دوره‌ی زمانی کافی یا در زمان بی‌نهایت، یک آلل از دست می‌رود یا تثبیت می‌شود.

موارد ۱ تا ۵ نشان دادند که تغییرات برخی براوردهای مهم تنوع به ازای هر واحد از زمان توسط ΔF بیان می‌شود.

در فصل ۷ توضیح داده خواهد شد که بسیاری از جنبه‌های مدیریت پایدار در درون نژادها بستگی به مدیریت ΔF دارد و این فراسنجه از اهمیت زیادی در حفظ ذخایر ژنتیکی برخوردار است. هم‌چنین در فصل ۷ برخی فرمول‌های مناسب برای تخمین در شرایط مختلف شرح داده خواهد شد. اغلب ΔF به عنوان نمادی از «اندازه جمعیت مؤثر» ($Ne=[2\Delta F]^{-1}$) بیان می‌شود که در این رابطه ΔF میزان همخونی محاسبه شده‌ی جمعیت در طول یک نسل است. به‌طور کلی برای بیش‌تر جمعیت‌های حیوانات اهلی، افزایش تعداد والدین باعث بیش‌تر شدن مقدار

Ne محاسبه شده می‌شود. در واقع افراد دیپلوییدی که در معرض انتخاب تصادفی، آمیزش تصادفی و عدم محدودیت در اندازه خانواده هستند، دارای ΔF یکسانی خواهند بود. این جمعیت یکسان را اغلب «جمعیت ایده‌آل شده» می‌نامند. اما نباید سایر خصوصیات ژنتیکی جمعیت ایده‌آل شده را هم مشابه جمعیت واقعی درنظر بگیریم. بنابراین اندازه جمعیت مؤثر، ابزار مفیدی برای مشخص کردن میانگین همخونی است. توجه کنید که نباید هیچ تعریف دیگری برای Ne غیر از $Ne=[2\Delta F]^{-1}$ را پذیرفت؛ حتی اگر در یک مقاله یا کتاب علمی هم درج شده باشد. برای بررسی بیش‌تر مباحث پیرامون کاربرد Ne به پی‌نوشت ۷-۳ مراجعه کنید.

پی‌نوشت ٦-۳- ضرایب همخونی و مثال‌هایی برای آن

ضریب همخونی بر حسب نسل پایه به‌دست می‌آید. فرض بر این است که در نسل پایه، همه افراد غیر خویشاوند بوده و همه آلل‌ها مجزا هستند. بنابراین برای جمعیت پایه‌ای با N والد، تعداد 2N آلل مجزا وجود دارد؛ زیرا هر والد، دو آلل را حمل می‌کند. ضریب همخونی (F) یک فرد در واقع مقدار احتمال آن است که در مورد یک جایگاه ژنی خنثی که به‌طور تصادفی انتخاب شده باشد، دو آللی که توسط آن فرد حمل می‌شود، مشابه اجداد خود یا نسخه‌هایی از همان آلل جمعیت پایه باشد.

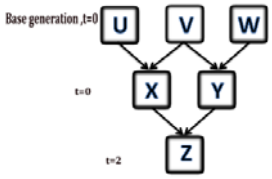
با توجه به این تعریف، چند ویژگی برای ضریب همخونی وجود دارد:

۱. F یک احتمال بوده و بنابراین $۰ \leq F \leq ۱$ است.

۲. بنا به تعریف، برای افراد جمعیت پایه $F = ۰$ است.

۳. برای گونه‌های فاقد خودلقاحی، فقط زمانی $F > ۰$ است که یک جد مشترک در شجره پدر و شجره مادر وجود داشته باشد. بنابراین وقتی $F > ۰$ باشد، در شجره فرد یک حلقه وجود دارد.

به‌عنوان مثال شجره زیر را در نظر بگیرید:



در این مثال مقدار F برای افراد U، V، W، X، و Y برابر صفر است. برای فرد Z چون V جد مشترکی هم از طرف پدر و هم از طرف مادرش است، بنابراین F>۰ است. لذا یک حلقه به‌صورت V→X→Z→Y→V دیده می‌شود. اگر فرد Z دو نسخه از یک آلل را از نسل پایه داشته باشد، سه واقعه باید رخ دهد: (۱) فرد V باید آلل مشابهی را به افراد X و Y با احتمال ۰/۵ منتقل کند؛ (۲) این آلل باید با احتمال ۰/۵ از طریق فرد X به فرد Z منتقل شود؛ و (۳) این آلل باید با احتمال ۰/۵ از طریق فرد Y به فرد Z منتقل شود. بنابراین احتمال این‌که فرد Z دارای دو آلل مشابه از جد خود باشد برابر ۰/۱۲۵=۰/۵×۰/۵×۰/۵ خواهد بود.

روش محاسبه ضریب همخونی برای شجره‌های بزرگ و پیچیده در این‌جا ذکر نمی‌شود. خوانندگان می‌توانند به منبع فالکونر و مک‌کی (۱۹۹۶) و سایر مقالات و کتاب‌ها در مورد روابط خویشاوندی مراجعه کنند. ضریب همخونی در یک جمعیت بسته در طول زمان، به‌طور ثابت به سمت ۱ افزایش می‌یابد.

۷- ارتباط تنوع با F و ΔF

وقتی دوباره براوردهای تنوع را که قبلاً شرح دادیم بررسی کنیم، حتماً از اطلاعات همخونی برای تفسیر بهتر ماهیت تنوع در جمعیت استفاده خواهیم کرد:

۱- هتروزیگوسیتی در نقطه‌ی اولیه کاملاً بر اساس فراوانی‌های آللی در جایگاه‌های ژنی انتخاب شده و تاریخچه نژاد تعیین می‌شود. اما تغییر در هتروزیگوسیتی بستگی به ΔF و تعداد نسل‌هایی دارد که تغییر هتروزیگوسیتی در طی این نسل‌ها محاسبه می‌شود. هتروزیگوسیتی مشاهده شده و تغییر در هتروزیگوسیتی اندازه‌گیری شده با نشان‌گر، در معرض خطای نمونه‌برداری قرار دارند و بنابراین تغییر در ضریب همخونی احتمالاً کم است. از این‌رو تغییرات در هتروزیگوسیتی مخصوصاً برای اندازه‌گیری اندازه‌ی جمعیت مؤثر کارایی ندارد. البته برخی مطالعات همچون گزارش داتویلر[1] و همکاران (۲۰۰۶)

[1] Daetwyler

نشان داد که هتروزیگوسیتی مشاهده شده در جمعیت حیوانات اهلی همان‌طور که انتظار می‌رود با $F(t)$ مرتبط هستند. این موضوع پیش از این توضیح داده شد.

۲- تنوع در فراوانی آللی بین و درون نژادها می‌تواند با همخونی مرتبط باشد. در برخی زمان‌های گذشته، گروه‌های نژادی مطالعه شده همگی از یک جمعیت پایه یکسان منشعب شده بودند و همه آلل‌ها در جمعیت پایه وجود داشتند و فرض می‌شود که در همه جمعیت‌های مورد مطالعه بی‌اثر و خنثی هستند. فرضیه دوم، پایه و اساس قوی دارد. احتمال دارد آللی در یک گروه نژادی وجود داشته باشد، اما در گروه نژادی دیگر غایب باشد. دلیل این امر این است که (۱) آلل در جمعیت پایه وجود داشت، اما در برخی نژادها از دست رفته است؛ (۲) آلل نتیجه‌ی جهش در یک نژاد است و باعث توسعه آن گروه نژادی شده است، اما در گروه‌های دیگر چنین نبوده است؛ یا (۳) یک جهش در نژادهای مختلف چند بار اتفاق افتاده است. احتمال درستی این شرایط به این بستگی دارد که تا چه اندازه از جمعیت پایه دور شده‌ایم و هم‌چنین از کدام نوع نشان‌گرها استفاده کرده‌ایم. زیرا برخی نشان‌گرها مثل ریز ماهواره‌ها (پی‌نوشت ۳-۳) نسبت به سایر نشان‌گرها بیش‌تر در معرض جهش قرار دارند.

بنابراین اگر این فرضیه‌ها در نظر گرفته شود، می‌توانیم σ_B^2 مشاهده شده برای فراوانی‌های آللی را به مقدار $2F(t)\sigma_A^2(0)$ ربط دهیم که $\sigma_A^2(0)$ واریانس ژنتیکی تخمین زده شده برای فراوانی آللی در جمعیت پایه از پیش فرض شده است. $F(t)$ هم عبارت است از همخونی تخمین زده شده‌ی جمعیت نسبت به جمعیت پایه‌ای که فرض می‌شود در آن نژادها به‌صورت لاین‌های فرعی مجزا هستند. این مفهوم باعث توسعه و براورد روابط خویشاوندی نژادها (F_{ST}) می‌شود که در فصل ۵ شرح داده می‌شود. F_{ST} در واقع همخونی براورد شده‌ی دو فرد از دو نژاد را به دو بخش همخونی مشترک دو نژاد و بخش باقی‌مانده تفکیک می‌کند.

۳- در پی‌نوشت ۲-۳ مفهوم تنوع بین نژادها در مورد صفات عملکردی مورد بحث قرار گرفت. این نوع تخمین از تنوع نژادی، براساس تنوع مشاهده شده‌ی فعلی بوده و به ما می‌گوید که با جابه‌جایی نژادها چه مقدار از عملکرد ممکن است کاهش یا افزایش یابد. مک‌کی و لاتا[1] (۲۰۰۲) معیار Q_{ST} را مورد توجه قرار داردند. این معیار براوردی از تنوع

[1] Latta

ژنتیکی مشاهده شده در بین و درون نژادها برای صفات کمّی است که از طریق رانش از جمعیت پایه حاصل شده باشد. به عبارت دیگر معیار Q_{ST} شبیه معیار F_{ST} برای تنوع در فراوانی‌های آللی است. تفسیر این معیار در مبحث عوامل تکامل حیوانات اهلی، کار دشواری است؛ زیرا انتخاب نقش اصلی را در توسعه نژادها بازی می‌کند و بی‌طرف بودن صفات کمّی نظیر صفات تولید، تولیدمثل و خصوصیات ظاهری دام که به‌آسانی اندازه‌گیری می‌شوند، نسبت به نشان‌گرهای DNA محل تردید است. معیار Q_{ST} می‌تواند به صورت $\sigma_B^2/(\sigma_B^2+2\sigma_W^2)$ بیان شود. بنابراین مقادیر بالای Q_{ST} نشان‌دهنده‌ی تفاوت زیاد بین نژادها و در نتیجه اهمیت تنوع نژادی است. Q_{ST} رابطه تنگاتنگی با براورد مستقیم $g1=\sigma_B^2/(\sigma_B^2+\sigma_W^2)$ براساس تنوع ژنتیکی موجود دارد، زیرا $Q_{ST}=g_1/(2-g_1)$. به‌عنوان مثال با استفاده از مقادیر g_1 در پی‌نوشت ۲-۳، مقدار Q_{ST} برای ضریب تبدیل غذایی و رشد نسبی به ترتیب برابر با ۰/۱۴ و ۰/۲۰ براورد شده است.

۴- احتمال تثبیت یا از دست رفتن آلل‌ها از یک جمعیت (و تعداد آلل‌هایی که مشاهده می‌کنیم)، به عواملی مثل مهاجرت، رانش و هم‌چنین انتخاب (اگر آلل بی‌اثر نباشد) بستگی خواهد داشت. گستردگی رانش و در نتیجه این‌که با چه احتمالی در طول زمان تغییر می‌کنند، به ΔF بستگی خواهد داشت. این مبحث توسط کراو[1] و کیمورا[2] (۱۹۷۲) به‌طور مفصل بررسی شد و نتایج آن توسط کابالرو[3] و همکاران (۱۹۹۶) برای انتخاب توسعه یافت.

[1] Crow
[2] Kimura
[3] Caballero

پی‌نوشت ۷-۳- محدودیت‌ها در اندازه‌های جمعیت مؤثر

۱. سال یک واحد زمانی معمول در بررسی جمعیت‌های حیوانات اهلی است. بسیاری از پرورش‌دهندگان در مورد اکثر گونه‌های اهلی، یک چرخه اقتصادی یک‌ساله را در نظر می‌گیرند. هم‌چنین فاصله نسل به طول زمانی گفته می‌شود که جمعیت دوباره از نو تجدید می‌شود (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶). فاصله نسل برای گونه‌های اهلی رایج طولانی است؛ مثلاً فاصله نسل در گوسفند تقریباً سه سال، در گاو تقریباً شش سال و در اسب تقریباً ده سال است. داده‌ها معمولاً در طی زمان در واحدهای زمانی یکساله ارایه می‌شوند و در نتیجه فراسنجه ΔF برحسب سال تخمین زده می‌شود و آن را به صورت $\Delta F(y)$ نشان می‌دهیم. محاسبه رابطه‌ی $Ne(y)=1/[2\Delta F(y)]$ اغواکننده اما خطرناک است. محاسبه‌ی رابطه‌ی فوق بهتر از محاسبه‌ی رابطه‌ی $Ne(g)=1/[2\Delta F(g)]$ است که در آن $2\Delta F(g)$ میزان همخونی در هر نسل است. زیرا با صحت بیش‌تری مقدار کاهش تنوع را پیش‌بینی می‌کند. برای یک نسل با L سال، روابط $\Delta F(g)\approx L\Delta F(y)$ و $Ne(g)=1/[2L\Delta F(y)]$ برقرار هستند. اثر این موضوع را می‌توان با در نظر گرفتن یک جمعیت اسب که در آن L=۱۰ سال و $\Delta F(y)=۰/۰۰۲۵$ است و یک جمعیت خوک که در آن L=۱ سال و $\Delta F(y)=۰/۰۱$ است بررسی نمود. در این حالت، مقدار Ne(y) برای جمعیت‌های اسب و خوک به‌ترتیب ۲۰۰ و ۵۰ است؛ درحالی‌که مقدار Ne(g) به‌ترتیب ۲۰ و ۵۰ براورد می‌شود. مقایسه Ne(y) پیشنهاد می‌کند که جمعیت خوک بیش‌تر در معرض خطر ژنتیکی قرار دارد؛ درحالی‌که مقایسه Ne(g) نشان می‌دهد جمعیت اسب بیش‌تر در معرض خطر قرار دارد. برای کسب اطلاعات بیش‌تر در زمینه فاصله نسل به فصول ۷ و ۸ مراجعه کنید.

۲. رابطه $Ne=4MF/[M+F]$ که در آن M و F تعداد والدین نر و ماده هستند، تعریفی نامناسب و اشتباه است. تعریف درست Ne به صورت $\Delta F=[8M]^{-1}+[8F]^{-1}$ است. این رابطه که توسط رایت[1] (۱۹۶۹) ارایه شده است، فقط زمانی درست است که انتخاب تصادفی بوده و آمیزش‌های بین دو جنس با اندازه خانواده نامحدود برقرار باشد. چنین وضعیتی به‌ندرت روی می‌دهد و لذا چنین براوردی معمولاً متفاوت از مقدار واقعی ΔF خواهد بود.

[1] Wright

منابع

Caballero, A., M. Wei. and W.G. Hill, 1996 Survival rates of mutant genes under artificial selection using. individual and family information. Journal of Genetics 75: 63-80.

Crow, J.F., and M. Kimura, 1972. Introduction to Population Genetics Theory. Harper & Row.

Carlborg, O., L. Jacobsson, P. Ahgren, P. Siegel and L. Andersson., 2006. Epistasis and the release of genetic variation during long-term selection. Nature Genetics 38: 418-420.

Cundiff, L.V., M.D. MacNeil, K.E. Gregory and R.M. Koch, 1986. Between- and within-breed genetic analysis of calving traits, and survival to weaning in beef cattle. Journal of Animal Science 63: 27-33.

Daetwyler, H.D., F.S. Schenkd and J.A.B. Robinson, 2006. Relationship of multilocus homozygosity and inbreeding in Canadian Holstein sires of the Canadian Society of Animal Scientists, Halifax, NS, Canada.

Eco, U., and W. Weaver. 1992. The Name of the Rose. Vintage.

Falconer, D.S., and T.F.C Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Traits. 4th edition. Longman. Harlow. Essex. UK.

Fedorova, L., and A. Fedorov. 2005. Puzzles of the human genome: Why do we need our introns? Current Genomics 6: 589-595.

Fernandez, J., Villanueva, R. Pong-Wong and M.A. Toro. 2005. Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. Genetics 170: 1313-1321.

Jenkins, T.G., M. Kaps. L.V. Cundiff and C.L. Ferrell. 1991. Evaluation of between- and within- breed variation in measures of weight to age-relationships. Journal of Animal Science 69: 3118-3128.

Lush, J.L., 1994. The Genetics of Populations. Special Report 94. Iowa State

University.

Lynch. M. and B. Walsh, 1998. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates. McKay, J.K. and R.G. Latta. 2002. Adaptive population divergence: markers, QTL and traits. Trends in Ecology and Evolution 17: 285-291.

Maynard Smith, J., and J. Haigh. 1974. The hitch-hiking effect of a favourable gene. Genetical Research 23: 23-35.

Reed D.H. and R. Frankham, 2001. How closely correlated are molecular and quantitative measures of genetic variation? A meta-analysis. Evolution SS: 1095-1103.

Slate, J., P. David, K.G. Dodds. B.A. Veenvliet. B.C. Glass, T.E. Broad and J.C. McEwan. 2004. Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data. Heredity 93: 255-265.

Thiessen, R.B., E. Hnizdo. D.A.G. Maxwell. D. Gibson and St.C.S. Taylor. 1984. Multibreed comparisons of British cattle: variation in body-weight, growth-rate and food-intake. Animal Production 38: 323-340.

Thiessen, R.B., St.C.S. Taylor and J. Murray, 1985. Multibreed comparisons of British cattle: variation in relative growth-rate, relative food-intake and food conversion efficiency. Animal Production 41: 193-199.

Toro, M., C. Barragan, C. Ovilo, J. Rodriganez, C. Rodriguez and L. Sili6. 2002. Estimation of coancestry in Iberian pigs using molecular markers. Conservation Genetics 3: 309-320.

Toro, M., J. Fernandez and A. Caballero, 2006. Scientific basis for policies in conservation of farm animal genetic resources. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD ROM Communication No. 33-05.

Wheeler, T.L., L.V. Cundiff, R.M. Koch and J.D. Crouse, 1996. Characterisation of biological types of cattle (cycle IV): carcass traits and longissimus palatability. Journal of Animal Science 74: 1023-1035.

Wiener, P., D. Burton, P. Ajmone-Marsan, S. Dunner, G. Mommens, I.J. Nijman, C. Rodellar, A., Valentini and J.L. Williams., 2003. Signatures of selection? Patterns of microsatellite diversity on a chromosome containing a selected locus. Heredity 90: 350-358.

Woolliams, J.A., R. Pong-Wong and B. Villanueva, 2002. Strategic optimisation of short and long-term gain and inbreeding in MAS and non-MAS schemes. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to livestock Production 33: 155-162.

Wright, S., 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The Theory of Gene Frequencies. University of Chicago, Chicago.

فصل چهارم: نقش ژنومیکس در مطالعه تاریخچه اهلی شدن و سهولت در اصلاح دام

میگوئل تورو[1] و مکی-تانیلا[2]

[1]گروه اصلاح دام، مؤسسه ملی تحقیقات غذا و کشاورزی، مادرید، اسپانیا

[2]مؤسسه تحقیقات بیوتکنولوژی و غذا، فنلاند

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
نکات مهم در مورد محل و زمان اهلی شدن حیوانات چیست؟
چگونه می‌توان با مطالعات ژنومی، وقایع تاریخی هر نژاد را بررسی نمود؟
ارزش این اطلاعات از لحاظ حفظ و استفاده از ذخایر ژنتیکی چیست؟
چگونه می‌توان از تفاوت نژادها برای بهبود تولیدات دامی بهره برد؟
چگونه می‌توان با استفاده از ابزارهای ژنتیک مولکولی، کارایی برنامه‌های حفظ ذخایر ژنتیکی و اصلاح دام را افزایش داد؟

خلاصه

اولین بخش این فصل به اهلی شدن حیوانات می‌پردازد و اطلاعات تاریخی و باستانی در مورد زمان و مکان اهلی شدن گونه‌های مختلف حیوانات را شرح می‌دهد. این قسمت نشان می‌دهد چرا برخی گونه‌های حیوانات برای بشر مفید بوده و اهلی شده‌اند و گونه‌های دیگر مفید نبوده و اهلی نشده‌اند. سپس پیشرفت‌های اخیر که منجر به شکل‌گیری نژادهای امروزی شده‌اند بررسی می‌شوند. این مبحث هم مستلزم بررسی قوانین و اصول شکل‌گیری نژادها و هم‌چنین توجه به این نکته است که چگونه برخی نژادها از طریق فشار انتخاب شدید همراه با فناوری‌های نوین، به نژادهای غالب تبدیل شده‌اند. بخش دوم این فصل روش‌های ژنومی را مطرح می‌کند. این روش‌ها کمک می‌کنند دریابیم چگونه انتخاب، ساختار جمعیت و اختلاط جوامع در توسعه جمعیت‌های حیوانات اهلی دخالت دارند. آخرین بخش این فصل به استفاده

[1] Miguel Toro; Department of Animal Breeding, National Agriculture and Food Research Institute, Carretra La Coruna km7, 28040 Madrid, Spain
[2] Maki-Tanila; Biotechnology and Food Research, MTT Agrifod Research Finland, Jokioinen, Finland

از اطلاعات حاصل از تفاوت نژادها با تأکید بر روش‌های ژنومی برای تشخیص و استفاده از اطلاعات QTL (جایگاه‌های ژنی صفات کمّی) برای تعیین افراد و محصولاتی که باید اصلاح نژاد شوند اختصاص یافته است.

۱- اهلی شدن حیوانات

۱-۱- اهلی شدن

اهلی شدن حیوانات و گیاهان یکی از مهم‌ترین وقایع تاریخ زندگی بشر است. اهلی شدن باعث افزایش مقدار مواد غذایی در دسترس انسان، و در نتیجه حمایت از رشد و توسعه جمعیت‌های انسانی و توانمندسازی آن‌ها برای نفوذ به محیط‌های دیگر شده است. هم‌چنین اهلی شدن تأثیر زیادی بر تکامل فرهنگی بشر داشته است. از دیدگاه ژنتیکی، اهلی شدن شامل انتخاب برای کاهش رفتارهای وحشیانه، بلوغ زودرس، افزایش توانایی زندگی در محیط‌های نامساعد و ایجاد برخی خصوصیات ریخت‌شناختی است. به عنوان مثال در گذشته مرغ‌ها برای افزایش اندازه بدن و گاوها برای کاهش اندازه بدن انتخاب می‌شدند. در طی این فرایند، تغییرات مهمی در صفات مورد نظر و نیز صفات همبسته با آن‌ها به وجود می‌آید. به عنوان مثال می‌توان به کاهش اندازه مغز و کاهش اندازه دندان‌ها اشاره کرد (دیاموند[1]، ۲۰۰۲).

تاکنون حدود بیست گونه حیوان اهلی در خشکی به‌همراه چند گونه ماهی و آبزیان دیگر اهلی شده‌اند و نیازهای متنوع غذایی بشر را تأمین می‌کنند. چند عامل وجود دارند که باعث تمایز ژنتیکی جمعیت‌ها می‌شوند:

۱- وجود جمعیت‌های پایه مجزا درون گونه‌ها
۲- جداسازی همراه با تنوع در تعدادی از حیوانات اصلاح شده
۳- کنترل محیط توسط انسان، محیط عمدتاً عامل انتخاب طبیعی هستند
۴- وجود محیط‌های سخت و خشن در نواحی جدید که اغلب باعث تقویت فرایند انتخاب طبیعی می‌شوند
۵- انتخاب در جمعیت‌های مدیریت شده جهت تأمین نیازها و اهداف بشر

[1] Diamond

اهلی شدن معمولاً به فرایندی اطلاق می‌شود که طی آن جمعیت حیوانی با بشر و محیط او سازگار می‌شود. هم‌چنین اهلی شدن نوعی همزیستی و هم‌سویی شامل تکامل توأم فرهنگ و ژنوم جامعه است. یک مثال در مورد اهمیت تکامل توأم، اهلی شدن گاوهای شیرده و استفاده از شیر است. این مسأله باعث انتخاب توأم حیوان و انسان شد (بجا- پریرا[1] و همکاران، ۲۰۰۳). در پستانداران اغلب به دلیل فقدان آنزیم لاکتاز در بزرگسالان (که برای هضم لاکتوز شیر به گالاکتوز و گلوکز ضروری است) که بعد از زمان از شیرگیری کودکان از کار می‌افتد، شیر از ارزش غذایی کمی برخوردار است. البته حدود سی درصد انسان‌ها دارای قابلیت تحمیل لاکتوز هستند و این شرایط معمولاً در شمال اروپا یعنی جایی‌که شیر منبع عمده تأمین کلسیم، ویتامین D و پروتئین است نیز دیده می‌شود. عدم تحمل لاکتوز یک ویژگی طبیعی در اجداد انسان بود. اما اخیراً جهشی در ژن لاکتاز باعث حفظ توانایی هضم لاکتوز در بزرگسالی شد که این ژن طی فرایند انتخاب طبیعی سریعاً به‌عنوان صفتی مطلوب حفظ گردید.

۱-۱-۱- چرا برخی گونه‌ها اهلی شدند و برخی‌ها اهلی نشدند؟

اهلی شدن حیوانات با سگ، گوسفند و بز شروع شد و اخیراً با اهلی شدن حیوانات تولیدکننده کرک و گونه‌هایی از ماهیان مثل قزل‌آلا ادامه یافت. حدود ۱۰-۸ مرکز مهم برای اهلی کردن گیاهان و حیوانات و تولید غذا وجود دارد (جدول ۱-۴). محققانی از گالتون[2] (۱۸۸۳) تا دیاموند (۲۰۰۳) در پی پاسخ به این سؤال بوده‌اند که چرا از بین ۱۴۸ گونه پستاندار بزرگ علف‌خوار یا گوشت‌خوار خشکزی که همگی استعداد اهلی شدن داشتند، فقط تعدادی اهلی شدند؟ دیاموند (۲۰۰۲) بیان کرد که مانع اهلی شدن سایر حیوانات، ناتوانی بشر نبوده است؛ بلکه ویژگی‌های خاص گونه‌های مورد نظر مانع از اهلی شدن آن‌ها شده است. او شش مانع اصلی اهلی شدن را به این شرح اعلام کرد :

۱- جیره غذایی خاص آن گونه نمی‌توانست به سهولت توسط انسان تهیه شود (مثلاً در مورد مورچه‌خوار)
۲- پایین بودن میزان رشد و زیاد بودن فاصله نسل (مثلاً در مورد فیل)
۳- رفتار تندخود و خشن گونه (مثلاً در مورد خرس گریزلی)
۴- بی‌میلی یک گونه به محبوس شدن (مثلاً در مورد یوزپلنگ)

[1] Beja-Pereira
[2] Galton

۵- عدم پیروی گونه از سلسله مراتب و نداشتن رهبر غالب (مثلاً در مورد بز کوهی)
۶- سراسیمگی و اضطراب زیاد هنگام مواجهه با شکارچی‌ها (مثلاً در مورد غزال)

به‌عنوان مثال اصلاح‌گران اروپایی اسب، بعد از ساکن شدن در آفریقای جنوبی از قرن هفدهم میلادی تلاش کردند تا گورخر را اهلی سازند. سرانجام آن‌ها از ایده خود برای اهلی کردن این حیوان صرف‌نظر کردند، زیرا گورخرها دارای محیط زندگی خطرناکی هستند که باعث زخمی شدن اهلی‌کنندگان شده و به آن‌ها اجازه وارد شدن نمی‌دهد (این محیط باعث زخمی‌شدن دشمنانی مثل ببرها می‌شود). آن‌ها هم‌چنین قدرت بینایی بیش‌تری نسبت به اسب‌ها داشته و نمی‌توان با کمند آن‌ها را اسیر کرد.

جدول ۱-٤ وقایع اهلی شدن، زمان و مکان اهلی شدن حیوانات بر اساس منبع بروفورد[1] و همکاران (۲۰۰۳)، میگنون- گراستیو[2] و همکاران (۲۰۰۵)، دوبنی[3] و لارسون[4] (۲۰۰٦) و زدر[5] و همکاران (۲۰۰٦). اختلافاتی بین براوردهای مبتنی بر شواهد باستانی و مولکولی (داده‌ها ارایه شده‌اند) وجود دارد.

گونه	تعداد وقایع	محل اهلی شدن	زمان اهلی شدن (سال قبل از میلاد مسیح)
سگ	زیاد	شرق آسیا	۱۵۰۰۰
گوسفند	۳-۱	خاور نزدیک	۱۲۰۰۰
بز	۴	خاور نزدیک	۸۰۰۰-۱۰۰۰۰
خوک	۷	خاور نزدیک، خاور دور، اروپا آسیا	۹۰۰۰
گاو، گورخر	۳-۲	خاور نزدیک، هند، آفریقا	۲۰۰۰-۸۰۰۰
مرغ	؟۱	آسیای مرکزی	۵۰۰۰-۷۰۰۰
اسب	زیاد؟	اروپای شرقی، آسیای مرکزی	۶۰۰۰
الاغ	۲	شمال آفریقا	۵۰۰۰
بوفالوی آبی	۲-۱	جنوب شرقی آسیا	۶۰۰۰
لاما، آلپاکا (شتر بی‌کوهان)	۴-۲	آمریکای جنوبی	۶۰۰۰
شتر	؟	خاور نزدیک	۳۰۰۰
خرگوش	؟	اروپا	۲۰۰۰

[1] Bruford
[2] Mignon-Grasteau
[3] Dobney
[4] Larson
[5] Zeder

۲-۱-۱- آیا ژن‌هایی برای اهلی شدن وجود دارند؟

داروین (۱۸۶۸) برای اولین بار متوجه شد که بیش‌تر گونه‌های اهلی شده، تغییرات مشابهی را در خلال اهلی شدن تحمل می‌کنند. مثلاً ارتفاع قد آن‌ها بسیار کوتاه یا بلند می‌شود، به رنگ ابلق درمی‌آیند، رنگدانه‌های آن‌ها از بین می‌رود و بی‌رنگ می‌شوند، موهای آن‌ها مجعد می‌شود، دم پیچ خورده و چرخان پیدا می‌کنند، گوش‌های آن‌ها آویزان می‌شود و بلوغ جنسی زودرس پیدا می‌کنند. به‌نظر می‌رسد که اکثر ویژگی‌های مرتبط با اهلی شدن با پدیده پدومورفوسیس[1] (حفظ خصوصیات بچگانه در افراد بالغ) مرتبط است. این موضوع نشان می‌دهد احتمالاً اهلی شدن حاصل تغییراتی در تعداد نسبتاً کمی از ژن‌های تنظیمی مؤثر بر رشد و نمو است.

تحقیقات متعددی در مورد ژن‌های مسئول صفاتی مثل تفاوت الگوهای رنگ بدن خوک و اسب، پر و بال مرغ و توده عضلانی خوک انجام شده است (آندرسون[2] و گئورگس[3]، ۲۰۰۴). در دهه ۱۹۵۰ میلادی، بلیائف[4] (به منبع تروت[5]، ۱۹۹۹ مراجعه کنید) آزمایشی برای دست‌آموز کردن روباه نقره‌ای شروع کرد. او فرض کرد صفات فیزیولوژیکی، ظاهری و رفتاری همزمان طی اهلی شدن تغییر یافته‌اند و بنابراین انتخاب در جهت صفت مهم رفتاری، باعث تغییر سایر صفات خواهد شد. او دست‌آموز کردن روباه‌های جوان را از طریق رفتارهای دوستانه آن‌ها مثل تکان دادن دم و صدا درآوردن برای پرورش‌دهندگان اندازه‌گیری نمود. بعد از گذشت چهل سال از انتخاب این حیوانات، ۸۰-۷۰ درصد افراد جمعیت تحت آزمایش، تماس با انسان‌ها را پذیرفته و همانند سگ‌ها، انسان‌های مراقبت کننده‌ی خود را دوست دارند. همان‌گونه که بلیائف پیش‌بینی کرده بود، تغییرات اضافی از قبیل تغییر در رنگ پوشش، و کوتاه شدن گوش، دم و پوزه نیز در این روباه‌ها دیده شد. علاوه بر این تغییرات فیزیولوژیکی نیز در حیوانات اهلی شده اتفاق افتاد. به‌عنوان مثال مقدار هورمون کورتیکواستروئید در حیوانات اهلی شده افزایش یافت. هم‌چنین مقدار هورمون آدرنالین خون این روباه‌های دست‌آموز در پاسخ به تنش‌ها کاهش و مقدار هورمون سروتونین افزایش یافت.

---

[1] Pedomorphosis
[2] Andersson
[3] Georges
[4] Belyaev
[5] Trut

۳-۱-۱- اهلی شدن چندگانه در مقابل اهلی شدن یگانه

مدت‌ها است که این موضوع مورد سؤال است که اهلی شدن حیوانات، نتیجه تنها یک واقعه‌ی اهلی شدن در یک ناحیه جغرافیایی محدود است یا حاصل وقایع مختلف اهلی شدن در چندین ناحیه جغرافیایی هستند. پراکندگی پستانداران اهلی آسیا- اروپایی از پرتغال تا چین، نظریه اهلی شدن چندگانه را تأیید می‌کند. این مطلب توسط اطلاعات حاصل از داده‌های ژنتیک مولکولی نیز تأیید شده است (بروفورد و همکاران، ۲۰۰۳؛ میگنون- گراستیو و همکاران، ۲۰۰۵؛ دوبنی و لارسون، ۲۰۰۶؛ زدر و همکاران، ۲۰۰۶)؛ اما پاسخ قطعی این سؤال به گونه مورد بررسی بستگی دارد. در برخی موارد (مثل خوک و اسب) فرضیه دخیل بودن بیش از دو واقعه اهلی شدن به‌خوبی توسط داده‌های علمی تأیید می‌شود؛ اما در مواردی مثل گاو (لافتوس[1] و همکاران، ۱۹۹۴) و الاغ شواهد موجود به وجود دو نقطه اشاره دارند (جدول ۱-۴).

بررسی DNA میتوکندریایی (mtDNA[2]، پی‌نوشت ۱-۴) روشی استاندارد برای ردیابی تاریخچه اهلی شدن حیوانات است. به خوبی مشخص شده است که گاو می‌تواند به دو گروه زبو یا کوهان‌دار (*Bos indicus*)[3] از اروپا- آسیای شرقی و آفریقای شرقی، و گاو معمولی (*Bos taurus*) از اروپا و آفریقای شرقی، غربی و میانی تقسیم شود. با توجه به نتایج تجزیه و تحلیل‌های DNA میتوکندریایی مشخص شده که این دو گروه فاصله بسیاری از هم دارند و طی دو واقعه مجزا از گاو *Bos primigenius* اهلی شده‌اند. در گاوهای آفریقایی زبو فقط نشان‌گرهای mtDNA گاو معمولی (*Bos taurus*) دیده شد، اما نشان‌گرهای هسته‌ای و کروموزوم Y آن‌ها شبیه زبوی آسیایی بود. در این مورد، مطالعات DNA میتوکندریایی قادر به تشخیص ژن‌های زبو که توسط گاو نرهای زبو به چند گاو ماده معمولی (*Bos taurus*) منتقل شدند نیست (بروفورد و همکاران، ۲۰۰۳؛ زدر و همکاران، ۲۰۰۶). نتایج مطالعات DNA میتوکندریایی توسط نتایج تجزیه و تحلیل‌های DNA هسته‌ای تأیید شد و نتایج روشن‌تری به‌دست آمد.

در گوسفند و بز یک دودمان جغرافیایی مهم mtDNA وجود دارد که احتمالاً بیان‌گر اولین موارد اهلی شدن در بین‌النهرین است. دو دودمان محدودتر دیگر هم وجود دارد که بیان‌گر

[1] Loftus
[2] Mitochondrial DNA
[3] Bos indicos

مستقل بودن فرایند اهلی شدن آن‌ها است. در بز، اولین لاین از بین‌النهرین به سایر نقاط دنیا گسترش یافت. لاین دیگر که به غرب پاکستان محدود بود، با لاین‌های کشمیر مرتبط بودند. منشأ لاین کشمیر هم نامعلوم است (بروفورد و همکاران، ۲۰۰۳؛ در مورد تاریخچه اهلی شدن گوسفند می‌توانید به منبع تاپیو[1] و همکاران، ۲۰۰۶ مراجعه کنید). در خوک، اولین مطالعات DNA میتوکندریایی بیان‌گر وجود دو واقعه اهلی شدن (آسیا و اروپا) بود. اما اخیراً مطالعات DNA میتوکندریایی مبین وجود هفت واقعه مستقل اهلی شدن در اروپا- آسیا بوده است (لارسون و همکاران، ۲۰۰۵). تاریخ اهلی شدن سگ بیش‌تر شبیه خوک است تا گاو. اهلی شدن سگ در چند ناحیه اتفاق افتاده است. در مقابل، اهلی شدن اسب نه محدود به زمان بوده و نه محدود به مکان خاصی. چندین تنوع خطوط مادری در DNA میتوکندریایی اسب دیده شده که با تنوع خطوط پدری روی کروموزوم Y همخوانی ندارد. این قضیه بیان‌گر انحراف یا اریب جنسی شدیدی در طی فرایند اهلی شدن اسب است و نشان می‌دهد فقط تعداد اندکی از اسب‌های نر در اهلی شدن سهم ژنتیکی داشته‌اند (لیندگرن[2] و همکاران، ۲۰۰۴). به نظر می‌رسد که الاغ تنها سم‌دار اهلی شده در آفریقا است که احتمالاً طی دو فرایند مجزا اهلی شده است (بجا- پریرا و همکاران، ۲۰۰۴).

پی‌نوشت ۱-٤- نشان‌گرهای مولکولی برای مطالعه اهلی شدن چندشکلی DNA میتوکندریایی

تنوع در DNA میتوکندریایی به دلایل زیر برای مطالعه تنوع ژنتیکی فوق‌العاده مفید است:

- DNA میتوکندریایی دارای وراثت مادری و فاقد نوترکیبی بوده و همه نشان‌گرها در این ژنوم به‌طور مؤثری به‌صورت یک هاپلوتیپ منفرد متصل می‌شوند. ازاین‌رو تعداد تفاوت نوکلئوتیدها بین ژنوم‌های میتوکندریایی بیان‌گر فاصله ژنتیکی بین آن‌ها است.
- هر سلول هزاران نسخه از DNA میتوکندریایی دارد.
- نواحی DNA میتوکندریایی دارای نرخ جهشی حدود ۱۰-۵ برابر DNA هسته‌ای هستند که آن را برای مطالعه تنوع بین جمعیت‌های وحشی و اهلی در دوره‌های کوتاه اهلی شدن (کم‌تر از ۱۰۰۰۰ سال) ایده‌آل می‌سازد.

روش معمول برای تجزیه و تحلیل DNA میتوکندریایی، تعیین توالی ژن سیتوکروم b و ژن

[1] Tapio
[2] Lindgren

ناحیه کنترل است که نشان‌دهنده‌ی تنوع بیش‌تری نسبت به سایر قسمت‌های مولکول DNA میتوکندریایی است.

کروموزوم Y

همان‌طورکه DNA میتوکندریایی می‌تواند برای شناسایی دودمان‌های مادری در جوامع به‌کار رود، توالی‌های کروموزوم Y هم اطلاعات مشابهی را در مورد دودمان‌های پدری فراهم می‌سازند. در این‌جا نو ترکیبی محدود به ناحیه کوچکی از کروموزوم است.

شترهای آمریکای جنوبی هم وضعیت پیچیده‌ای دارند. آلپاکا (شتر بی‌کوهان) و لامای امروزی آمریکای شمالی از هر دو گونه وحشی گواناکو[1] و ویکونا[2] به ارث رسیده‌اند. هم آلپاکا و هم لاما دارای هاپلوتیپ‌های DNA میتوکندریایی از هر دو گونه‌ی وحشی فوق هستند؛ درحالی‌که ریزماهواره‌ها رابطه نزدیکی بین آلپاکا و ویکونا و هم‌چنین بین لاما و گواناکو نشان می‌دهند. این مثال بیان می‌کند که چگونه نتایج DNA میتوکندریایی و ریزماهواره‌ها برای شناسایی تاریخچه حیوانات اهلی متفاوتند و البته در آینده اطلاعات مربوط به کروموزوم Y هم به روشن شدن قضیه کمک خواهد کرد.

۲-۱- نژادها و پیشرفت‌های نوین ژنتیکی

توسعه جمعیت‌های حیوانات اهلی به سوی نژادها یا لاین‌های خالص، یکی از مهم‌ترین وقایع جدید در تاریخچه‌ی اهلی شدن حیوانات است. جمعیت‌های بومی متعددی وجود دارند که پایه و اساس شکل‌گیری نژادها در قرن نوزدهم بودند. این فرایند با افزایش ارزش اقتصادی برخی حیوانات اهلی شروع شد و با افزایش تقاضا برای داشتن شجره‌ای از نژادهای خالص تداوم یافت. این نوع تقاضا برای داشتن شجره‌ای از نژادهای خالص، اولین گام برای اصلاح نژاد علمی حیوانات با هدف کاهش مخاطرات اصلاح نژادی تجاری و تفننی بود. رونق تجارت و صادرات حیوانات باعث شد تعریفی رسمی از نژاد ارایه شود؛ هرچند این کار خیلی مشکل بود (فصل ۳، پی‌نوشت ۲-۳). نمایشگاه حیوانات اهلی برپا شد که باعث تقویت روند انتخاب و

[1] Guanaco
[2] Vicuna

اصلاح نژاد حیوانات برای رنگ و صفات ظاهری شد. به این ترتیب نژادها برای صفات ظاهری نظیر سازگاری، رنگ، و شاخ اصلاح شدند و در مورد حیوانات خانگی هم سعی شد اصلاح نژاد برای افزایش رفاه و آسایش آن‌ها انجام پذیرد. انتخاب همراه با آمیزش‌های جور شده و همخونی عمدی انجام شد. این کارها می‌توانست باعث ایجاد نتایج ناخوشایند و غیرمنتظره‌ای در نژادها شوند. البته اغلب این مخاطرات با موفقیت مهار شدند. به‌عنوان مثال نژاد معروف شورت‌هورن فقط با استفاده گسترده از تعداد اندکی از نرها پایه‌گذاری شد. نژادهایی وجود دارند که تفاوت‌های زیاد ژنتیکی در مورد عملکرد و تولید آن‌ها مشاهده نمی‌شود. این نژادها به این دلیل به‌عنوان نژادهای متفاوتی شناخته می‌شوند که خصوصیات ظاهری متفاوتی دارند. حالت برعکس هم ممکن است وجود داشته باشد و نژادهایی داریم که شباهت‌های فنوتیپی بسیار زیادی با هم دارند؛ درحالی‌که تنوع و تفاوت‌های ژنتیکی زیادی با هم دارند.

در سگ‌ها، وجود تنوع فوق‌العاده زیاد از نظر شکل، اندازه، رفتار و فیزیولوژی نژادها، آن‌ها را به مدل‌های ژنتیکی منحصر به‌فردی تبدیل کرده است. نژادهای جدیدی از سگ‌ها از طریق انتخاب صفات مورد علاقه انسان‌ها در اجداد وحشی آن‌ها به‌وجود آمده است. هر نژاد خالص، جمعیت ژنتیکی همخون و جدا شده از سایر نژادها است که دارای ساختار ژنتیکی ساده شده‌ای هستند که با خصوصیات فیزیکی آن‌ها مرتبط هستند.

یکی از راه‌های مطلوب برای حفظ تنوع ژنتیکی و روشی امیدبخش از نظر تئوری برای حفظ تنوع، تولید تعداد زیادی لاین همخون است تا همخونی زنده ماندن آن‌ها را به مخاطره نیندازد (فصل ۷). در این حالت نژادها در واقع لاین‌هایی با همخونی جزیی هستند که وجود آن‌ها شانس حفظ تنوع ژنتیکی را با کاهش خطر زوال آن افزایش می‌دهد.

برای جمعیت‌های حیوانی که در آن‌ها تنوع ظاهری افراد حفظ شده باشد، واژه نژاد بدوی به‌کار برده می‌شود. به‌عنوان مثال نژادهای بز اروپایی از نظر فنوتیپی بسیار متفاوت هستند. در ایسلند، ظاهر یکنواخت هرگز هدف اصلاح نژاد گاو، گوسفند و اسب نیست، و برعکس تنوع در رنگ آن‌ها بسیار مورد توجه است (آدالستینسون[1]، ۱۹۸۱). بنابراین نژادهای امروزی حیوانات اهلی در ایسلند، تنوع رنگی وسیعی دارند که در هیچ جای اروپا دیده نمی‌شود. در کشورهای در حال توسعه، چنین تنوعی در صفات ظاهری حیوانات اهلی عادی است.

[1] Adalsteinsson

اصلاح نژاد نوین حیوانات در ۶۰-۵۰ سال گذشته در اثر رشد بازار، حمل و نقل، ارتباطات، افزایش اطلاعات ژنتیکی، افزایش سرعت تولیدمثل به دلیل پیشرفت در فناوری‌های تولیدمثلی، و در نهایت پیشرفت برنامه‌های رایانه‌ای آغاز شد. با پیشرفت و معرفی برنامه‌های مؤثر و کارآمد انتخاب و افزایش اطلاعات در مورد فناوری‌های تولیدمثلی، انتخاب تجربی حیوانات کم‌کم جای خود را به برنامه‌های نوین و کارآمد انتخاب داد. انتخاب افراد براساس تجزیه و تحلیل‌های کمّی صفاتی مثل صفات تولیدی، سلامتی و باروری پایه‌گذاری شد.

۲- چگونه وقایع تاریخی باعث تغییر در تنوع ژنتیکی نژادها شده است؟

۱-۲- اطلاعات نشان‌گرها و توالی

تحقیقات ژنومی، روشی قدرتمند برای آشکار شدن وقایع زیر است:

- تاریخچه جمعیت‌های حیوان اهلی
- تعداد و مکان اهلی شدن حیوانات
- انقباض و انبساط جمعیت‌ها
- تأثیر انتخاب
- منشأ و اختلاط دودمان‌های پدری و مادری

در بین نشان‌گرهای ژنتیکی، ریز ماهواره‌ها و SNP[1] (تفاوت یا چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی) بیش‌ترین کاربرد را برای مطالعه تنوع دارند (به پی‌نوشت ۳-۳ در فصل ۳ مراجعه شود). امروزه با استفاده از فناوری نوین چیپ (ریزسازه)های DNA[2] امکان تجزیه و تحلیل همزمان هزاران جایگاه ژنی در ژنوم به وجود آمده است که البته تعداد بسیار زیادی جایگاه ژنی خنثی و بی‌اثر در سرتاسر ژنوم را نیز دربرمی‌گیرد. اطلاعات به‌دست آمده از چندین مکان مختلف را می‌توان با یکدیگر تلفیق کرده و سپس ترکیبات آللی هاپلوتیپ‌ها یا جایگاه‌های ژنی مختلف، و فراوانی هاپلوتیپ‌ها در فرایندهای نوترکیبی، انتخاب و رانش را دنبال نمود. امروزه هم‌چنین امکان دسترسی به توالی کامل بخشی از ژنوم مورد نظر هم وجود دارد. این داده‌ها به ما کمک می‌کند رابطه‌ی بین توالی‌های مختلف را براورد کرده و آن‌ها را تا توالی‌های اجدادی تعقیب کنیم.

---

[1] Single Nucleotide Polymorphism
[2] DNA chip

۲-۲- تشخیص انتخاب

جهش‌های ژنتیکی که برای جمعیت‌های حیوانات اهلی و انسان مفید هستند، در حیوانات حامل آن‌ها باعث ایجاد شایستگی انتخاب شده و در نتیجه این حیوانات نتاج بیش‌تری دارند. این جهش در نتاج آن‌ها نیز تکرار می‌شود. این نوع از جهش‌ها به احتمال زیاد در بین جمعیت در طی نسل‌های متمادی پراکنده شده و امروزه در ژنوم حیوانات دیده می‌شوند. در نتیجه پیدا کردن مواردی که در آن‌ها آلل خاص و مفیدی از یک جایگاه ژنی که به‌طور سریع و وسیع در جمعیت(ها) پراکنده شده و باعث کاهش تنوع در جایگاه ژنی مورد نظر شده است، موضوع مورد علاقه متخصصان اصلاح دام است. نتیجه این پراکندگی را «نشانه انتخاب[1]» می‌گویند که طی آن میزان تنوع کاهش یافته و عدم تعادل پیوستگی و تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها افزایش خواهد یافت.

مطالعه نشانه‌های انتخاب نیز با محدودیت‌هایی روبرو است. امکان دارد که پدیده‌های خاص جمعیتی باعث ایجاد الگوهای مشابهی به‌عنوان انتخاب شوند. در این‌صورت ابهامات راجع به اثرات انتخاب و تاریخچه ایجاد نژاد به سختی گره‌گشایی خواهد شد. فراوانی زیاد یک آلل در یک جمعیت و فقدان کامل آن در جمعیتی دیگر می‌تواند نتیجه فشارهای انتخاب متفاوت باشد. اما این مطلب می‌تواند در اثر یک واقعه تصادفی تاریخی در جمعیت و نه در نتیجه انتخاب، اتفاق افتاده باشد. به‌طور مثال اگر والدین جمعیت نسل بعد تصادفاً آللی نامعمول و کمیاب را داشته باشند یا اگر رانشی در فراوانی آلل مورد نظر اتفاق افتد، در این‌صورت دیگر انتخاب باعث ازدیاد آن آلل نشده است، بلکه یک پدیده جمعیتی باعث این اتفاق شده است.

تشخیص انتخاب با درک رفتار ژنوم یا بخشی از آن تحت شرایط خنثی وقتی که انتخاب وجود ندارد شروع می‌شود. جایگاه‌های ژنی تحت انتخاب اغلب رفتارهای ژنتیکی متفاوتی دارند و بنابراین الگوهای متفاوتی را از نظر تنوع نشان می‌دهند. پیش‌بینی‌ها برای جایگاه‌های ژنی بی‌اثر در جمعیت‌های خیلی بزرگ که اندازه‌های یکسانی در طول نسل‌ها داشته‌اند انجام می‌شود و نتایج آن به جمعیت‌های محدود (کوچک) توسعه می‌یابد. این پیش‌بینی‌ها معمولاً با فراسنجه‌های خاص آماری، و آزمون‌های قابل استفاده برای نشان‌گرهای منفرد، دسته‌های بزرگ نشان‌گرها و داده‌های توالی همراه هستند. اغلب از بسته‌های نرم‌افزاری برای انجام تجزیه و تحلیل‌های مختلف استفاده می‌شود. به‌جای استنباط از روی تئوری ژنتیک جمعیت،

[1] Signature of Selection

می‌توان ژنوتیپ تعداد زیادی از جایگاه‌های ژنی خنثی را تعیین کرد. فرایندهای جمعیتی مثل مهاجرت، انقباض و انبساط جمعیت و رانش تصادفی روی کل ژنوم تأثیرگذار هستند؛ درحالی‌که انتخاب باعث حذف نشانه‌های خاص این وقایع در نواحی فعال ژنومی‌می‌شود. با استفاده از کل ژنوم به عنوان نقطه شروع مطالعه می‌توان به‌راحتی انحراف و تغییرات داخل ژنوم را بررسی نمود.

۳-۲- روش‌های اصلی برای پیدا کردن انحرافات زیاد[1]

۱-۳-۲- آزمون لوونتین- کراکاور[2]

یک جهش جدید در جمعیت در ابتدا به‌نسبت کمیاب است. در برخی جمعیت‌ها این جهش می‌تواند به سرعت به یک آلل معمول تبدیل شود. این‌گونه آلل‌های جوان و جدید می‌توانند به‌عنوان نشانه انتخاب قلمداد شوند، زیرا جهش‌های مطلوب و جدید، آلل‌های دیگر را سریع‌تر از آلل‌های خنثی جایگزین می‌کنند. هرگاه یک جایگاه ژنی نسبت به سایر جایگاه‌های ژنی تفاوت بسیار زیادی بین جمعیت‌ها نشان داد (قابل محاسبه با Fst، فصل ۵)، این امر می‌تواند به‌عنوان شاهدی برای انتخاب یک آلل در یکی از جمعیت‌ها تفسیر شود. آزمون کلاسیک برای انتخاب/ خنثی بودن توسط لوونتین و کراکاور (۱۹۷۳) این موضوع را نشان می‌دهد. در این آزمون اگر سطح تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها از مقدار پیش‌بینی شده بزرگ‌تر باشد، مدل خنثی برای جایگاه ژنی رد خواهد شد. نسخه جدیدتر این آزمون برای داده‌های وسیع ژنومی توسعه یافته است (آکی[3] و همکاران، ۲۰۰۲) و قواعد آماری نیز به آن اضافه شد (بیومونت[4] و همکاران، ۲۰۰۲).

۲-۳-۲- تنوع توالی

چندین مقیاس توصیفی برای خلاصه سازی چندشکلی‌های توالی‌های DNA به‌کار می‌رود. در مورد یک مدل خنثی، سطح تنوع مورد انتظار(که معمولاً با علامت θ نشان داده می‌شود)

[1] Outliers
[2] Lewontin-Krakauer
[3] Akey
[4] Beaumont

می‌تواند از روی ایجاد آلل‌های جدید هنگام جهش و نیز از روی حذف آلل‌ها هنگام رانش استنباط شود (که رابطه معکوسی با اندازه جمعیت مؤثر دارد). به عبارت دیگر:

میزان جهش× اندازه جمعیت مؤثر × ۴= سطح تنوع مورد انتظار (θ)

چند نوع براورد برای تنوع ژنتیکی مولکولی وجود دارد: تعداد آلل‌ها، تعداد جایگاه‌های تفرق یافته یا تعداد موقعیت‌های نوکلئوتیدی که در آن‌ها چندشکلی دیده شده است (S) و میانگین تعداد تفاوت‌های جفتی در یکسری توالی (π). به‌عنوان مثال در جمعیت انسان‌ها دو فرد که به‌طور تصادفی انتخاب شده‌اند یک نوکلئوتید به ازای هر هزار نوکلئوتید (یک SPN به ازای هر کیلو باز) با هم تفاوت دارند. تنوع ژنتیکی انسان کم‌تر از سایر گونه‌های قدیمی‌تر است. در گاو و گوسفند میانگین تنوع نوکلئوتیدی حدود ۲/۵-۲ SNP به ازای هر کیلو باز است (میدووز[1] و همکاران، ۲۰۰۴). این مقدار در طیور ۵/۵-۴ SNP تخمین زده شده است (هیلیر[2] و همکاران، ۲۰۰۴).

انحراف از مقادیر مورد انتظار را می‌توان با استفاده از آزمون‌های آماری مشخص نمود. میانگین تعداد تفاوت‌های جفتی به صورت

$$\pi=\sum x_i x_j \delta_{ij}/n$$

براورد می‌گردد که در آن n طول توالی، x_i فراونی توالی نوع i، x_j فراوانی توالی نوع j و δ_{ij} تعداد تفاوت نوکلئوتیدی بین‌هاپلوتیپ‌های i و j است. روش دیگری برای تخمین مستقیم θ (موسوم به θ_π) وجود دارد که براساس تعداد جایگاه‌های در حال تفرق (θ_S) بوده و به صورت $S/\sum(1/i)$ محاسبه می‌شود. تاجیما[3] (۱۹۸۹) مقیاسی را برای مقایسه تخمین‌های θ_π وθ_S ارایه کرد. در حالت عدم انتخاب، تخمین‌ها قابل تمایز نبوده و آماره $D=\theta_\pi-\theta_S$ معادل صفر می‌شود. بروز یک تنگنای طولانی مدت در جمعیت باعث کاهش S و در نتیجه مثبت شدن D می‌شود. خالص‌سازی انتخاب باعث کاهش هتروزیگوسیتی و به تبع آن کاهش مقادیر D شود؛ و برعکس هنگام برقراری انتخاب متعادل، مقادیر مثبت دیده می‌شوند. اگر یک جمعیت منبسط شود، انواع زیادی توالی در آن دیده می‌شوند. اما سهم آن‌ها در هتروزیگوسیتی کم شده و D نیز منفی می‌شود.

---

[1] Meadows
[2] Hillier
[3] Tajima

۳-۳-۲- عدم تعادل پیوستگی (لینکاژ)

عدم تعادل پیوستگی (LD) شرایطی را نشان می‌دهد که در آن برخی ترکیبات آللی بین دو یا چند جایگاه ژنی (هاپلوتیپ‌ها) با فراوانی بیش‌تر یا کم‌تر از مقادیر مورد انتظار فراوانی‌های آللی در آن جایگاه‌های ژنی اتفاق می‌افتند. به عبارت دیگر، جایگاه‌های ژنی که در حالت عدم تعادل پیوستگی هستند، با هم تفرق می‌یابند. عدم تعادل پیوستگی می‌تواند در اثر انتخاب، تنگناه‌ها، مهاجرت و جهش ایجاد شود. حالت طبیعی یک جهش جدید در عدم تعادل پیوستگی است؛ زیرا در یک حیوان در وسط توالی منفرد در جمعیت اتفاق می‌افتد. ژنوم در رابطه با عدم تعادل پیوستگی، حاوی نواحی است که دارای تنوع هاپلوتیپ کم‌تری هستند و به بلوک‌های هاپلوتیپ[1] موسومند (وال[2] و پریتچارد[3]، ۲۰۰۳). این بلوک‌ها توسط نواحی با تنوع زیاد از سایر قسمت‌های ژنوم جدا شده‌اند. شناسایی این بلوک‌ها باعث سهولت در غربال‌گری کامل ژنوم برای ژن‌های مورد نظر با استفاده از تعداد کم‌تری نشان‌گر در مقایسه با وقتی می‌شود که به این بلوک‌ها توجه نکنیم (جوهنسون[4] و همکاران، ۲۰۰۱). نحوه ایجاد بلوک‌های هاپلوتیپ به‌خوبی شناخته نشده است. اغلب این بلوک‌ها با تنوع در میزان نوترکیبی در ژنوم مرتبط هستند (دالی[5] و همکاران، ۲۰۰۱). البته نشان داده شده است که این بلوک‌ها احتمالاً با یکنواختی نوترکیبی و رانش هم مرتبطند (زانگ[6] و همکاران، ۲۰۰۳).

٤-۲- جاروب انتخابی[7]

زمانی که غربال‌گری ژنوم با گروه زیادی از نشان‌گرها در سرتاسر ژنوم انجام می‌شود، امکان تشخیص آلل‌های معمولی که تحت شرایط عدم تعادل پیوستگی هستند وجود دارد. به‌عنوان مثال انتخاب باعث ایجاد تغییرات مرتبط با هم در فراوانی‌های آللی جایگاه‌های ژنی کنار هم می‌شود که اثرات آن را می‌توان با تجزیه و تحلیل عدم تعادل پیوستگی ردیابی کرد. هر زمان و هرجا که انتخاب روی یک جهش عمل کند، روی جایگاه‌های متصل به هم اثر خواهد

---

[1] Haplotype Blocks
[2] Wall
[3] Pritchard
[4] Johnson
[5] Daly
[6] Zhang
[7] Selective Sweep

گذاشت و نشانه‌های آن را در ناحیه کروموزومی پوشانده شده به‌وسیله آن جایگاه‌ها حذف خواهد کرد. این موضوع موسوم به جاروب انتخابی سبب کاهش تنوع در نقاط پیوسته به هم در جایگاه‌های ژنی تحت انتخاب خواهد شد. مشابه این موضوع، پدیده هیچ- هیچینگ[۱] ژنتیکی است (ماینارد- اسمیت[۲] و هایگ[۳]، ۱۹۷۴) که تغییر در فراوانی یک آلل در اثر انتخاب یک جایگاه ژنی دارای پیوستگی زیاد با یک آلل مثبت است. اما چنین انتخابی می‌تواند منفی واقع شوند. دراین‌صورت وقتی که انتخاب، جهش مضر را حذف و تنوع را در نواحی کروموزومی مجاور از بین می‌برد، اصطلاح انتخاب زمینه‌ای[۴] به‌کار می‌رود (چارلزورث[۵] و همکاران، ۱۹۹۳). اگر جاروب انتخابی تنها در چند جمعیت فعال باشد، اثر فوق‌العاده‌ای روی تفکیک جمعیتی در یک ناحیه ژنومی خاص دارد.

قدرت اثر جاروب انتخابی بستگی به بزرگی انتخاب دارد. از طرفی دیگر، دور بودن آلل خنثی از آلل مثبت انتخاب شده باعث کاهش اثر انتخاب می‌شود. اثرات جاروب انتخابی در نواحی دارای نوترکیبی کم‌تر، قوی‌تر است. بنابراین ما انتظار داریم فواصل پیوستگی متفاوت از فواصل فیزیکی باشد. عدم تعادل پیوستگی پس از نسل‌های متوالی نوترکیبی تحلیل می‌رود. بنابراین فقط جاروب‌های انتخابی جدید قابل تشخیص هستند. بعد از تثبیت یک آلل مفید و یا حذف یک آلل مضر، جاروب انتخابی با گذر زمان در اثر نوترکیبی تحلیل می‌رود و بنابراین انتخاب در گذشته‌های دور قابل تشخیص نخواهد بود.

۵-۲- انبساط و انقباض

ناحیه شاهد (کنترل) در DNA میتوکندریایی، تنوع زیادی را درون گونه‌ها نشان می‌دهد و بنابراین برای ردیابی الگو و نحوه توسعه تنوع مورد استفاده قرار می‌گیرد. میزان بالای تغییر و توانایی این ناحیه برای تشخیص تمایز بین نژادهای اهلی، آن را برای مطالعات فیلوژنتیکی در حیوانات اهلی مطلوب ساخته است. یک روش در این زمینه، بررسی پراکندگی تفاوت‌های جفتی بین هاپلوتیپ‌های DNA میتوکندریایی درون جمعیت است (روگرس[۶] و هارپندینگ[۷]،

[1] Hitch-Hiching
[2] Maynard-Smith
[3] Haigh
[4] Background Selection
[5] Charlesworth
[6] Rogers
[7] Harpending

۱۹۹۲). اگر یک جمعیت به تازگی انبساط یافته باشد، اکثر هاپلوتیپ‌ها فقط با اندکی جایگزینی جدا شده‌اند، زیرا زمان کافی برای انباشتگی تعداد زیادی جایگزینی در این جمعیت در حال رشد وجود نداشته است. هم‌چنین نقطه زمانی انبساط می‌تواند در تجزیه و تحلیل وارد شود، به‌طوری‌که جمعیتی که زودتر شروع به انبساط کرد دارای بیش‌ترین میانگین و واریانس اشتباهات هستند.

کاهش در اندازه جمعیت مؤثر (فصل ۳) بلافاصله اثر زیادی روی تنوع ژنی ندارد؛ اما در این حالت تعداد آلل‌ها به دلیل از دست رفتن آلل‌های کمیاب، به شدت تحت تأثیر قرار می‌گیرند. آزمون لویکارت[1] و کورنوئت[2] (۲۴) تنوع ژنی و تعداد آلل‌ها را مقایسه کرده و می‌تواند برای تشخیص کاهش‌های اخیر در اندازه جمعیت مؤثر استفاده شود. البته نتایج چنین تجزیه و تحلیل‌هایی، در اثر مهاجرت و اختلاط دچار ابهاماتی می‌شود.

٦-۲- فرایند کوآلسنس[3]

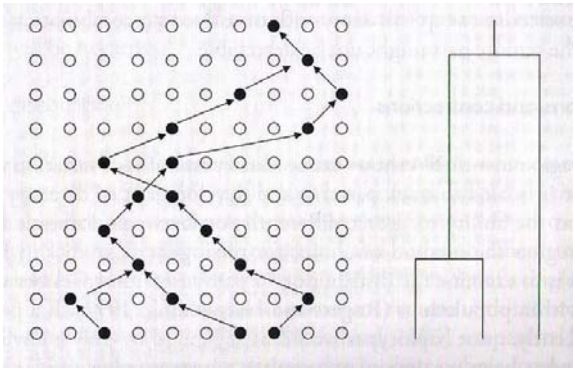
زمانی که مطالعه گسترده هاپلوتیپ‌ها در گروهی از جمعیت‌ها انجام می‌شود و اجداد هاپلوتیپ‌ها در زمان‌های گذشته ردیابی می‌شوند، منشأ مشترکی پیدا خواهد شد. وقتی یک منشأ مشترک برای یک جفت هاپلوتیپ به‌دست آمد، تعداد دودمان‌های اجدادی یکی کم می‌شود و دوباره هاپلوتیپ مشترک با سومی جفت می‌شود تا دودمان قدیمی‌تر ردیابی شود و به همین ترتیب الی آخر تا در نهایت این فرایند به یک جد مشترک برای هاپلوتیپ‌ها ختم شود. این فرایند را تجزیه و تحلیل کوآلسنس می‌نامند (روزنبرگ[4] و نوردبورگ[5]، ۲۰۰۲). فرایند کوالسنس می‌تواند برای تشخیص انتخاب مورد استفاده قرار گیرد. جاروب انتخابی مثبت یک جهش سازگار و تثبیت آن باعث گستردگی شجره‌های ستاره‌ای شکل کوچک با تعداد زیادی هاپلوتیپ‌های دارای فراوانی کم می‌شود که با شاخه‌های کوتاه مشابهی به یک جد مشترک متصل هستند (هاپلوتیپ‌های با فراوانی کم همراه با مقادیر پایین π باعث منفی شدن آماره آزمون تاجیما[6] می‌شوند). در مقابل، انتخاب متعادل باعث ایجاد شجره‌ای عمیق

[1] Luikart
[2] Cornuet
[3] Coalescence
[4] Rosenberg
[5] Nordborg
[6] Tajima test

می‌شود که در آن‌ها انواع هاپلوتیپ با فراوانی‌های متوسط یافت می‌شوند (که همراه با پدیده هیچ- هیچینگ در جایگاه‌های ژنی متصل باعث مثبت شدن آماره آزمون تاجیما می‌شوند).

پی‌نوشت ۲-٤- اصول کوآلسنس

کوآلسنس مدلی مناسب برای تجزیه و تحلیل داده‌های ژنتیک جمعیت است. در این روش به‌جای جلو رفتن در زمان، به عقب برمی‌گردیم و آلل‌ها را از نتاج به والدین، پدربزرگ و مادربزرگ و همین‌طور اجداد قبل‌تر تعقیب می‌کنیم تا به اولین جد مشترک برسیم. در شکل زیر ملاحظه می‌شود که سه آلل نمونه‌برداری شده ، نتاج سه آلل دیگر در نسل ۹ هستند و این سه آلل هم خود نتاج دو آلل دیگر در نسل ۸ هستند. در این‌جا نوعی کوآلسنس وجود دارد؛ زیرا دو آلل در نسل ۹ نتاج یک آلل والدی در نسل ۸ هستند. اگر ما این تجزیه و تحلیل را ادامه دهیم، به نقطه‌ای میرسیم که فقط یک آلل اجدادی باقی می‌ماند (نسل ۱).



نکته مهم این است که تجزیه و تحلیل کوآلسنس اجازه می‌دهد اطلاعات شجره‌ای را از داده‌های DNA با کارایی بالایی استخراج کنیم؛ زیرا در این روش به‌جای اطلاعات کل جمعیت، بخشی از جمعیت را نمونه‌برداری می‌کنیم. این روش می‌تواند برای مدل‌سازی و انجام آزمون‌های آماری جهت پی بردن به تاریخچه‌ی جمعیت (جوامع در حال رشد یا انحطاط) و شناخت سازوکار فرایند انتخاب در آن جمعیت مورد استفاده قرار گیرد.

۷-۲- ایجاد یک ساختار مخفی در یک فراجمعیت[1] به‌وسیله روش‌های توده‌ای[2]

امروزه شیوه‌های فیلوژنتیکی مبتنی بر فواصل ژنتیکی تبدیل به روش مناسبی برای بررسی تنوع ژنتیکی نژادهای حیوانات اهلی شده است (فصل ۵). این روش بر اساس یک تعریف اولیه از جمعیت بوده و چند محدودیت دارد. اول این‌که تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها کاملاً نادیده گرفته می‌شود. دوم این‌که تشکیل درخت‌های فیلوژنتیکی با استفاده از جمعیت‌های مختلط که اغلب در دام‌های اهلی اتفاق می‌افتد، با اصول ساختارهای فیلوژنی در تضاد است. سوم این‌که در این روش این واقعیت که فواصل ژنتیکی با توجه به نشان‌گر مورد استفاده و تاریخچه جمعیتی نژاد به شدت متغیر است نادیده گرفته می‌شود و لذا صحت بالایی ندارد (تورو[3] و کابالرو[4]، ۲۰۰۵).

اخیراً روش‌های انعطاف‌پذیرتری به جای فواصل ژنتیکی توسعه یافته‌اند. روش‌های جدید در پی تلاش برای تفکیک کل ژنوتیپ‌های نمونه جمعیت به تعداد نامشخصی زیرجمعیت (خوشه[5]) هستند. این امر امکان تفسیر راحت‌تر داده‌های حاصل از جمعیت را فراهم می‌آورد. در روش‌های خوشه‌بندی، افراد جمعیت‌های مختلف که منشأ ژنتیکی آن‌ها نامشخص است، به چند جمعیت مختلف تفکیک می‌شوند؛ سپس به مطالعه ارتباط بین خوشه‌های ژنتیکی حاصل و جمعیت‌های از پیش تعریف شده (مثل نژادها) می‌پردازند (پریتچارد و همکاران، ۲۰۰۰). این روش بدون داشتن اطلاعات قبلی از ساختار جمعیت، برای هر فرد، قسمتی از ژنوم وی که به هر خوشه تعلق دارد را براورد می‌کند. بنابراین این نوع روش‌ها امکان خوشه‌بندی داده‌ها در سطح گروه یا فرد را فراهم آورده و هم‌چنین تجزیه و تحلیل مختلط نیز انجام می‌دهد که در نتیجه مشخص می‌شود ژنوم هر فرد بیان‌گر چه نسبتی از آلل‌های اجداد مختلف است.

در این روش، الگوریتم‌ها براساس ژنوتیپ‌های با چند جایگاه ژنی بوده و با استفاده از روش‌های زنجیره‌ای مونت‌کارلو مارکوف[6] حل می‌شوند. در این الگوریتم‌ها فرض می‌شود ژنوتیپ‌های با چند جایگاه ژنی در زیرجمعیت‌های با آمیزش تصادفی، در حالت تعادل هاردی- واینبرگ و تعادل پیوستگی قرار دارند. روش کار شامل برازش همزمان فراوانی‌های

[1] Metapopulation
[2] Clustering methods
[3] Toro
[4] Caballero
[5] Cluster
[6] Monte Carlo Markov

آللی و انتساب افراد به جمعیت‌ها است (بعضی افراد ممکن است به بیش از یک جمعیت منتسب شوند). این محاسبه پیچیده با استفاده از روش MCMC (روش زنجیره‌ای مونت‌کارلو مارکوف) انجام می‌شود. تاکنون سه برنامه برای این کار در دسترس قرار گرفته است: STRUCTURE (پریتچارد و همکاران، ۲۰۰۰)، PARTITION (داوسون[1] و بالخیر[2]، ۲۰۰۱)، و BAPS (کوراندر[3] و همکاران، ۲۰۰۳). تفاوت‌های بین این نرم‌افزارها توسط پیرس[4] و کراندال[5] شرح داده شده است.

این روش اولین بار توسط روزنبرگ و همکاران (۲۰۰۱) در بیست نژاد مرغ و سپس در نژادهای خوک، گاو، گوسفند، بز، سگ و اسب استفاده شد. روزنبرگ و همکاران (۲۰۰۱) پیشنهاد کردند که جمعیت‌های مجزای ژنتیکی را می‌توان به این روش به سهولت شناسایی کرد. زمانی که چند جمعیت به راحتی با تعداد اندکی نشان‌گر قابل تفکیک هستند، این امر می‌تواند نشان‌دهنده وجود ترکیبات ژنتیکی با چند جایگاه ژنی مجزا در آن جمعیت‌ها باشد. بنابراین آن‌ها پیشنهاد کردند که تعداد نسبی جایگاه‌های ژنی مورد نیاز برای خوشه‌بندی صحیح جمعیت‌ها می‌تواند برای شناسایی جمعیت‌های دارای فواصل ژنتیکی استفاده شود. به‌عنوان مثال همان‌طور که در پی‌نوشت ۳-۴ ملاحظه می‌شود، فقط شش جایگاه ژنی مستقل برای جداسازی دو سویه‌ی مجزا کافی است.

۳- استفاده از تفاوت‌های بین نژادها

در این بخش چگونگی استفاده از اطلاعات حاصل از تفاوت‌های بین نژادها در برنامه‌های اصلاح نژاد مورد بحث قرار می‌گیرد. بیش‌تر تأکید ما در این بخش روی استفاده از ابزارهای ژنومی برای پیش‌بینی هتروزیس در تلاقی‌ها، تشخیص ژن‌های مورد نظر در وضعیت‌های مختلف، وارد کردن ژن‌های مفید از یک نژاد به نژاد دیگر، و انتساب افراد و محصولات به نژادها است.

---

[1] Dawson
[2] Belkhir
[3] Corander
[4] Pearse
[5] Crandall

۱-۳- پیش‌بینی هتروزیس با استفاده از فواصل ژنتیکی

در ژنتیک کمّی به خوبی می‌دانیم که تلاقی بین نژادهای دارای تفاوت‌های ژنتیکی باعث ایجاد برتری آمیخته یا هتروزیس به‌ویژه در مورد صفات شایستگی می‌شود. هتروزیس مستلزم غالبیت مستقیم (در مورد اکثر جایگاه‌های ژنی، آلل مغلوب اثر نامطلوبی دارد) و تفاوت در فراوانی‌های بین لاین‌های مورد استفاده در تلاقی‌ها است. البته تلاقی‌ها همیشه باعث بهبود شایستگی نمی‌شوند. تلاقی بین جمعیت‌های با فواصل بسیار زیاد، احتمالاً منجر به بروز هتروزیس نشده و حتی باعث کاهش شایستگی در نسل F2 می‌شود (افت نوترکیبی[1]) که این امر می‌تواند به‌خاطر از بین رفتن ارتباط ژن‌هایی باشد که رابطه اپی‌ستازی بین آن‌ها سبب شایستگی می‌شد (دیکرسون[2]، ۱۹۶۹).

پی‌نوشت ۳-٤- مثالی درباره استفاده از روش‌های خوشه‌بندی

این مثال مربوط به تجزیه و تحلیل پنج سویه از نژاد ایبری[1] به‌همراه نژاد دوروک[2] است (فابوئل[3] و همکاران، ۲۰۰۴). سویه‌ها توسط الگوریتم STRUCTURE (پریتچارد و همکاران، ۲۰۰۰) به دو خوشه تفکیک شدند. همه سویه‌های نژاد ایبری در یک خوشه و نژاد دوروک در خوشه دیگر قرار گرفتند. سویه‌های توربیسکال[4] و گادیرباس[5] جمعیت‌هایی بودند که ژنوم آن‌ها به‌وضوح از نژاد دوروک انشقاق یافته بود.

جدول ۲-۴ نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل خوشه‌ای جمعیت خوک نژاد ایبری با فرض وجود پنج خوشه را نیز نشان می‌دهد. به‌طور میانگین، ۹۸/۵ درصد ژنوم نژاد توربیسکال و ۹۹/۵ درصد ژنوم نژاد گادیرباس در دو خوشه مجزا طبقه‌بندی شدند. اما نتایج تجزیه و تحلیل در مورد سایر جمعیت‌ها چندان واضح نبود و ژنوم این نژادها در خوشه‌های متفاوتی قرار گرفتند. تجزیه و تحلیل اخیر تأکید می‌کند که دو سویه توربیسکال و گادیرباس نسبت به سایر جمعیت‌ها شناخته شده‌تر هستند.

[1] Recombination Loss
[2] Dickerson

جدول ۲-٤ نسبت عضویت هر جمعیت معین پس از فرض وجود دو یا پنج خوشه برای نژادهای مورد مطالعه

جمعیت	با فرض دو خوشه		با فرض پنج خوشه				
	۱	۲	۱	۲	۳	٤	٥
توربیسکال	۰/۰۰۱	۰/۹۹۹	۰/۰۰٤	۰/۰۰۳	۰/۰۰۲	۰/۹۸٥	۰/۰۰٦
گادیرباس	۰/۰۰۱	۰/۹۹۹	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۲	۰/۹۹٥
رتینتو[۷۲]	۰/۰۱۱	۰/۹۸۹	۰/۴۴۹	۰/۴٥۱	۰/۰۰۹	۰/۰۸۴	۰/۰۰۷
انترپلادو[۷۳]	۰/۰٥۰	۰/۹٥۰	۰/٥۲۷	۰/۴۱۹	۰/۰۰۸	۰/۰۳۰	۰/۰۱٦
لامپینو[۷٤]	۰/۰۱۰	۰/۹۹۰	۰/۳۲۱	۰/۲۲۳	۰/۳٥۱	۰/۰۲۴	۰/۰۸۱
دوروک	۰/۹۹۷	۰/۰۰۳					

ازآن‌جایی‌که مقدار هتروزیس متناسب با تفاوت در فراوانی‌های ژنی در لاین‌های والدی است، لذا پیشنهاد شده است که می‌توان با توجه به فواصل ژنتیکی می‌توان پیش‌بینی‌های مبتنی بر نشان‌گر از عملکرد آمیخته‌ها داشت. در غیر این‌صورت باید براوردهای غیرمستقیمی از فراوانی آلل‌ها برای صفات مورد نظر از طریق نشان‌گرهای ناشناختهٔ پراکنده در سطح ژنوم انجام داد. این پیش‌بینی‌ها در مورد برخی محصولات زراعی که لاین‌های به‌کار رفته در تلاقی از نظر شجره خویشاوند هستند یا می‌توان این لاین‌ها را تا رسیدن به جمعیت اجدادی مشترک دنبال کرد، کارآیی خوبی دارد. اما در مورد لاین‌های غیرخویشاوند یا لاین‌هایی که از جمعیت‌های متفاوتی منشأ می‌گیرند، کارآیی چندانی ندارد؛ زیرا ارتباط بین نشان‌گر و جایگاه‌های ژنی صفات در جمعیت‌های مختلف یکسان نیست. در بین حیوانات اهلی، مطالعه‌ای روی مرغ انجام شده است (گاورا[۷٥] و همکاران، ۱۹۹۶) که بیان‌گر همبستگی معنی‌دار و بالا (۰/۸۷-۰/۶۸) بین

[67] Iberian
[68] Duroc
[69] Fabuel
[70] Torbiscal
[71] Guadyerbas
[72] Retonto
[73] Entrepelado
[74] Lampino
[75] Gavora

باندهای مشترک برای انگشت‌نگاری DNA و صفات تولید تخم‌مرغ بود. از طرفی دیگر، اگر ژن‌های مهم برای یک صفت مشخص باشند و روابط غالبیت و اپی‌ستاتیک آن‌ها شناخته شده باشند، امکان انجام تلاقی‌های مناسبی وجود خواهد شد که مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها را ایجاد کند.

۲-۳- تشخیص جایگاه ژنی صفات کمّی (QTL)

جایگاه ژنی صفات کمّی (QTL) یک ناحیه ژنتیکی است که باعث ایجاد تنوع فنوتیپی می‌شود. امروزه افزایش اطلاعات مولکولی به ما امکان شناسایی نواحی خاصی از ژنوم را که بر فنوتیپ‌های مورد نظر اثر می‌گذراند فراهم ساخته است. با توجه به بانک داده‌های QTL برای حیوانات اهلی، تعداد QTLهای تشخیص داده شده تا سپتامبر سال ۲۰۰۶ میلادی برای خوک، گاو و مرغ به ترتیب ۱۲۸۷، ۶۳۰ و ۶۵۷ جایگاه ژنی بود. توجه به این نکته مهم است که اکثر این QTLها حاصل تلاقی‌های بین نژادی هستند.

تحقیقات ژنومی باعث آسان شدن تعیین موقعیت و ویژگی‌های ژن‌ها و عملکرد آن‌ها شده است. نژادهایی با فنوتیپ متفاوت معمولاً بسیار پرتولید و مفید هستند؛ به‌ویژه نژادهایی که قسمت عمده‌ای از تنوع آن‌ها به یک یا دو ژن بستگی دارند. در این زمینه مثال‌های متعددی وجود دارد و البته این فهرست روبه‌روز در حال گسترش است: نژادهای خوک چینی و اروپایی که از نظر میزان باروری با هم تفاوت دارند، نژادهای خوک تجاری و وحشی که از نظر رشد و چاقی با هم تفاوت دارند، نژادهای گاو استاندارد و گاو با ماهیچه مضاعف و نظایر آن. احتمالاً بیش‌ترین سود از تهیه نقشه‌های QTL و تعیین محل واقعی ژن‌ها، درک ساختار تنوع ژنتیکی و شناخت چگونگی عملکرد ژن‌ها است و سپس تقویت برنامه‌های معمول اصلاح نژاد با نشان‌گر یا انتخاب به کمک نشان‌گر.

۱-۲-۳- ژن‌های کاندید

دو سازوکار مهم برای تعیین موقعیت مکانی ژن‌های مؤثر بر صفات مورد نظر وجود دارد. اولین روش، استفاده از ژن‌های کاندید است. این روش مبتنی بر چند ژن است که فعالیت فیزیولوژیکی ناشی از آن‌ها شناخته شده است و می‌دانیم آلل‌های متفاوت آن‌ها می‌توانند مسئول ایجاد تفاوت‌های فنوتیپی در صفت مورد نظر باشند. واضح است که برای شناسایی

چندشکلی در ژن‌های کاندید، باید روی نژادهایی متمرکز شویم که دارای تنوع وسیعی از نظر آن صفت مورد نظر هستند. به‌عنوان مثال در یک مطالعه اولیه توسط روتچیلد[1] و همکاران (۱۹۹۶) در خوک، روی ژن گیرنده هورمون استروژن (ESR) تمرکز شد؛ زیرا اثر مثبتی روی تولیدمثل داشت. آن‌ها چندشکلی‌هایی را در نژاد سفید بزرگ[2] و نژاد میشان چینی[3] (نژادی بسیار پرتولید در چین) و هم‌چنین آمیخته‌های حاصل از تلاقی آن‌ها پیدا کردند. سه ژنوتیپ AA، AB و BB وجود داشت که پژوهش‌ها نشان داد تفاوت بین ژنوتیپ‌های AA و BB معادل۲/۳ بچه خوک به ازای هر زایش در جمعیت میشان و ۰/۹ بچه خوک در جمعیت نژاد سفید بزرگ است. متأسفانه مطالعات اخیر این نتایج را زیر سؤال برده‌اند؛ زیرا مشخص شده است که چندشکلی صرفا یک نشان‌گر است و عامل جهش نیست (آلفونسو[4]، ۲۰۰۵).

هیجان‌انگیزترین مثال‌ها مربوط به ژن‌های مرتبط با رشد عضلات و تولید گوشت است. به‌عنوان مثال ژن تولیدکننده «میوستاتین» به عنوان تنظیم‌کننده منفی رشد عضلات اسکلتی عمل می‌کند. گاوهای دارای ماهیچه مضاعف از نظر جهش‌های از دست دادن این نوع عملکرد هموزیگوس هستند. گروبت[5] و همکاران (۱۹۹۷) گزارش کردند که پنج آلل جهش یافته متفاوت در نژادهای مختلف گاو گوشتی وجود دارد. ژن «کالیپاج[6]» در گوسفند عامل هیپرتروفی عضلانی است. جهشی که اخیراً اتفاق افتاده است، روی کروموزوم ۱۸ گوسفند مکان‌یابی شده است. معلوم شده که این صفت دارای الگوی وراثتی خاصی موسوم به فوق‌غالبیت قطبی است. یعنی فقط زمانی فنوتیپ مورد نظر بیان می‌شود که فرد هتروزیگوس باشد و آلل جهش یافته هم از پدر به ارث رسیده باشد (کوکت[7] و همکاران، ۱۹۹۶).

یک یافته بسیار جالب در گوسفند گوشتی نژاد تکسل[8] دیده شد (کلاپ[9] و همکاران، ۲۰۰۶). در ابتدا یک تجزیه و تحلیل QTL در نسل F2 تلاقی رومانوف[10]×تکسل انجام شد. QTL صفت عضلانی شدن روی کروموزوم ۲ مکان‌یابی شد و با مطالعات بیش‌تر ژن میوستاتین به

[1] Rothschild
[2] Large White Breed
[3] Chinese Meishan
[4] Alfonso
[5] Grobet
[6] Callipyge
[7] Cockett
[8] Texel
[9] Clop
[10] Romanov

عنوان کاندید مناسب برای این صفت تأیید شد. اما در این‌جا همانند گاو ماهیچه مضاعف، در ناحیه تنظیم‌کننده ژن قرار ندارد؛ بلکه نشان داده شده است که اثر جهش به‌واسطه میکروآران‌ای‌ها (miRNAs) میانجی‌گری می‌شود که بیان سایر ژن‌ها را تنظیم می‌کنند. میکروآران‌ای‌های حیوانات اغلب دارای نواحی مکمل در انتهای ترجمه نشده (3'UTR) RNAهای پیامبر هستند. هم‌سرشته‌سازی (اتصال) میکروآران‌ای‌ها به RNA پیامبر، ترجمه پروتئین را تحت تأثیر قرار می‌دهد. یک جهش در میوستاتین باعث ایجاد یک مکان هدف نابه‌جا برای حداقل دو فرایند تنظیم معکوس ترجمه به‌واسطه miRNA می‌شود. در نتیجه، کاهش غلظت میوستاتین باعث هیپرتروفی عضلانی می‌شود. همین پژوهشگران نشان دادند که چگونه در ژنوم پستانداران تعداد زیادی جهش دیده می‌شود که باعث ایجاد یا تخریب مکان‌های miRNA کاندید می‌شود (کلاپ و همکاران، ۲۰۰۶). این‌ها عوامل مهمی در تنظیم تنوع صفات کمّی هستند.

به‌طور کلی یافته‌های ژنومی باعث افزایش آگاهی ما درباره فرایندهای پیچیده کنترل و بیان ژن شده است. این اطلاعات می‌تواند در جیره‌نویسی یا تنظیم شرایط محیطی تولید برای حداکثر انطباق با ژنوتیپ مورد استفاده قرار گیرند. یک مثال خوب در این زمینه سوخت‌وساز چربی است (لوک[1] و بومن[2]، ۲۰۰۴). هم‌چنین امروزه ما نسبت به گذشته، اطلاعات زیادی در مورد تغییر عملکرد یا بیان ژن‌ها (انتقال، بی‌اثرسازی و کاهش فعالیت ژن‌ها) داریم.

۲-۲-۳- پویش‌های ژنومی جمعیت‌های آمیخته

سازوکار دوم برای تشخیص QTL به «پویش ژنومی» معروف است. در این روش کل ژنوم موجود زنده برای یافتن نواحی مرتبط با تنوع در صفات مورد نظر غربال‌گری می‌شود؛ خواه نواحی که می‌دانیم حاوی ژن‌های بالقوه کاندید هستند و خواه سایر نواحی. حدود ۱۵۰-۱۰۰ نشان‌گر چندشکل برای پوشش کامل ژنوم انتخاب می‌شوند. خود نشان‌گرها ارزش اقتصادی ندارند؛ اما هدف از این غربال‌گری‌های ژنومی، یافتن نشان‌گرهای مرتبط با QTL است. این امر مستلزم وجود چندشکلی، هم در نشان‌گر و هم در QTL است. نشان‌گرها باید نزدیک به

[1] Lock
[2] Bauman

QTL باشند و نباید تفرق مستقل بین نشان‌گر و QTL اتفاق افتد (بلکه باید این دو با هم تفرق یابند یا در حالت عدم تعادل پیوستگی باشند).

کارآمدترین و آسان‌ترین طرح برای تشخیص QTL به‌وسیله پویش ژنومی، ایجاد یک تلاقی برگشتی یا ایجاد نسل F2 بین دو سویه متنوع و متفاوت است. در این حالت انتظار می‌رود چندشکلی قابل توجهی دیده شود و جمعیت تلاقی یافته دارای عدم تعادل پیوستگی زیادی باشد. علاوه بر این، عدم تعادل بین یک نشان‌گر و QTL متناسب با فاصله ژنتیکی است. وقتی نشان‌گر روی صفت مورد نظر مؤثر است، یعنی این‌که در نزدیکی QTL مؤثر بر آن صفت قرار دارد.

اولین پویش ژنومی مهم با استفاده از تفاوت‌های نژادی در سال ۱۹۹۴ میلادی با تلاقی بین نژاد سفید بزرگ خوک با نژاد اجدادی آن یعنی گراز وحشی گزارش شد (آندرسون[1] و همکاران، ۱۹۹۴). طی این تحقیق، اثرات زیاد QTL روی صفات رشد و چاقی معلوم شد، و محققان دریافتند QTLها روی کروموزوم ۴ واقع شده‌اند. بعد از این تحقیق، چند پویش ژنومی دیگر نیز با استفاده از نژادهای تجاری و نیز نژادهای خاصی مثل میشان، ایبری، برک‌شایر[2] و ماگالیتزا[3] یا خوک (گراز) وحشی انجام شد.

به عنوان مثالی دیگر، اخیراً کارلبورگ[4] و همکاران (۲۰۰۳) از تعداد ۸۵۱ فرد نسل F2 حاصل از تلاقی درونی بین مرغ‌های لگهورن سفید و اجداد وحشی آن‌ها یعنی مرغ قرمز جنگلی برای جستجوی QTL صفات رشد و تولید تخم‌مرغ استفاده کردند. تجزیه و تحلیل QTL صفات رشد، تعداد ۱۳ جایگاه ژنی مهم را معرفی کرد که تعداد چهار QTL آن به‌ترتیب در مرغ‌های ماده و نر حاصل از تلاقی جمعیت‌های والدی مسئول پنجاه و هشتاد درصد تفاوت وزن بدن افراد بالغ بودند.

تلاقی بین لاین‌های دور از هم به دلایل زیر برای تشخیص QTL بسیار سودمند است: (۱) می‌توان محیط را در یک آزمایش کوچک کنترل کرد؛ (۲) صفاتی که به‌طور معمول قابل کمّی‌سازی نیستند را می‌توان در قالب آزمایش تولیدی مفصل مورد مطالعه قرار داد (صفاتی نظیر سطح هورمون‌ها، فراسنجه‌های ایمونولوژی و صفات کیفی)؛ (۳) توانایی محاسبات آماری

---

[1] Andersson
[2] Berkshire
[3] Magalitza
[4] Carlborg

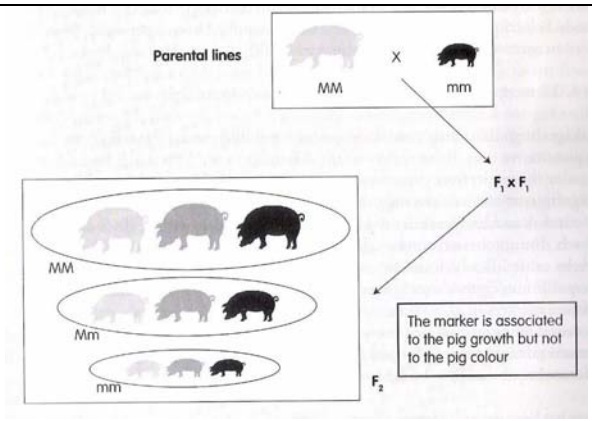
در این روش زیاد است. به‌عنوان مثال یک QTL مسبب یک واحد انحراف معیار فنوتیپی بین لاین‌های والدی، با احتمال بیش از نود درصد می‌تواند در قالب یک طرح F2 با استفاده از فقط ۳۰۰-۲۰۰ فرد تعیین شود.

اما طرح F2 به دلیل گستردگی محل قرارگیری QTL (حدود 20cM) دارای معایبی هم است. با چنین فاصله‌ای، پیگیری مطالعات برای یافتن جهش‌های مؤثر دشوار است؛ حتی اگر تعادل پیوستگی در لاین‌های والدی مطلوب باشد. برای مواردی با نوترکیبی‌های بیش‌تر و حدود اطمینان کم‌تر، باید تلاقی‌های F3، F4 و F5 برقرار شود که زمان یافتن ژن واقعی را به تأخیر می‌اندازد. یک روش جایگزین می‌تواند استفاده از نژاد مصنوعی[1] حاصل از تلاقی بین دو نژاد دور از هم و سپس چندین نسل آمیزش‌های اینتربریدینگ تصادفی باشد.

پی‌نوشت ٤-٤- تشخیص QTL در یک طرح F2

فرض کنیم حیوانات تعیین ژنوتیپ شده‌ای از دو نژاد متفاوت داریم. از نظر ریخت‌شناختی یک نژاد دارای اندازه بدن بزرگ و رنگ سفید بوده و نژاد دیگر دارای اندازه بدن کوچک و رنگ سیاه است. فرض می‌کنیم یک نشان‌گر با یک آلل متفاوت در لاین‌ها تثبیت شده است. در حیوانات نسل F2 همه ترکیبات ممکن ریخت‌شناختی و آلل‌های نشان‌گر دیده خواهند شد. ما می‌توانیم حیوانات را به ژنوتیپ‌های MM، Mm و mm دسته‌بندی کنیم. حیوانات MM اندازه بدن بزرگ دارند؛ درحالی‌که حیوانات mm اندازه بدن کوچک داشته و حیوانات Mm هم دارای اندازه بدن متوسط هستند. این موضوع نشان می‌دهد که نشان‌گر M/m به یک QTL مرتبط با رشد نزدیک است. اما این موضوع در مورد صفت رنگ بدن صادق نیست؛ زیرا هیچ‌کدام از فنوتیپ‌های رنگ بدن با فراوانی مشابهی در رده‌های مختلف وزنی دیده نمی‌شوند. در عمل باید از روش‌های آماری پیشرفته (مثل رگرسیون، حداکثر درست‌نمایی و نظایر آن) برای براورد موقعیت و اثر QTL مورد نظر استفاده شود.

[1] Synthetic



۳-۲-۳- تهیه نقشه انتخاب برای QTL

در تجزیه و تحلیل داده‌های ژنومی بزرگ مثل داده‌های بزرگ SNP، این امکان وجود دارد که دریابیم چگونه و کجا انتخاب مثبت و منفی بر تنوع جمعیتی حیوانات اهلی مؤثر است. وقتی یک ژن کاندید برای یک صفت وارد برنامه‌های اصلاح دام شود، این فرایند با جاروب انتخابی در ژنوم همراه است و می‌تواند به عنوان شاهدی برای تأثیر آن روی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد. میوستاتین همان‌طوری‌که قبلاً اشاره شد، باعث افزایش توده عضلانی (ماهیچه مضاعف) در گاو آبی رنگ بلژیکی می‌شود (چارلیر[1] و همکاران، ۱۹۹۵). صفت ماهیچه‌سازی مضاعف - علی‌رغم اثر منفی آن روی گوساله‌زایی- در چند نژاد گاو مورد انتخاب قرار گرفته است. وقتی سه نژاد با ماهیچه مضاعف و شش نژاد فاقد این صفت برای ژن میوستاتین و هیجده نشان‌گر روی همان کروموزوم تجزیه و تحلیل شدند، همبستگی بین هتروزیگوسیتی و فاصله از ژن وجود داشت و عدم تعادل پیوستگی در نژادهای با ماهیچه مضاعف بیش‌تر بود (وینر[2] و همکاران، ۲۰۰۳). نتایج حاصل با نتایج مورد انتظار همخوانی نداشت. محققان اعتقاد دارند سن و تاریخچه انتخاب باعث تغییر الگوهای مورد نظر شده است. بنابراین قبل از استفاده از الگوهای تنوع ژنتیکی برای تعیین مکان QTLهای مؤثر بر صفات تولیدی، داشتن اطلاعاتی در مورد چنین عوامل منحرف‌کننده‌ای در نژادها اهمیت زیادی دارد.

[1] Charlier
[2] Wiener

تهیه نقشه انتخاب در جمعیت‌های موش صحرایی برای صفت مقاومت به عوامل ضد انعقاد خون با موفقیت انجام شده است (کوهن[1] و همکاران، ۲۰۰۰).

٤-۲-۳- تهیه نقشه QTL در جمعیت‌های مختلط و جوامع قرار گرفته در تنگنا

عدم تعادل پیوستگی برای نشان‌گرهای مرتبط با جایگاه‌های ژنی مسئول تنوع صفات کمّی اهمیت زیادی دارد. بنابراین اطلاعات مربوط به پراکنش LD هم در بررسی نتایج مطالعات QTL ژنومی اهمیت زیادی دارند. این اطلاعات برای طراحی مطالعات کم‌هزینه ضروری هستند. بسیاری از نژادها از تعداد اندکی از والدین منشعب شده‌اند و در طول دوران رشد جمعیت، تنگناهایی را تجربه کرده‌اند. تعداد والدین اجدادی و تنگناها، بر نمونه‌گیری از هاپلوتیپ‌ها تأثیر گذاشته و باعث ایجاد LD می‌شود که این امر می‌تواند برای تعیین موقعیت ژن‌ها در نواحی QTL مورد استفاده قرار گیرد. عدم تعادل پیوستگی در جمعیت‌های جوان فاصله طولانی‌تری دارد که این امر باعث استفاده از تعداد کم‌تری نشان‌گر در مطالعات مربوطه می‌شود؛ اما این محدودیت را نیز دارند که در آن‌ها موقعیت دقیق جهش مؤثر به‌طور ضعیفی تعیین می‌شود. در نژادهای گاو شیری جدید، LD در فواصل چند ده سانتی‌مورگان پراکنده است (فارنیر[2] و همکاران، ۲۰۰۰). هم‌چنین می‌توان ازهاپلوتیپ‌های قدیمی‌تر که در نژادهای مختلف مشترکند برای افزایش دقت نقشه‌یابی استفاده کرد.

از زمان اهلی شدن، مقادیر متغیری تبادل ژن بین جمعیت‌های حیوانات اهلی وجود داشته است و حتی ممکن است بخشی از این ژن‌ها از جمعیت‌های وحشی وارد شده باشند. در برخی موارد شکل‌گیری یک نژاد با هدف استفاده از نژادهای توسعه یافته‌تر جهت به‌روز کردن نژادهای بومی و ایجاد نژادی قابل قبول انجام می‌شود. یک مثال خوب در این باره، استفاده وسیع از نژاد شورت‌هورن در توسعه چند نژاد گاو اروپایی است.

برنامه‌های مدرن اصلاح نژاد خوک و طیور مبتنی بر استفاده از لاین‌هایی است که برای چند صفت اختصاصی جداسازی شده‌اند و از آمیخته‌های این لاین‌ها به‌عنوان نژادهای تجاری استفاده می‌شود. لاین‌ها که معمولاً «لاین‌های خالص» نامیده می‌شوند، از تلاقی‌های مدون چند نژاد معمولی دارای صفات مطلوب نشأت می‌گیرند. امروزه تشکیل یک جمعیت جدید به‌وسیله

[1] Kohn
[2] Farnir

تلاقی اینتربریدینگ جمعیت‌های والدی دور از هم از نظر ژنتیکی را اختلاط[1] می‌نامند. جریان ژنی که در خلال اختلاط ایجاد می‌شود، باعث ایجاد موقت بلوک‌های هاپلوتیپ می‌شود. این موضوع باعث سهولت در نقشه‌یابی ژنوم جمعیت مختلط، چند نسل قبل از از بین رفتن عدم تعادل پیوستگی توسط نوترکیبی می‌شود. این نوع نقشه‌یابی دارای دقت متوسطی بوده و به‌عنوان روشی مقرون به‌صرفه برای پویش اولیه ژنوم به‌کار می‌رود. تهیه نقشه مختلط برای صفاتی که جمعیت‌های والدی برای آن‌ها دارای تفاوت‌های فنوتیپی زیادی هستند بسیار کارآمد و مؤثر است.

۳-۳- وارد کردن ژن به یک نژاد[2]

گاهی اوقات یک نژاد (دهنده)[3] – حتی نژادی که پُرتولید نیست- دارای ژنی است که برای انتقال به یک نژاد مهم و تجاری (پذیرنده)[4] مورد توجه قرار دارد. این عمل معمولاً طی برنامه‌ای موسوم به وارد کردن ژن انجام می‌پذیرد. این برنامه شامل ایجاد یک تلاقی اولیه بین این دو نژاد است که در ادامه این آمیخته تلاقی‌های برگشتی مکرری با لاین پذیرنده انجام می‌دهد تا ژنوم آن به وضعیت مورد نظر برسد. ژن مورد نظر در طی آمیزش‌های برگشتی از طریق انتخاب افراد حامل ژن دهنده، در سطح گله حفظ می‌شود. بعد از انجام چند نسل آمیزش برگشتی، این برنامه با انجام یک نسل تلاقی بین افراد نسل آخر با لاین اولیه خاتمه می‌یابد. آمیزش آخر برای هموزیگوت‌سازی جمعیت برای آلل مورد نظر انجام می‌شود.

نشان‌گرهای ژنتیکی از دو طریق می‌توانند در برنامه‌های وارد کردن ژن‌ها به یک نژاد جدید مؤثر واقع شوند (دکرس[5] و هاسپیتال[6]، ۲۰۰۲): اول این‌که نشان‌گرها می‌توانند در هر نسل تلاقی برگشتی، برای انتخاب افرادی که برای آلل مورد نظر هتروزیگوت هستند یا در آخرین نسل (تلاقی بین نژادی)، برای انتخاب افرادی که برای آلل مورد نظر هموزیگوت هستند، استفاده شوند. دوم این‌که نشان‌گرها می‌توانند برای افزایش بازیافت ژنوم نژاد پذیرنده استفاده شوند. زمانی‌که نژادهای دهنده و پذیرنده برای اولین بار تلاقی می‌یابند، تنوع جدیدی وارد

---

[1] Admixture
[2] Introgression
[3] Donor
[4] Recipient
[5] Dekkers
[6] Hospital

جمعیت پذیرنده می‌شوند و اندازه جمعیت مؤثر افزایش می‌یابد. هنگام بازیافت ژنوم اولیه نژاد پذیرنده و تلاش برای رسیدن به ژنوم اولیه‌ای که همانند ژنوم نژاد پذیرنده است و فقط ژن مورد نظر را اضافه دارد، بیش‌ترین توجه باید به جلوگیری از حذف تنوع و استفاده از تنوع جدید معطوف شود. این امر مستلزم استفاده از جمعیتی بزرگ و ثبت داده‌های بسیار زیادی درباره صفات مورد نظر است.

هرچند سازوکار وارد کردن ژن، اصلی‌ترین روش اصلاح نباتات و بهبود ژنتیکی گیاهان است؛ اما هنوز کاربرد کمی در حیوانات اهلی دارد. یک مثال در این مورد، ژن لختی گردن در مرغ است که باعث کاهش پر در مرغ و افزایش توانایی تحمیل گرما در آن‌ها می‌شود. این ژن از مرغ سبک وزن لندریس[۱] به ژنوم مرغ تجاری گوشتی کورنیش[۲] وارد شد (یانکوویچ[۳] و همکاران، ۱۹۹۶). مثال دیگر می‌تواند ژن برولا[۴] در گوسفند (مونتگومری[۵] و همکاران، ۱۹۹۲؛ کمپبل[۶] و همکاران، ۲۰۰۳)، ژن گیرنده هورمون استروژن در خوک (روتسچیلد[۷] و همکاران، ۱۹۹۶) و آللی دیگر در گاو (دروگمولر[۸] و همکاران، ۲۰۰۵) باشد.

وارد کردن چند ژن، کار پیچیده و دشوارتری است؛ زیرا انتخاب حیواناتی که حامل همه آلل‌های مطلوب باشند، مستلزم داشتن جمعیت بسیار بزرگی از تلاقی برگشتی است. سازوکار دیگر می‌تواند طرح هرمی باشد. در این روش ژن‌ها یکی یکی وارد لاین‌های مختلفی شده و سپس این لاین‌ها با هم آمیزش می‌یابند. پروژه مهمی در مرکز بین‌المللی تحقیقات دامی (ILRI) در کنیا با هدف وارد کردن سه QTL مرتبط با ایجاد مقاومت به تریپانوزومیاسیس[۹] (مشابه بیماری خواب‌آلودگی در انسان که توسط مگس تسه‌تسه ایجاد می‌شود) از گاو مقاوم نژاد انداما[۱۰] به نژادهای پُرتولید و حساس به این بیماری انجام گرفت. به‌نظر می‌رسد مقرون به‌صرفه‌ترین روش، وارد کردن دو QTL به یک لاین و وارد کردن دو QTL به یک لاین

[1] Landrace
[2] Cornish
[3] Yancovich
[4] Booroola
[5] Montgomery
[6] Campbell
[7] Rotschild
[8] Drogemuller
[9] Trypanosomiasis
[10] N'Dama

دیگر (به‌گونه‌ای که یک QTL مشترک باشد) و سپس انجام تلاقی‌های مناسب باشد. چنین روشی با موفقیت برای وارد کردن QTLهای مقاومت به تریپانوزومیاسیس در موش انجام پذیرفته است (کودانده[1] و همکاران، ۲۰۰۵).

٤-۳- انتساب حیوانات و محصولات دامی به نژادها

به دلیل تفاوت نژادها از نظر ژنتیکی، نشان‌گرهای ژنتیکی می‌توانند در غیاب اطلاعات شجره‌ای، برای شناسایی نژاد هر حیوان مورد استفاده قرار گیرند. برنامه‌های حفظ نژادها معمولاً روی حفظ یک نژاد خالص تأکید دارند. بنابراین در این مورد نشان‌گرها می‌توانند وقوع تلاقی‌های بین نژادی و ورود ژن جدید را تشخیص دهند. امروزه آزمون‌های انتساب برای دنبال کردن منشأ یک محصول تولیدی از بدو تولد تا ورود به بازار فروش، برای اطمینان از سلامت محصولات دامی لازم است. هم تولیدکنندگان و هم مصرف‌کنندگان خواهان توسعه روش‌های دقیقی برای ردیابی دام‌ها و محصولات دامی هستند. علاوه براین، با برقراری ارتباط بین محصول و نژاد، می‌توان مطلوبیت نژادهای بومی را بهبود بخشید (فصل ۲).

دو راه برای انتساب حیوانات و محصولات آن‌ها با استفاده از ژنتیک مولکولی وجود دارد. در روش کلاسیک‌تر (که اغلب به روش ناظر موسوم است)، نمونه مجهول به یکی از چند جمعیت مرجع منتسب می‌شود. جمعیت‌ها مشخص هستند و فرض می‌شود فراوانی‌های آللی نشان‌گر نیز طی مطالعات گذشته مشخص شده‌اند. این روش‌ها ساده و سریع هستند. تنها محدودیت آن‌ها این است که جمعیت‌های مرجع باید به دقت شناسایی شده باشند و خصوصیات آن‌ها با استفاده از تعداد مناسبی از افراد آن جمعیت مشخص شده باشد.

ساده‌ترین روش ناظر توسط بلات[2] و همکاران (۱۹۹۹) توسعه یافت. در این روش فرد x به جای انتساب به نژاد j، به نژاد K انتساب داده می‌شود، اگر:

$$q_j f_i(x) \leq q_k f_k(x)$$

که در این رابطه q_i و q_k به‌ترتیب احتمال آمدن یک فرد از نژاد j یا نژاد k است (برخی نژادها پُرجمعیت‌تر از نژادهای دیگر هستند)، و $f_i(x)$ و $f_k(x)$ هم به‌ترتیب احتمال بروز ژنوتیپ x در نژادهای j و k است. تحت تعادل هاردی- واینبرگ در جایگاه ژنی مورد نظر، این احتمالات برای هموزیگوت‌ها برابر p^2_{jx} و برای هتروزیگوت‌ها برابر $2p_{jx}p_{jy}$ است. احتمالات ژنوتیپی در

[1] Koudande
[2] Blott

حیوان تلاقی یافته برابر $p_{jx}p_{jy}$ برای هموزیگوت‌ها و $p_{jx}p_{ky}+p_{jy}p_{kx}$ برای هتروزیگوت‌ها است که p_{jx} و p_{kx} فراوانی‌های آلل x در نژادهای j و k بوده و p_{jy} و p_{ky} فراوانی‌های آلل y در نژادهای j و k است.

در این حالت دو نوع خطا وجود دارد. خطای نوع اول عبارت است از نسبتی از افراد یک نژاد که برای نژاد دیگر در نظر گرفته شده‌اند. خطای نوع دوم عبارت است از نسبتی از افراد که برای یک نژاد در نظر گرفته شده‌اند؛ اما در حقیقت متعلق به نژاد دیگر هستند. معلوم شده است که برای داشتن خطایی کم‌تر از پنج درصد نیاز به استفاده از ۱۸–۱۱ جایگاه ریزماهواره (یا حدود ۱۰۰–۶۵ نشان‌گر SNP) هستیم. نشان‌گرهایی دارای قدرت تفکیک بالا هستند که دارای بیش‌ترین مقدار مورد انتظار هتروزیگوسیتی و تعداد زیادی آلل هستند و کارآمدترین نشان‌گرها آن‌هایی هستند که دارای آلل‌های تثبیت شده در نژادهای مختلف باشند (آلل‌های خصوصی، فصل ۳). روش فوق در برنامه‌های متعددی در نژادهای گاو (کانن[1] و همکاران، ۲۰۰۰) و اسب (بجورنستاد[2] و روئد[3]، ۲۰۰۱) استفاده شده است. اطلاعات بیش‌تر در مورد گسترده‌ترین روش ناظر در برنامه موسوم به GeneClass2 در پایگاه اینترنتی http://www.ensam.inra.fr/URLB در دسترس است.

روش‌های خوشه‌بندی مثل نرم‌افزار STRUCTURE (پی‌نوشت ۳–۴) نیز امکان انتساب افراد به جمعیت‌های خالص یا مختلط را فراهم می‌سازند. مزیت روش خوشه‌بندی این است که در آن‌ها می‌توان وضعیت‌های پیچیده ژنتیکی مانند اختلاط جمعیت‌ها را نیز در محاسبات وارد نمود. اما وقتی تعداد جمعیت‌ها زیاد شود، خوشه‌های ایجاد شده ممکن است نتوانند به‌درستی انتساب افراد به جمعیت واقعی خود را نشان دهند.

٤- نتیجه‌گیری

جستجوی ژنومی روشی قدرتمند برای تجزیه و تحلیل تاریخچه اهلی شدن حیوانات است. هم‌چنین روشن است که DNA میتوکندریایی و نشان‌گرهای غیرجنسی (مثل ریزماهواره‌ها و SNPها) ابزار بسیار مفیدی در این نوع تجزیه و تحلیل‌ها هستند. گاهی اوقات هنگام استفاده از

[1] Canon
[2] Bjornstad
[3] Roed

نشان‌گرهای مختلف، لازم است به‌طور همزمان از روش‌های دیگری هم استفاده شود تا موضوع به‌خوبی روشن شود. جریان ژنی میانجی‌گری شده توسط نرها می‌تواند در این نوع مطالعات با استفاده از نشان‌گرهای کروموزوم Y مورد استفاده قرار گیرد. به این ترتیب ما قادر به تشخیص همزمان اثر دودمان‌های نر و ماده، و انتخاب هستیم.

تا سال‌های اخیر، تجزیه و تحلیل‌های ژنتیک جمعیت با استفاده از نشان‌گرهای خنثی انجام می‌شد. امروزه اطلاعات مربوط به جایگاه‌های ژنی مؤثر بر تنوع صفات مهم اقتصادی یا صفات شایستگی در حال افزایش است. استفاده از چنین جایگاه‌های ژنی در تحقیقات مربوط به تنوع می‌تواند پراکندگی آلل‌های مطلوب و تغییرات ژنوم جمعیت در طول تاریخ را آشکار سازد. ویژگی مهم دیگر تحقیقات ژنومی، در دسترس بودن سیستم‌هایی با بازدهی فوق‌العاده بالا است که امکان تجزیه و تحلیل دقیق تنوع ژنومی را فراهم می‌سازند. با این وجود انتخاب نشان‌گرها از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار بوده و لازم است به کارایی و هزینه آن توجه زیادی شود.

تجزیه و تحلیل‌های ژنومی اطلاعات فوق‌العاده زیادی در مورد تعداد زیادی از وقایع اهلی شدن حیوانات فراهم آورده‌اند. اکنون ما در تاریخچه جمعیت‌های حیوانات اهلی، قادر به تشخیص و ردیابی رانش ژنتیکی، انتخاب، وارد شدن ژن، اختلاط و زمان انبساط و انقباض جمعیت‌ها هستیم.

درک انشقاق نژادها نیز ابزار جدیدی است که می‌تواند در برنامه‌های بهبود ژنتیکی و اصلاح دام مورد استفاده قرار گیرد. نشان‌گرها که بهترین ابزار در اندازه‌گیری تنوع بین نژادها هستند، می‌توانند برای انتساب افراد و محصولات دامی متعلق به نژادها مورد استفاده قرار گیرند. جایگاه‌های ژنی که باعث انحرافات اصلی بین نژادها می‌شوند نیز می‌توانند به راحتی شناسایی شوند و در به روز کردن و بهبود نژادهای کم تولید، مفید واقع شوند. هم‌چنین تحقیقات ژنومی می‌توانند در سرعت بخشیدن به فرایند وارد کردن ژن‌ها و آلل‌های مفید از یک جمعیت به جمعیت دیگر مؤثر واقع شوند.

پی‌نوشت ٥-٤- قابلیت ردیابی در خوک‌های ایبری

تولید نژاد ایبری فقط به اندازه پنج درصد کل تولید نژاد خوک اسپانیایی است. اما نژاد ایبری اهمیت زیادی دارد. این نژاد برای تولید محصولات صنعتی استفاده می‌شود. کیفیت بهینه محصولات لاشه خوک بستگی به وجود ژنوتیپ خالص لاین ایبری دارد که عموماً با نژادهای دیگری مثل دوروک تلاقی می‌یابد و آمیخته‌های آن‌ها دارای گوشت لخم بیش‌تری در لاشه خود هستند. صاحبان این صنعت در پی ایجاد ارتباطی بین محصولات تولیدی خود و لاین خالص ایبری هستند تا بتوانند محصولات حاوی این لاین را در بین سایر محصولات مشابه در بازار تشخیص دهند. برای جلوگیری از تقلب در بسته‌بندی گوشت و محصولات صنعتی، شناسایی این لاین خالص و ژنوتیپ‌های آمیخته با این لاین سبب کاهش خطر وارد شدن ژن‌های بیگانه به خزانه ژنتیکی ایبری می‌شود.

چند شیوه برای تفکیک ژنوتیپ‌های آمیخته و خالص ایبری مورد استفاده قرار می‌گیرند. یک روش شامل نُه نشان‌گر است که امکان تمایز بین حیوانات خالص و آمیخته را فراهم آورده است (آلوز[1] و همکاران، ۲۰۰۲). احتمال نداشتن منشأ ایبری برای حیوانات آمیخته دارای ۵۰ یا ۲۵ درصد ژن‌های نژاد دوروک به‌ترتیب ۰/۹۷ و ۰/۷۸ است. گارسیا[2] و همکاران (۲۰۰۶) از هر دو روش ناظر و غیرناظر استفاده کردند و دریافتند که روش معرفی شده می‌تواند تا بیست درصد نمونه‌های تجاری دارای ترکیب ژنتیکی مغایر با قوانین کنونی (وجود ژنوم نژاد دوروک با درصدی بیش از حد مجاز یا وجود مقادیر زیادی ژنوم نژاد سفید) را تشخیص دهد. آن‌ها هم‌چنین نشان دادند که احتمال پیدا کردن نمونه تقلبی در رستوران‌ها بیش‌تر از خرده‌فروشی‌ها است.

[1] Alves
[2] Gaecia

منابع

Adalsteinsson, S., 1981. Origin and conservation of farm animal populations in Iceland. Zeieschrift fur Tierziichtung und Zuchtungsbiologie 98: 258-264.

Akey, J.M., G. Zhang, K. Zhang, L. Jin and M.D. Shriver., 2002 Interrogating a high-densiry SNP map for signatures of natural selection. Genome Research 12: 1805-1814.

Alfonso, L., 2005. Use of meta-analysis to combine candidate gene association studies: application to study the relationship between the ESR Pvull polymorphism and sow litter size. Genetics Selection Evolution 37:417-435.

Alves, E., C. Castellanos, C. Ovilo, L. Sili6 and C. Rodriguez, 2002. Differentiation of the raw material of the Iberian pig meat industry based on the use of amplified fragment length polymorphism. Meat Science 61:157-162.

Andersson, L., and M. Georges., 2004. Domestic animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. Nature Reviews Genetics 5: 202-212.

Andersson, L., C.S. Haley, H. Ellegren, S.A. Knott, M. Johansson, K. Andersson, L. Andersson-Eklund. 1. Edfors-Lilja, M. Fredholm, I. Hansson, J. Hakansson and K. Lundstrom., 1994. Genetic mapping of quantitative traits loci for growth and farness in pigs. Science 263: 1771-1774.

Beaumont, M.A., W. Zhang and DJ Balding., 2002 Approximate Bayesian computation in population genetics. Genetics 162: 2025-2035.

Beja-Pereira A., G. Luikart, P.R. England, D.G. Bradley, O.C.J. and, A.T. Chamberlain, T.P. Nunes, G. Bertorclll, S. Metodiev, N. Ferrand and G. Erhardt., 2003 Milk Drinkers: Gene-culture co evolution between cattle and humans. Nature Genetics 35: 311-313.

Beja-Pereira, A., P.R. England. N. Ferrand. S.Jordan, A.O. Backhiet, M.A. Abdalla, M. Mashkour, J.Jordan. P. Taberlet and G. Luikart, G. 2004. African origins of the domestic donkey. Science 304: 1781.

Bjornstad, G. and K.H. Roed., 2001. Breed demarcation and potential for breed allocation of horses assessed by microsatellite markers. Animal Genetics 32: 59-65.

Blott, S.C., J.L. Williams and C.S. Haley., 1999. Discrimination among cattle breeds using genetic markers, Heredity 82: 613-619.

Bruford. M.W., D.G. Bradley and G. Luikart., 2003 DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature Reviews Genetics 4: 901-910.

Campbell B.K., D.T. Baird, c.]. Souza and R. Webb, 2003. The FecB (Booroola) gene aces at the ovary: in vivo evidence. Reproduction 126: 101-111.

Canon, J., P. Alexandrino, A. Beja-Pereira, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferrand, D. Gal J. Jordana, D. Laloe, A. Sanchez and K. Moazami-Goudarzi., 2000. Genetic diversity of European local beef cattle breeds for conservation purposes. Genetics Selection Evolution 33: 311-332.

Carlborg, O., S. Kerje, K. Schutz, L. Jacobsson, P. Jensen and L.A. Andersson., 2003 A Global Search Reveals Epistatic Interaction between QTL's for Early Growth in the Chicken. Genome Research 13: 4 I 3-421.

Charlesworth, B., M.T. Morgan and D. Charlesworth, D. 1993 The effect of deleterious mutations on neutral Molecular Variation. Genetics 144:777-784.

Charlier, C., W. Coppietets, F. Farnir. L. Grobet, P.L. Leroy. e. Michaux. M. Mni. A. Schwers. P. Vanmanshoven. R. Hanset and M. Georges. 1995. The *mh* gene causing double-muscling in cattle maps to bovine chromosome 2. Mammalian Genome 6: 788-792.

Clop. A., F. Marcq. H. Takeda. D. Pirottin. X. Tordoir. B. Bibe. J. Bouix. F. Caiment. J.M. Elsen. F. Eychenne. e. Larzul. E. Laville. F. Meish. D. Milenkovic.J. Tobin. C. Charlier and M. Georges. 2006. A mutation creating a potential illegitimate microRNA target site in the myostatin gene affects muscularity in sheep. NatUre Genetics. 38: 813-818.

Cockett. N.E., S.P.Jackson. T.L. Shay. F. Farnir. S. Berghmans. G.D. Snowder. D.M. Nielsen. and M. Georges. 1996. Polar overdominance at the ovine callipyge locus. Science 273: 236-238.

Corander. J., P. Waldmann and M.J. Sillanpaa., 2003 Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. Genetics 163: 367-374.

Daly, M.J., J.D. Rioux. S.E. Schaffner. T.J. Hudson and E.S. Lander., 2001. High-resolution haplotype structure in the human genome. Nature Genetics 29. 229-232.

Darwin, e., 1868. The variation of animals and plants under domestication. John Murray. London.

Dawson, K.J., and K. Belkhir. 2001. A bayesian approach to the identification of panmictic populations and the assignment of individuals. Genetical Research 78: 59-73.

Diamond, J., 2002. Evolution. consequences and future of plant and animal domestication. Nature 418: 700-707.

Dickerson, G.E., 1969 Experimental approaches in utilizing breed resources. Animal Breeding Abstracts 37:191-202.

Dekkers, J.C.M. and F. Hospital., 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. Nature Reviews Genetics 3: 22-32.

Dobney, K., and G. Larson. 2006. Genetics and animal domestication: new windows Journal of Zoology 269: 261-271.

Drogemuller, C., A. Wohlke. S. Momke and O. Distl. 2005. Fine mapping of the polled locus to a I-Mb region on bovine chromosome lql2. Mammalian Genome 16: 613-620.

Fabuel, E., C. Barragan. C-L., Silio. M.C. Rodriguez and M.A. Toro. 2004. Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers. Heredity 93: 104-113.

Farnir, F., W. Coppieters .J.J. Arranz. P. Berzi. N. Cambisano. B. Grisart. L. Karim. F. Marcq. L. Moreau. M. Mni. C. Nezer. P. Simon. P. Vanmanshoven. D. Wagenaar and M. Georges. 2000. Extensive Genome-wide Linkage Disequilibrium in Cattle. Genome Research 10: 220-227.

Flint, J., W. Valdar. S. Shifman and R. Mott., 2005. Strategies for mapping and cloning quantitative trait genes in rodents. Nature Reviews Genetics 6: 271-286.

Galton, F., 1883. Inquiries into Human Faculty and its Development. Macmillan. New York. Garcia, D., A. Martinez. S. Dunner.J.L. Vega-Pla. C. Fermlndez. J.V. Delgado and J. Canon. 2006. Estimation of the genetic admixture composition of Iberian dry-cured ham samples using DNA multilocus genotypes. Meat Science 76: 560-566.

Gavora, J.S., R.W. Fairfull. B.F. Benkei. W.J. Cantwell and J.R. Chambers. 1996. Prediction of heterosis DNA fingerprints in chicken. Genetics 144: 777-784.

Grobet, L., L.J.R. Martin. D. Poncelet. D. Pirottin. B. Brouwers.J. Riquet. A. Schoeberlein. S. Dunner. J. Menissier. J. Massabanda. R. Fries. R. Hanset and M. Georges. 1997. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. Nature Genetics. 17: 71-74.

Hillier, L.W., W. Miller. E. Birney. *et al.* (International Chicken Genome Sequencing Consortium). 2004. Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. Nature 402: 695-716.

Johnson, G.C.L., L. Esposito. B.J. Barratt. A.N. Smith.J. Heward. G. Genova. H. Ueda. H.J. Cordell.l. Eaves, F. Dudbridge. R.C.J. Twells. F. Payne. W. Hughes. S. Nut/and. H. Stevens. P. Carr. E. Tuomilehto-Wolf;.I. Tuomilehto. S.e.L. Gough. D.G. Clayton and J.A. Todd. 2001. Haplotype tagging for the identification of common disease genes. Nature Genetics 29: 233-237.

Kohn, M.H., H.I. Pelz and R.K. Wayne., 2000. Natural selection mapping of the warfarin-resistance gene. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 97: 7911-7915.

Koudande, O.D., J.A.M. van Arendonk and F. Iraqi. 2005. Marker-assisted introgression of trypanotolerance QTL in mice. Mammalian Genome 16: 112-119.

Larson, G., K. Dobney. U. Albarella. M. Fang. Matisoo-Smith.J. Robins. S. Lowden. H. Finlayson. T. Brand, E. Willerslev. P. Rowley-Conwy. L. Andersson and A. Cooper. 2005. Worldwide phylogeography of wildboar reveals multiple centers of pig domestication. Science 11: 1618-1621.

Lewontin. R.C. and J.K. Krakauer. 1973. Distribution of gene frequency as a test of the theory of the selective neutrality of polymorph isms. Genetics 74: 175-195.

Lindgren, G., N. Backstrom. J. Swinburne. L. Hellborg. A. Einarsson. K. Sandberg. G. Cothran. e. Vila, M Binns and H. Ellegren. 2004. Limited number of patrilines in horse domestication. Nature Genetics 36:335-336.

Lock, A.L. and D.E. Bauman., 2004 Modifying milk fat composition of dairy cows to enhance fatty acids beneficial to human heath. Lipids 39: 1197-1206.

Loftus, R.T., D.E. MacHugh. D.G. Bradley. P.M. Sharp and E.P. Cunningham., 1994 Evidence for two independent domestications of cattle. Proceedings of the National Academy of Sciences 91: 2757-2761.

Luikart. G. and J.M. Cornuet. 1998 Empirical evaluation of a test for detecting recent historical population bottlencks. Conservation Biology 12: 228-237.

Maynard-Smith, J. and J. Haigh. 1974. The hitch-hiking effect of a favourable gene. Genetical Research 23-35.

Meadows, J. R. S., R.J. Hawken and J.W. Kijas, 2004. Nucleotide diversity on the ovine Y chromosome. Animal Genetics 35: 379-385.

Mignon-Grasteau, S., A. Boissy. J. Bouix. J.M. Faure. A.D. Fisher. G.N. Hinch. P. Jensen. P. Le Neindre, P. Mormede. P. Prunet. M. Vandeputte and C. Beaumont 2005. Genetics of adaptation and domestication In livestock. Livestock Production Science 9: 3-14.

Montgomery, G.W., K.P McNatty and G.H. Davis., 1992 Physiology and moceluar genetics of mutations that increase ovulation rate in sheep. Endocrine Reviews. 13: 309-328.

pearse, D.E., and K. Crandall. 2004. Beyond Fst: Analysis of population genetic data for conservation. conservation Genetics 5: 585-602.

Pritchard, J.K M., Stephens and P.J Donnelly, 2000, Inference of population structure of population. genetics 155:945-959.

Rogers, A.R. and H. Harpending, 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. Molecular Biology and Evolution 9: 552-569.

Rosenberg, N.A. and M. Nordborg, 2002. Genealogical trees, coalescent theory and the analysis of genetic polymorphisms. Nature Reviews Genetics. 3: 380-390.

Rosenberg, N.A., T. Burke, K. Elo, M.W. Feldman, P. Friedlin, M.A.M. Groenen, J. Hillel, A. Maki-Tanila, M. Tixier-Boichard, A. Vignal, K. Wimmers and S. Weigend, 2001. Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus genotypes from 20 chicken breeds. Genetics 159: 699-713.

Rothschild, M., C. Jacobson, D. Vaske, C. Tuggle, L. Wang, T. Short, G. Eckardt, S. Sasaki, A. Vincent, D. McLaren, O. Southwood, H. van der Steen, A. Mileham and G. Plastow, 1996. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. Genetics 93: 201-205.

Tajima, F. 1989. The effect of change in population size on DNA polymorphism. Genetics 123: 597-601.

Tapio, M., N. Marzanov, M. Ozerov, M. Cinkulov, G. Gonzarenko, T. Kiselyova, M. Murawski, H. Viinalass and J. Kantanen., 2006. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian and Central Asian areas. Molecular Biology and Evolution 23: 1776-1783.

Toro, M.A. and A. Caballero, 2005. Characterisation and conservation of genetic diversity in subdivided populations. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B 360: 1367-1378.

Trut, L.M., 1999. Early canid domestication: the farm-fox experiment. American Scientist 87: 160-168. Wall, J. D. and J.K. Pritchard., 2003 Haplotype blocks and linkage disequilibrium in the human genome. Nature Reviews Genetics. 4: 587-597.

Wiener, P., D. Burton, P. Ajmone-Marsan, S. Dunner, G. Mommens, I.J. Nijman, C. Rodellar, A. Valentini and J.L. Williams, 2003. Signatures of selection? Patterns of microsatellite diversity on a chromosome containing a selected locus. Heredity 90: 350-358.

Yancovich, A., I. Levin, A. Cahaner and J. Hillel, 1996. Introgression of the avian naked neck gene assisted by DNA fingerprint. Animal Genetics 27: 149-155.

Zeder, M.A., D.G. Bradley, E. Emshwiller and B.D. Smith., 2006. Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms. University of California Press.

Zhang, K., J.M. Akey, N. Wang, M. Xiong, R. Chakraborty and L. Jin., 2003. Randomly distributed crossovers may generate block-like patterns of linkage disequilibrium: an act of genetic drift. Human Genetics 113:51-59.

فصل پنجم: محاسبه تنوع ژنتیکی در حیوانات اهلی

هروین ادینگ[1] و جورن بنویتز[2]

[1]مرکز تحقیقات کشاورزی فدرال، مؤسسه اصلاح دام، آلمان

[2]مؤسسه پرورش و اصلاح دام، دانشگاه کریستین آلبرشت کیل، آلمان

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
چرا تنوع ژنتیکی را اندازه‌گیری می‌کنیم؟
چه براوردهایی از تنوع ژنتیکی وجود دارند و در چه زمانی مناسب هستند؟
ارتباط این براوردها با یکدیگر چگونه است و چگونه تفسیر می‌شوند؟
تنوع ویتزمن[3] چیست؟ تنوع دسته هسته[4] چیست و از کدام یک باید استفاده کرد؟

خلاصه

در فصل ۳ مفهوم کلی تنوع ژنتیکی، و نیز اصول اصلی برای درک منشأ و تأثیر تنوع ژنتیکی داخل و بین نژادها توضیح داده شد. در این فصل چند روش رایج برای براورد تنوع ژنتیکی را در گونه‌های حیوانات اهلی ارایه می‌شود. این مباحث از فاصله‌های ژنتیکی و آماره F تا خویشاوندی به‌عنوان روش‌های براورد تنوع ژنتیکی داخل و بین جمعیت‌ها را شامل می‌شود. در بخش دوم این فصل هم دو چهارچوب کلی برای خلاصه کردن این نوع براوردهای تنوع مطرح خواهد شد: روش دسته هسته و ویتزمن.

۱- مقدمه

در دهه‌های اخیر تحقیقات زیادی برای تعیین تنوع ژنتیکی و منحصر به فرد بودن نژادها انجام شد تا در مورد اولویت‌های حفاظت ژنتیکی تصمیم‌گیری شود. بسیاری از براوردها بر اساس

---

[1] Herwin Eding; Federal Agricultural Research Center, Institute for Animal Breeding, Holtystrabe 10, 31535 Neustadt, Germany
[2] Jorn Bennewits; Institute of Animal Breeding and Husbandry, Chrisian- Albercbts-University of Kiel, 24098 Kiel, Germany
[3] Weitzman
[4] Core Set

تئوری ژنتیک جمعیت هستند و از داده‌های مولکولی استفاده می‌کنند. این براوردها تنوع ژنتیکی را با نشان‌گرهای ژنتیکی خنثی نشان می‌دهند (فصل ۳) و تصمیم‌های حفاظتی با هدف حفظ انعطاف‌پذیری ژنتیکی و احتمال تغییرات را تأیید می‌کنند (فصل ۲). هرچند تنوع ژنتیکی را می‌توان به چند روش تعریف کرد (بر حسب حفاظت از گونه‌ها و یا نژادهای حیوانات اهلی و یا آلل‌های منفرد)؛ اما در این فصل هدف کلی حفظ واریانس ژنتیکی درگونه‌ها است.

۱-۱- چرا تنوع ژنتیکی را اندازه‌گیری می‌کنیم؟

در میان گونه‌های حیوانات اهلی، تنوع ژنتیکی نژادهای مختلف فرق دارد. نژادها به صورت جمعیت‌های داخل یک گونه تعریف می‌شوند که اعضای آن را می‌توان با یکسری مشخصات مربوط به آن نژاد تعیین کرد (فائو، ۱۹۹۸)؛ اگرچه تعاریف زیاد دیگری هم وجود دارد (فصل ۳). در تعریف فائو این‌گونه فرض شده است که فنوتیپ‌های صفات، مرز واضحی بین جمعیت‌های مختلف دارند. این امر ممکن است در اروپا صادق باشد؛ یعنی جایی که جداسازی نژادها از یکدیگر یک فرایند خاص و همراه با ایجاد کتابچه گله از حدود دویست سال پیش بود (روئان[1]، ۱۹۹۹). در مناطق دیگر مانند آفریقا، یک تعریف واضح از نژاد همیشه امکان‌پذیر نیست؛ زیرا در این مناطق اختلاط زیادی بین جمعیت‌ها وجود دارد. انتساب حیوانات به نژادها در این مناطق مسأله‌ای ذهنی و گاه مبهم است.

ما می‌خواهیم تصویر کلی‌تری از تنوع و تجمیع این تنوع در صفات یا ژنوتیپ‌های جمعیت داشته باشیم تا بدانیم آیا آن‌ها نژادها یا جمعیت‌های فرعی داخل یگ گونه حیوان اهلی هستند یا خیر. واریانس ژنتیکی در یک صفت را می‌توان با استفاده از ضریب خویشاوندی به مؤلفه‌های بین و داخل جمعیت تفکیک نمود (فصل ۳). به کمک شیوه‌های ژنتیک مولکولی نظیر تعیین ژنوتیپ با نشان‌گرهای ریزماهواره، تنوع ژنتیکی بین نژادها با استفاده از فواصل ژنتیکی یا شباهت‌های ژنتیکی و سایر کمّیت‌ها مورد مطالعه قرار گرفته است. فواصل ژنتیکی بیان‌گر تفاوت بین جمعیت‌ها از نظر تعداد جهش‌ها، تفاوت در فراوانی آللی یا رانش ژنتیکی است. تشکیل نژاد براساس معیارهای تکامل صورت می‌گیرد. به همین دلیل، تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها معمولاً با استفاده از براوردهای مبتنی بر رانش ژنتیکی و با صرف‌نظر کردن از اثر جهش اندازه‌گیری می‌شود. در داخل یک نژاد، تنوع معمولاً رابطه مستقیمی با میزان همخونی

[1] Ruane

داخل نژاد دارد و به‌صورت‌های زیر بیان می‌شود: هتروزیگوسیتی، اندازه جمعیت مؤثر، تعداد آلل‌های مؤثر در هر جایگاه ژنی یا آماره F رایت[1] که معمولاً از فراوانی‌های آللی نشان‌گر محاسبه می‌شود.

برنامه‌های حفظ و نگهداری نژادها باید تا حد امکان خطری برای حفظ حداکثر تنوع ژنتیکی در منابع ژنتیکی موجود نداشته باشند. برای این منظور باید نژادهای در معرض خطر از نظر مقدار تنوع ژنتیکی مورد ارزیابی قرار گیرند. این ارزیابی وابستگی زیادی به اصول حفظ و نگهداری نژاد دارد (روئان، ۱۹۹۹) و ممکن است نیاز به متوازن کردن تنوع داخل و بین جمعیت‌ها وجود داشته باشد.

دو چهارچوب اصلی برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی در یک گروه از جمعیت‌ها وجود دارد: تنوع ویتزمن و تنوع دسته هسته (بخش ۳-۵). این دو چهارچوب متکی بر فواصل ژنتیکی یا شباهت‌های ژنتیکی محاسبه شده از روی فراوانی‌های آللی نشان‌گر خنثی هستند. البته روش‌های دیگری مانند تجزیه خوشه‌ای (که در فصل ۴ به‌طور خلاصه راجع به آن بحث شده است)، تجزیه چند متغیره و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز وجود دارد.

۲-۱- ملاحظات عملی در مطالعات مربوط به تنوع ژنتیکی

در براورد فاصله ژنتیکی یا خویشاوندی از روی داده‌های مربوط به نشان‌گرها، فرایند نمونه‌برداری اهمیت زیادی دارد. معیار مربوطه شامل تعداد جایگاه‌های ژنی، تعداد آلل‌های موجود در هر جایگاه ژنی و تعداد افراد است. افراد باید به‌طور تصادفی انتخاب شوند تا وضعیت واقعی ترکیب جمعیت را بازتاب دهند. به‌طورکلی باید حداقل ۲۵ حیوان (N) نمونه‌برداری شود (فائو، ۱۹۹۸). این امر باعث می‌شود 2N=50 آلل از هر جایگاه ژنی داشته باشیم که ارزیابی معتبری از فراوانی آلل‌ها به‌همراه دارد و انحراف استاندارد براوردهای فاصله ژنتیکی هم کم خواهد بود. در جمعیت‌های بسیار کوچک بهتر است نمونه‌برداری از کل جمعیت انجام شود. در این صورت فراوانی ژنی وقعی شناخته می‌شود. در اغلب مواقع ما اندازه نمونه‌های مختلفی بین جمعیت‌ها داریم و می‌توانیم براوردهای خود را برای اندازه نمونه‌های نامساوی تصحیح کنیم (نی[2]، ۱۹۸۷).

---

[1] Wright F-statistics
[2] Nei

در براوردهای تنوع ژنتیکی تلاش می‌شود خویشاوندی یا شباهت آلل‌ها تشخیص داده شود. آلل‌های موجود در یک جایگاه ژنی در اعضای مختلف یک جمعیت ممکن است به‌خاطر همخونی دارای اجداد مشترکی باشند. اما آلل‌ها می‌توانند بدون تعیین نسب، از یکدیگر غیرقابل تشخیص باشند. برای براورد صحیح تنوع ژنتیکی، لازم است احتمال این‌که دو آلل چنین وضعیتی داشته باشند، کم باشد و یا درک خوبی از اندازه احتمال آن داشته باشیم. این امر با استفاده از جایگاه‌های ژنی با چندشکلی زیاد به‌دست می‌آید. در یک مجموعه از نشان‌گرهای ریزماهواره که به‌وسیله فائو مطرح شد، طبق قانون احتمالات حداقل چهار آلل مختلف وجود دارد. نشان‌گرها باید از قانون توارث مندلی پیروی کنند (برتینگ[1] و ویدرلچنر[2]، ۱۹۹۵). بنابراین نباید از شش جایگاه ژنی پیوسته استفاده شود و یا این‌که این کار با احتیاط انجام شود.

همیشه باید به‌خاطر سپرد که منحصر به‌فرد بودن یک نژاد، تنها به‌وسیله بررسی‌های ژنتیکی تعیین نمی‌شود. بررسی‌های دیگری هم لازم است که در فصل ۶ توضیح داده خواهد شد.

۲- فواصل ژنتیکی، آماره F و خویشاوندی

روش‌های مطرح شده، آماره‌هایی بر اساس شباهت (یا عدم شباهت) در فراوانی‌های آللی بین جمعیت‌ها ایجاد می‌کنند و تفسیرهای مختلفی برای تنوع ژنتیکی و اولویت‌های حفظ و نگهداری نژادها مطرح می‌کنند. فواصل ژنتیکی به‌طور گسترده‌ای در تحقیقات تنوع ژنتیکی استفاده می‌شوند؛ به‌ویژه برای ایجاد فیلوژنی و دسته‌بندی جمعیت‌ها. آماره F رایت ابزاری استاندارد برای بررسی تقسیمات فرعی جمعیت و تفکیک تنوع ژنتیکی به مؤلفه‌های بین و داخل جمعیت است و به‌عنوان شاخصی برای اهمیت نسبی نژادهای یک گونه به‌کار می‌رود.

در ارزیابی‌های اخیر، (میانگین) خویشاوندی بین جمعیت‌ها و/یا بین افراد داخل جمعیت‌ها براورد شده است تا جزئیات مباحث ژنتیک حفظ و نگهداری تنوع ژنتیکی و نژادها روشن شود.

[1] Bretting
[2] Widerlechner

۱-۲- فواصل ژنتیکی

فواصل ژنتیکی از مربع اختلاف فراوانی‌های آللی دو جمعیت به‌دست می‌آید. فواصل ژنتیکی دارای خصوصیات ریاضی و اهمیت زیستی هستند. از نظر ریاضی، یک تابع باید دارای یکسری ویژگی باشد تا به آن «فاصله» اطلاق شود. اول این‌که فاصله بین یک جمعیت X و خودش باید صفر باشد، یا d(X,X)=0. دوم این‌که فاصله بین دو جمعیت X و Y باید متقارن باشد یا d(X,Y)=d(Y,X). اگر یک فاصله این شرایط را فراهم کند، به آن فاصله نیمه متریک[1] می‌گویند. اگر بین جمعیت‌های X، Y و Z، فاصله‌ای باشد که d(X,Y)≤d(X,Z)+d(Y,Z)، به آن فاصله متریک[2] گویند (کاتز[3]، ۱۹۸۶).

فاصله طبیعی بین دو بردار **x** و **y** در یک فضای k بعدی (که k معمولاً تعداد جایگاه‌های ژنی است) فاصله اقلیدوسی خوانده می‌شود.

$$d(X,Y)=\sqrt{\sum_{i=1}^{k}(x_i-y_i)^2} \qquad \text{(معادله ۱-۵)}$$

می‌توان نشان داد که این فاصله سه ویژگی ریاضی را در بردارد. این موضوع اولین بار توسط روگرز[4] (۱۹۷۲) به نام فاصله ژنتیکی روگرز (D_{Rogers}) مورد استفاده قرار گرفت. یادآور می‌شویم که مربع آن، دو شرایط اول را فراهم می‌کند؛ اما نمی‌تواند نابرابری سه‌گانه[5] را برقرار کند. بنابراین براورد فاصله بر اساس مربع فاصله اقلیدوسی (فاصله حداقل نی، فاصله رینولد[6] و غیره) نمی‌تواند نابرابری سه‌گانه و فاصله ژنتیکی استاندارد نی را برقرار کند.

تفسیر زیستی فواصل ژنتیکی بستگی به مدل نامتقارنی دارد که برای تمایز جمعیت فرض شده و تحت تأثیر چهار عامل اصلی است: رانش تصادفی، جهش، انتخاب و مهاجرت. چون فواصل ژنتیکی برای همان گونه طراحی شده‌اند، لذا در این مدل‌ها فرض می‌شود که تکامل هر جمعیت به‌صورت مستقل است. بعد از گونه‌زایی (وقتی دو جمعیت تبدیل به دو گونه متمایز می‌شوند)، بنا به تعریف، مهاجرتی بین جمعیت‌ها وجود ندارد. از این رو در فواصل ژنتیکی، از

---

[1] Semi-metric
[2] Metric
[3] Katz
[4] Rogers
[5] Triangular Inequality
[6] Reynolds

مهاجرت صرف‌نظر می‌شود که باید برای جمعیت‌های حیوانات اهلی تعدیل شود. اما اگر مهاجرت صورت گیرد، فواصل براورد شده به هم می‌خورد.

فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت حیوانات اهلی منحصراً به وسیله رانش تصادفی تعیین می‌شود. تحت یک مدل رانش محض، ضریب همخونی F پس از t نسل برای جمعیتی با اندازه مؤثر N_e به صورت زیر است:

$$F_t = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N_e}\right)^t \qquad \text{(معادله ۲-۵)}$$

برای فاصله حداقل نی (نی، ۱۹۷۳)، با فرض این‌که p_{0m} فراوانی آلل m جمعیت والدی است، انتظار می‌رود:

$$E(D_M) = E\left(\frac{1}{2}\sum_m (P_{Im} - P_{Jm})^2\right) = \frac{1}{2}(F_I + F_J)\left(1 - \sum_m p^2{}_{0m}\right) \qquad \text{(معادله ۳-۵)}$$

تحت رانش، انتظارات از فواصل ژنتیکی معمول (نظیر فاصله استاندارد نی) بین جمعیت‌های J و I برابر است با مجموع ضرایب همخونی داخل جمعیت‌ها (F_I+F_J). بنابراین فاصله ارجح باید مقدار مورد انتظاری برابر یا متناسب با F_I+F_J داشته باشد. رینولدز (۱۹۸۳) براوردی برای فاصله ژنتیکی معرفی کرد که در آن فاصله حداقل نی به‌وسیله براورد هتروزیگوسیتی در جمعیت والدی نرمال شده بود ($1-\sum m[p_{Im}\times p_{Jm}]$) و به‌طور مؤثری این بخش از معادله قبلی برداشته شد. بنابراین مقدار مورد انتظار فاصله رینولد برابر با $(F_I+F_J)/2$ است.

تحت رانش تصادفی محض، براورد فاصله ژنتیکی، فیلوژنی[1] دقیق جمعیت‌ها را منعکس نمی‌کند؛ زیرا فارغ از تعداد نسل‌ها تحت تأثیر اندازه جمعیت مؤثر قرار دارد. اما از آن‌جایی‌که هدف اصلی حفاظت ارزش گونه‌ها است نه فیلوژنی؛ بنابراین این نوع فاصله برای جمعیت‌های دارای خویشاوندی نزدیک نظیر برخی نژادهای اروپایی مفید است.

درخت‌های فیلوژنتیکی[2] نمادهای گرافیکی یا نقشه‌های تهیه شده از ماتریس فواصل بین جمعیت‌ها هستند. همان‌گونه که متوجه شدیم، این نوع درخت‌ها فیلوژنتیک نیستند؛ چون اختلاف در اندازه جمعیت مؤثر و مهاجرت بین نژادها ممکن است این حالت را خدشه‌دار کند. روش‌های مختلفی برای ترسیم درخت‌های ماتریس فاصله وجود دارد. نی و همکاران

[1] Phylogeny
[2] Phylogenetic trees

(۱۹۸۳) این روش‌های مختلف را بررسی و مقایسه کردند. رایج‌ترین روش‌های شناخته شده، روش‌های UPGMA و NJ[1] هستند (تاکزاکی[2] و نی، ۱۹۹۶) که معمولاً نتایج خوبی به همراه دارند.

روش UPGMA تا حدودی ساده‌تر و قابل درک‌تر است (پی‌نوشت ۲-۵، ایجاد درخت‌های فیلوژنی). اما در روش UPGMA فرض بر این است که مقدار تکامل برای تمام جمعیت‌ها یکسان است. میزان تکامل در گروههای مختلف تحت تأثیر اندازه جمعیت مؤثر است. بنابراین میزان تکامل از نژادی به نژاد دیگر متفاوت است و بستگی به اندازه جمعیت مؤثر آن‌ها دارد. در روش NJ میزان تکامل برای هر جمعیت فرق می‌کند و بنابراین برای نژادها مناسب‌تر است. روش NJ در اکثر موارد دارای ارزش‌های خودراه‌اندازی[3] زیادتری است. خودراه‌اندازی روشی است که قابلیت اعتماد براوردها را از طریق دوباره نمونه‌گیری داده‌ها بررسی می‌کند (ویر[4]، ۱۹۹۰) و امکان رسم درخت‌های چندگانه و براورد قابلیت اعتماد برای شکل‌های مختلف درخت را فراهم می‌کند. نرم‌افزارهای مختلفی برای ترسیم درخت بر اساس داده‌های مربوط به فواصل وجود دارد. اغلب این نرم‌افزارها از داده‌های ژنوتیپی بهره می‌گیرند و فواصل مورد نظر و حالت خودراه‌اندازی را به‌کار می‌برند.

پی‌نوشت ۱-۵- فواصل ژنتیکی

فرض کنیم x_i و y_i به‌ترتیب فراوانی‌های آلل iاُم در جمعیت X و Y هستند. برای ساده کردن مطلب، فرمول فاصله برای یک جایگاه ژنی را در نظر می‌گیریم.

فاصله ژنتیکی استاندارد نی (D):

$$D = -\ln\left[\frac{\sum_i x_i y_i}{\sqrt{\sum_i x_i^2 \sum_i y_i^2}}\right] \qquad \text{(معادله ۴-۵)}$$

[1] Neighbour-Joining
[2] Takezaki
[3] Bootstraping
[4] Weir

فاصله وتری از کاوالی- اسفروزا[1] (D_C):

(معادله ۵-۵)

$$D_c = (2/\pi)\sqrt{2(1-\sum_i \sqrt{x_i y_i})}$$

فاصله نی (D_A):

(معادله ۵-۶)

$$D_A = 1-\sum_i \sqrt{x_i y_i}$$

فاصله حداقل نی (D_m):

(معادله ۵-۷)

$$D_m = \frac{1}{2}\sum (x_i - y_i)^2$$

فاصله رینولدز ($D_{Reynols}$):

(معادله ۵-۸)

$$D_{Re\,ynolds} = \frac{1}{2}\frac{\sum (x_i - y_i)^2}{1-\sum x_i y_i}$$

پی‌نوشت ۲-۵- ایجاد درخت فیلوژنی

نمونه‌ای از ایجاد یک درخت با استفاده از روش UPGMA. اگرچه معمولاً روش NJ نتایج بهتری می‌دهد، اما روش UPGMA برای تشریح فرایندهای مورد نظر مناسب‌تر است.

فرض می‌کنیم چهار نژاد A، B، C و D داریم. فاصله میان آن‌ها در زیر آمده است:

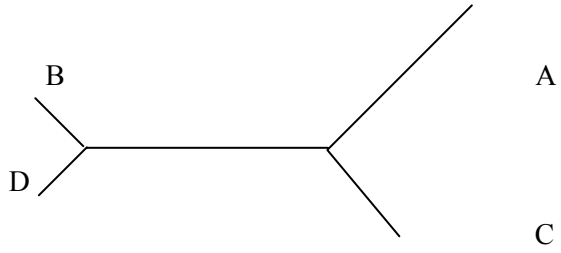
	B	C	D
A	۰/۴۰۰	۰/۳۰۰	۰/۵۰۰
B		۰/۲۰۰	۰/۱۰۰
C			۰/۳۰۰

با جفت نژادی که به یکدیگر نزدیک‌تر هستند، کار را آغاز می‌کنیم. نزدیک‌ترین جفت (B,D) است. بنابراین ما فواصل بین خوشه (B,D) و A (یا C) را به عنوان میانگین فاصله A تا Bو D محاسبه خواهیم کرد. بنابراین فاصله (A, (B, D)) برابر است با ۴۵۰= ۰/۵(۰/۴۰۰+۰/۵۰۰)

[1] Cavalla-Sforza

	(B,D)	C
A	۰/۴۵	۰/۳۰۰
(B,D)		۰/۲۵۰

دوباره کوچک‌ترین فاصله (بین (B,D) و C) را پیدا می‌کنیم و مجدداً فاصله بین این خوشه و A را به‌دست آورده ((B,D,C), A=۰/۳۷۵) را محاسبه می‌کنیم. در نتیجه درخت بدون ریشه[1] زیر به دست می‌آید. شاخه‌های ترسیم شده به‌گونه‌ای هستند که مجموع طول شاخه‌های بین هر دو نژاد، معادل فواصل فوق است.



تفسیر درخت‌های فیلوژنتیکی نیز باید با دقت زیادی صورت گیرد. یک فرضیه اساسی در مورد این درخت‌ها، جداسازی پس از انشقاق جمعیت است. معمولاً این فرض در جمعیت حیوانات اهلی صدق نمی‌کند. البته ممکن است جریان ژنی بین جمعیت‌ها و حتی بین خوشه‌های جمعیت‌ها وجود داشته باشد که برخی خصوصیات مشترک را به جمعیت‌هایی که سابقاً طی انشقاق از هم جدا شده بودند می‌دهد. این امر بر توزیع تنوع ژنتیکی بین و داخل جمعیت‌ها اثر خواهد داشت، اثری که ممکن است از این نوع درخت‌ها متوجه نشویم. از طرف دیگر مهاجرت بین جمعیت‌ها به صورت فواصل کوچک‌تر منعکس می‌شود؛ در حالی که این امر منجر به خطا در فیلوژنی براورد شده می‌شود. لیکن با این وجود شاخص مناسبی از قرابت جمعیت‌ها است. اما به‌طور صحیح در جد مشترک واقع نشده است. درخت‌هایی که حاصل از فواصل ژنتیکی مبتنی بر رانش هستند، نباید به عنوان فیلوژنی واقعی تفسیر شوند.

[1] Unrooted

۲-۲- آماره F

رانش تصادفی بین جمعیت‌ها به‌صورت اختلاف فراوانی‌های آللی و فقدان آلل‌های مختلف دیده می‌شود. بنابراین اثرات رانش داخل و بین جمعیت‌ها، در مسیر مخالف هم ظاهر می‌شود: تنوع ژنتیکی داخل جمعیت‌ها از دست خواهد رفت؛ در حالی که تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها افزایش خواهد یافت. این پدیده به صورت عبارت معروف آماره F رایت به شرح زیر نوشته می‌شود (رایت، ۱۹۶۹).

$$(1-F_{IT}) = (1-F_{IS})(I-F_{ST})$$ (معادله ۹-۵)

در این‌جا F_{IT} ضریب همخونی یک فرد نسبت به کل مجموعه جمعیت‌ها است، F_{IS} ضریب همخونی یک فرد نسبت به جمعیت‌های فرعی[1] است که به آن‌ها تعلق دارد، و F_{ST} میانگین ضریب همخونی جمعیت فرعی نسبت به کل جمعیت است. باید یادآور شد که در این عبارت فرض شده که مجموعه جمعیت‌های تحت بررسی، زاییده یک جمعیت هستند.

ضریب همخونی F در یک جمعیت می‌تواند از تفاوت بین هموزیگوسیتی مورد انتظار و هموزیگوسیتی مشاهده شده به‌دست آید.

$$HOM_{exp} = \sum_i p_i^2$$ (معادله ۱۰-۵)

و

$$HOM_{obs} = F + (1- F)\, HOM_{exp}$$ (معادله ۱۱-۵)

ازآن‌جایی که کاهش واریانس ژنتیکی در یک جمعیت متناسب با (1-F) است (فالکونر[2] و مک‌کی[3]، ۱۹۹۶)، عبارت رایت می‌تواند برای تفکیک واریانس ژنتیکی کل جمعیت‌ها به دو مؤلفه داخل جمعیت ($1-F_{IS}$) و بین جمعیت ($1-F_{ST}$) به‌کار گرفته شود. نسبت‌های واریانس ژنتیکی بین و داخل جمعیت‌ها به‌وسیله تقسیم این رابطه بر کل تنوع براورد شده به‌وسیله ($1-F_{IT}$) محاسبه می‌شود.

داخل یک جمعیت، F_{IS} معمولاً از فزونی هموزیگوت‌ها (یا بر عکس از کمبود هتروزیگوت‌ها) براورد می‌شود:

$$F_{IS} = \frac{\overline{Het}_S - Het_{obs}}{Het_S}$$ (معادله ۱۲-۵)

---

[1] Sub-population
[2] Falconer
[3] Mackay

در این‌جا $\overline{Het}_S$ میانگین هتروزیگوسیتی‌های مورد انتظار در جمعیت‌ها است. از براوردهای مختلف برای انواع جایگاه‌های ژنی، میانگین گرفته می‌شود تا براورد متوسط به‌دست آید. آماره F_{ST} رایت، براوردی رایج برای تفکیک و تمایز جمعیت‌ها است. براورد F_{ST} از رابطه زیر صورت می‌گیرد:

$$Het_{ST} = 1 - F_{ST} = \frac{\overline{Het}_S}{Het_T} \qquad \text{(معادله ۱۳-۵)}$$

هتروزیگوسیتی مورد انتظار در کل جمعیت (Het_T) از فراوانی‌های آللی در کل جمعیت (p_{Ti}) به دست می‌آید. یعنی $Het_T=1-\sum p_{Ti}^2$ حاصل می‌شود (ناگیلکی[1]، ۱۹۹۸).

اختلافاتی در براورد F_{ST} وجود دارد. ویر[2] و کوکرهام[3] (۱۹۸۴) و روبرتسون[4] و هیل[5] (۱۹۸۴) براوردگرهای مختلفی از F_{ST} از روی فراوانی‌های آللی ارایه کردند. براوردگر روبرتسون و هیل، وزن اضافی به آلل‌های نادر می‌دهد که در راستای اهداف حفاظت از این آلل‌ها است. اما واریانس براوردگر بزرگ‌تر است و هر دو براوردگر فقط زمانی که آلل‌ها دارای فراوانی‌های مساوی باشند، مطابق یکدیگرند.

ناگیلکی (۱۹۹۸) عنوان نمود که اگر تنوع ژنتیکی کم باشد، F_{ST} فقط براورد مناسبی از واگرایی[6] جمعیت خواهد بود. برای مثال وقتی N جمعیت فرعی با اندازه مساوی داریم:

$$F_{ST} = \frac{(N-1)(N-Het_s)}{N-(1-Het_s)} \qquad \text{(معادله ۱۴-۵)}$$

به‌جز وقتی که جمعیت‌ها به‌طور کامل همخون باشند ($Het_S=0$)، همیشه F_{ST} کوچک‌تر از یک خواهد شد؛ حتی اگر جمعیت فرعی به طور کامل تمایز یافته باشد. به‌علاوه وقتی K جمعیت فرعی تثبیت شده برای یک جایگاه ژنی با آلل‌های $L<K$ داریم، میانگین هتروزیگوسیتی داخل جمعیت صفر بوده و لذا $F_{ST}=1$ خواهد بود که بیان‌گر تمایز کامل بین جمعیت‌های فرعی است. اما $L<K$ به این معنی است که تمایز کامل فقط برای L جمعیت فرعی امکان خواهد داشت. وقتی $K > L$ باشد، تمایز کامل نمی‌تواند ایجاد شود و مقدار F_{ST} برابر با یک اشتباه است.

---

[1] Nagylaki
[2] Weir
[3] Cockerham
[4] Robertson
[5] Hill
[6] Divergence

۳-۲- خویشاوندی و شباهت‌های ژنتیکی

اگرچه فواصل ژنتیکی و آماره F، به اختلاف بین جمعیت‌ها یا افراد مربوط می‌شوند، اما براورد شباهت به تشابه بین آن‌ها مربوط است. شباهت ژنتیکی، به میزان نزدیکی و روابط خویشاوندی می‌پردازد و مکمل فاصله ژنتیکی به‌شمار می‌آید. بنابراین یک منهای شباهت بین دو فرد یا دو جمعیت مساوی است با فاصله بین آن‌ها. این نسبت همانندی و شباهت معمولاً به‌صورت ضریب خویشاوندی[1] بیان می‌شود.

ضرایب خویشاوندی با تنوع ژنتیکی رابطه مستقیمی دارند. بعد از t نسل، کاهش در هتروزیگوتی، رابطه مستقیمی با ضریب همخونی دارد:

$$Het_t/Het_0=1-F \qquad \text{(معادله ۱۵-۵)}$$

که Het_t هتروزیگوسیتی در نسل t، Het_0 هتروزیگوسیتی در نسل والدی، و F نیز ضریب همخونی نسبت به نسل والدی است. خویشاوندی که با (f) هم نشان داده می‌شود، برای محاسبه ضریب همخونی استفاده می‌شود و $F_X=f_{PQ}$ که f_{PQ} جد مشترک والدین P و Q در فرد X است. از این رابطه برای محاسبه واریانس ژنتیکی افزایشی σ^2_A استفاده می‌شود. ازآن‌جایی که σ^2_A متناسب با هتروزیگوسیتی است، پس از t نسل داریم (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶؛ گیلیگان[2] و همکاران، ۲۰۰۵):

$$\sigma^2_{A,t}/\sigma^2_{A,0}=1-F \qquad \text{(معادله ۱۶-۵)}$$

براوردگرهای بسیار زیادی برای محاسبه خویشاوندی وجود دارد. ارزیابی‌های مبتنی بر براوردگرها (تورو[3] و همکاران، ۲۰۰۲، ادینگ[4] و میوویسن[5]، ۲۰۰۱؛ اولیهوک[6] و همکاران، ۲۰۰۶) و براوردگرهای ضریب همانندی[7] دو و چهار ژنی (لینچ[8] و ریتلند[9]، ۱۹۹۹؛ وانگ[10]، ۲۰۰۲) وجود دارد. خویشاوندی‌های مبتنی بر براوردگرها رایج‌تر بوده و در انواع جمعیت‌ها

[1] Coefficient of Kinship
[2] Gilligan
[3] Toro
[4] Eding
[5] Meuwissen
[6] Oliehoek
[7] Identity
[8] Lynch
[9] Ritland
[10] Wang

به‌کار می‌روند؛ درحالی‌که ضرایب همانندی دو و چهار ژنی، در جمعیت‌های دارای آمیزش غیرتصادفی، کارایی کمی دارند (اولیهوک و همکاران، ۲۰۰۶). به همین دلیل ما روی خویشاوندی مبتنی بر براوردگر بحث می‌کنیم.

۱-۳-۲- شباهت‌های ژنتیکی

اصلی‌ترین براورد تشابه و خویشاوندی، شباهت ژنتیکی است. شباهت‌های ژنتیکی به‌عنوان اشتراک آللی هم شناخته می‌شوند (لینچ، ۱۹۸۸). هر جفت افراد بین و داخل جمعیت‌ها برای آلل‌های مشترک چند جایگاه ژنی امتیازبندی می‌شوند. سپس امتیاز کل بر تعداد جایگاه‌های زنی تقسیم می‌شود تا میانگین شباهت بین افراد به دست آید. هم‌چنین با به‌دست آوردن میانگین همه جفت افراد موجود، می‌توان میانگین شباهت بین یا داخل جمعیت‌ها را به‌دست آورد.

دو روش اصلی برای امتیازبندی شباهت‌های ژنتیکی با نشان‌گرهای چندشکلی هم‌غالب[1] وجود دارد: شباهت ژنی[2] (لینچ، ۱۹۸۸) و شباهت مالکوت[3] (ادینگ و میوویسن، ۲۰۰۱). اختلاف بین این دو روش را می‌توان هنگام امتیازبندی ژنوتیپ‌های مشابه دید (جدول ۱-۵). شباهت ژنی، تعداد آلل‌های به اشتراک گذاشته شده به‌وسیله دو فرد، از کل آلل‌ها است؛ اما شباهت مالکوت احتمال آن است که یک آلل که به طور تصادفی از یک فرد رسیده است، مشابه آللی باشد که به طور تصادفی از فرد دیگر آمده است (مالکوت، ۱۹۴۸). این مورد اخیر از تعریف ضریب خویشاوندی حاصل می‌شود. از این رو اگر فرض کنیم که آلل‌ها فقط می‌توانند به خاطر داشتن جد مشترک، مشابه باشند (یعنی تمام آلل‌های مشابه، نسخه‌هایی از یک آلل مشابه اجدادی هستند)، در این صورت انتظار می‌رود میانگین شباهت مالکوت نیز با ضریب خویشاوندی مساوی باشد.

رابطه ریاضی شباهت مالکوت برای دو فرد با ژنوتیپ‌های a/b و c/d در جایگاه ژنی k به‌صورت زیر نوشته می‌شود:

$$S_{xy,k} = \frac{1}{4}[I_{ac+}I_{ad} + I_{bc} + I_{bd}] \qquad \text{(معادله ۱۸-۵)}$$

[1] Co-dominant
[2] Genic
[3] Male'cot

که I_{xy} متغیر شاخصی است که اگر آلل y و x شبیه هم باشند مقدار آن برابر یک می‌شود و در غیر این صورت I_{xy} برابر صفر است. بنابراین مقدار شباهت می‌تواند ۰، ۰/۲۵، ۰/۵۰ و ۱ باشد. شباهت مالکوت دارای مزایایی نسبت به سایر براوردهای شباهت است؛ زیرا می‌تواند به‌طور مستقیم از طریق فراوانی‌های آللی محاسبه شود (ادینگ و میوویسن، ۲۰۰۱). برای یک جایگاه ژنی با M آلل، شباهت میان جمعیت‌های I و J به‌صورت زیر است:

$$S_{IJ} = \sum_{m=1}^{M} P_{I,m} P_{J,m} \qquad \text{(معادله ۱۹-۵)}$$

شباهت جمعیت را می‌توان به شکل‌های مختلف در براوردهای تنوع ژنتیکی دید. این امر بیان‌گر رابطه تنگاتنگ میان تنوع ژنتیکی و خویشاوندی است (پی‌نوشت ۳-۵).

جدول ۱-۵ امتیازبندی ژنوتیپ‌های مشابه بر حسب روش‌های شباهت ژنی و شباهت ژنتیکی مالکوت و احتمال در تعادل هاردی- واینبرگ بودن جمعیت

ژنوتیپ	ژنی	مالکوت	احتمال
AA-AA	۱	۱	$\sum_{m=1}^{M} p_{I,m}^2 p_{J,m}^2$
AA-AB	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$2\sum_{m=1}^{M} p_{I,m}^2 p_{J,m}(1-p_{J,m})$
AB-AA	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$2\sum_{m=1}^{M} p_{I,m}(1-p_{I,m}) p_{J,m}^2$
AB-AB	۱	$\frac{1}{2}$	$2\sum_{m=1}^{M}\sum_{n\neq m}^{M} p_{I,m} p_{J,m} p_{I,n} p_{J,n}$
AB-AC	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$	$2\sum_{m=1}^{M}\sum_{n\neq m}^{M} p_{I,m} p_{J,m} p_{I,n}(1-p_{J,m}-p_{J,n}) + 2\sum_{m=1}^{M}\sum_{n\neq m}^{M} p_{I,m} p_{J,m}(1-p_{I,m}-p_{I,n}) p_{J,n}$

۲-۳-۲- تصحیح برای آلل‌های با حالت مشابه[1]

از نظر فنی، آلل‌های غیرقابل تشخیص یا دارای جد مشترک[2] هستند (دو آلل نسخه‌های یک آلل والدی هستند) یا آلل‌های با حالت مشابه هستند (AIS) (دو آللی که نمی‌توانند از یکدیگر تشخیص داده شوند؛ اما IBD نیز نیستند. احتمال وجود آلل‌های AIS با علامت s بیان می‌شود. میانگین مورد انتظار شباهت S_{ijl} بین دو فرد i و j برای جایگاه‌ژنی l، تابعی از خویشاوندی بین i و j (f_{ij}) و s_l در این جایگاه ژنی است (لینچ، ۱۹۸۸).

$$S_{ijl}=f_{ij}+(1-f_{ij})S_l=(1-S_l)f_{ij}+S_l \qquad \text{(معادله ۲۰-۵)}$$

با تنظیم معادله، جایگزینی شباهت‌های مورد انتظار با شباهت‌های مشاهده شده و گرفتن میانگین برای تمام جایگاه‌های ژنی، براوردی از f_{ij} برای جایگاه ژنی L به‌دست می‌آید:

$$\hat{f}_{ij}=\frac{1}{L}\sum_{l=1}^{L}\frac{S_{ijl}-s_l}{1-s_l}$$

بنابراین برای براورد خویشاوندی بین افراد (یا جمعیت‌ها)، مقدار s_l باید فرض یا براورد شود. اگر مدلی را با تعداد بی‌نهایت آلل در جمعیت پایه فرض کنیم، s_l معادل صفر شده و انتظار می‌رود f_{ij} برای تمام جایگاه‌های ژنی مساوی با S_{ijl} باشد. اما وقتی s_l صفر نباشد، یک جمعیت پایه که فرض می‌شود همه افراد آن غیرخویشاوند هستند ($f=0$)، دارای $S_l=0+(1-0)s=s_l$ خواهد بود. بنابراین این تعریف s_l الزاماً برای جمعیت پایه صادق است.

[1] Alleles alike in State (AIS)
[2] Identical by Descent (IBD)

پی‌نوشت ۳-۵- ارتباط بین فواصل ژنتیکی، ضرایب خویشاوندی و شباهت

تحت رانش تصادفی محض، شباهت مالکوت فرصت خوبی برای اثبات روابط نزدیک بین فواصل ژنتیکی و ضرایب خویشاوندی است. این شباهت از روی فراوانی‌های آللی به‌شرح زیر محاسبه می‌شود:

$$S_{IJ} = \sum_{m=1}^{M} p_{I,m} p_{J,m}$$ (معادله ۳۶-۵)

شباهت‌های بیان شده برحسب فراوانی‌های آللی در تعدادی از براوردهای فاصله ژنتیکی به‌کار می‌روند. ازآن‌جایی‌که $S_{IJ}=s+(1-s)f_{IJ}$ (که s احتمال آلل‌های AIS است)، فاصله با استفاده از این رابطه، تابعی از ضریب خویشاوندی و احتمال آلل‌هاس AIS است. برای مثال اگر ما از احتمال آلل‌های AIS چشم‌پوشی کنیم (با فرض این‌که $s_I=0$ باشد) ، فاصله استاندارد نی به‌صورت زیر کاهش می‌یابد:

$$D = -\ln\left[\frac{f_{IJ}}{\sqrt{f_I f_J}}\right]$$ (معادله ۳۷-۵)

یک رابطه دیگر در مورد فواصل ژنتیکی، مجموع مربع اختلافات بین فراوانی‌های آللی است: اگر $\sum(p_{I,m}-p_{J,m})^2$ را در نظر بگیریم، می‌توانیم به معادلات زیر برسیم:

$$\sum (p_{I,m} - p_{J,m})^2 = \sum_{m=1}^{M} (p_{I,m})^2 + \sum_{m=1}^{M} (p_{I,m})^2 - \sum_{m=1}^{M} p_{I,m}\, p_{J,m}$$

$$\Rightarrow$$

$$\sum (p_{I,m} - p_{J,m})^2 = S_I + S_J - 2S_{IJ}$$

بنابراین مربع تفاوت‌های بین فراوانی‌های آللی را می‌توان برحسب میانگین خویشاوندی‌ها به‌صورت زیر نوشت:

$$\sum (p_{I,m} - p_{J,m})^2 = (1-s)\left[f_I + f_J - 2f_{IJ}\right]$$ (معادله ۳۸-۵)

بنابراین فواصل ژنتیکی و خویشاوندی‌های جمعیت با هم رابطه نزدیکی دارند. تفاوت‌های بین براوردهای فاصله ژنتیکی ناشی از مقیاس متفاوتی است که در مورد خویشاوندی وجود دارد. برخلاف فواصل ژنتیکی، خویشاوندی‌ها رابطه مستقیمی با نظریه‌های استاندارد ژنتیک داشته و تفسیر مستقیم‌تری از براوردهای حاصل امکان‌پذیر است.

۳-۳-۲- هم‌تباری مولکولی

تورو[1] و همکاران (۲۰۰۳) ضریب خویشاوندی‌ها را تحت فرض s_l=۰ برای همه جایگاه‌های ژنی براورد نمودند. بین و داخل جمعیت‌ها، این هم‌تباری مولکولی میانگین تمام جایگاه‌های ژنی ازنظر شباهت مالکوت است. این شباهت در بین افراد می‌تواند به شرح زیر بیان شود:

$$f_{M,ij} = \overline{S}_{ij} = \frac{1}{L}\sum_{l=1}^{L}\frac{1}{4}\left[I_{ac} + I_{ad} + I_{bc} + I_{bd}\right]_l \qquad \text{(معادله ۲۱-۵)}$$

اگر چه این روش بهتر از شباهت ژنتیکی غیر مالکوت انجام می‌شود، لیکن هر دو روش هم از نظر دقت و هم از نظر رابطه با اطلاعات شجره، واریانس شباهت بین جایگاه‌های ژنی که ناشی از واریانس s_l است را در نظر نمی‌گیرند.

٤-۳-۲- هموزیگوتی کنونی[2]

لی و همکاران (۱۹۹۳) براوردگری را پیشنهاد کرد که در آن s_l معادل هموزیگوتی کنونی داخل جمعیت بود. طبق این فرض، جمعیت پایه در دوره تاریخی مشابه جمعیت کنونی قرار دارد، و $S_{founder}=s$ است و انتظار می‌رود میانگین خویشاوندی براورد شده بین افراد برابر با 1/2N- باشد. افراد با خویشاوندی نزدیک، خویشاوندی مثبتی را نشان می‌دهند، افراد بسیار دور از هم نیز هم‌تباری منفی خواهند داشت. این نتیجه مورد نظر نیست؛ زیرا خویشاوندی برابر است با احتمال آلل‌های IBD و لذا بر اساس این تعریف باید مقدار خویشاوندی مساوی یا بزرگ‌تر از صفر باشد.

۵-۳-۲- حداقل میانگین شباهت

مشخصه‌ی اصلی میانگین خویشاوندی‌ها (و شباهت‌های ژنتیکی) بین جمعیت‌ها، ویژگی فاصله‌ای[3] آن است. پس از انشقاق دو جمعیت و متعاقباً جداسازی کامل آن‌ها، میانگین خویشاوندی (و میانگین شباهت) بین جمعیت‌ها طی چند نسل، معادل میانگین خویشاوندی (یا شباهت) داخل جمعیتی است که درست قبل از انشقاق وجود داشت. در یک تحقیق صورت گرفته روی جمعیت‌های متعدد، انتظار می‌رود جفت جمعیت با کم‌ترین میانگین شباهت

[1] Toro
[2] Current
[3] Stationary Property

ژنتیکی (میانگین گرفته شده برای همه جایگاه‌های ژنی)، بیان‌گر جمعیت پایه در زمانی باشد که انشقاق ابتدایی جمعیت پایه و اولیه رخ داد. ازاین‌رو s_l می‌تواند برای s_{ijl} جفت جمعیت دارای کم‌ترین میانگین شباهت ژنتیکی لحاظ شود، و میانگین خویشاوندی بین جفت‌های انتخاب شده را به صفر تبدیل کند. سپس تمام میانگین خویشاوندی‌های دیگر را می‌توان با استفاده از براوردگری که پیش از این توضیح داده شد براورد نمود. با استفاده از این روش می‌توان براوردی داشت که مثبت و دقیق‌تر از f_M است؛ زیرا تنوع بین جایگاه‌های ژنی برای s_l به روش حفاظتی محاسبه شده است.

می‌توان با دادن وزن به شباهت‌های مشاهده شده، کیفیت براوردها را بهبود بخشید. این امر نشان می‌دهد که نشان‌گرهای حاوی اطلاعات بیش‌تر (دارای چندشکلی بیش‌تر و توزیع یکنواخت‌تر فراوانی‌های آللی) می‌توانند تأثیر بیش‌تری نسبت به نشان‌گرهای دارای اطلاعات کم‌تر داشته باشند.

٦-۳-۲- مدل‌های خطی- لگاریتمی[1]

یک روش دیگر فارغ از فرضیه قبلی درباره احتمال آلل‌های AIS، استفاده از رگرسیون خطی است. در این‌جا عبارت S_{ijl} به f_{ij} و s_l تبدیل لگاریتمی می‌شود:

$$\ln(1-S_{ijl}) = \ln(1-f_{ij}) + \ln(1-s_l) + error_{ijl} \Leftrightarrow y_{ijl} = a_{ij} + b_l + error_{ijl}$$ (معادله ۲۲-۵)

بنابراین انتظار می‌رود خویشاوندی بین یک جفت جمعیت یا فرد در سراسر جایگاه‌های ژنی ثابت باشد. در حالی که انتظار می‌رود احتمال آلل‌های AIS (s_l) برای تمام جفت جمعیت‌های داخل یک جایگاه ژنی مساوی باشند.

این موضوع می‌تواند به N نژاد و L جایگاه ژنی نشان‌گر با استفاده از مدل لگارتیمی- خطی وزن داده شده (WLM)[2] تعمیم داده شود (ادینگ و میوویسن، ۲۰۰۳). به تمام شباهت‌های مشاهده شده، وزن داده می‌شود تا محتوای اطلاعات آن‌ها در نظر گرفته شود. این وزن‌ها همان واریانس شباهت‌ها هستند.

[1] Log-Linear Models
[2] Wighted Loglinar Model

روش WLM دارای اشکالاتی نیز است. اول این‌که براورد به‌صورت تابع درجه دوم[1] متناسب با تعداد جمعیت‌ها یا افراد بسط می‌یابد. هم‌چنین حل معادلات رگرسیون خطی نیاز به مقدار زیادی زمان و حافظه بالای رایانه برای پردازش اطلاعات دارد. این امر موجب می‌شود تا روش WLM جهت تجزیه و تحلیل در سطح افراد چندان مناسب نباشد. دوم این‌که به دلیل تبدیل لگاریتمی‌داده‌ها، شباهت‌های S_{ij}=۱ منتهی به $\ln(0)=-\infty$ می‌شود. این مشکل را می‌توان با تغییر S_{ij}=۱ به s_{ij}=۰/۹۹۹۹ حل کرد؛ اما در عوض دقت براورد کاهش می‌یابد. به‌ویژه وقتی جمعیتی شدیداً هموزیگوت باشد و تثبیت با فراوانی بالایی روی دهد، براوردهای خویشاوندی از اعتبار لازم برخوردار نیستند (ادینگ و میوویسن، ۲۰۰۳؛ اولیهوک و همکاران، ۲۰۰۶).

۷-۳-۲- شباهت رانش با وزن معادل[2]

ساده‌تر از مدل لگارتیمی- خطی وزن داده شده، مدل شباهت رانش با وزن معادل است (*WEDS*؛ الیهوک و همکاران، ۲۰۰۶). تصحیح برای آلل‌های AIS در روش *WEDS* یک مقدار توافقی بین s_1 براورد شده و فرض شده است که برای مجموعه‌های بزرگ افراد به‌خوبی کار کند. همبستگی بین خویشاوندی‌های واقعی (براورد شده از شجره) و خویشاوندی‌های براورد شده نسبتاً بالا و مستقل از ساختار جمعیت است. این روش برای تجزیه و تحلیل افراد داخل یک جمعیت بسیار مناسب است.

براورد خویشاوندی‌های براورد شده نشان‌گر با روش *WEDS* شامل سه مرحله است:

۱. محاسبه s_1. این مرحله با صفر قرار دادن s_1 برای جایگاه ژنی با کم‌ترین شباهت مورد انتظار میان افراد (s_{min}) آغاز می‌شود. بنابراین فرض می‌شود شباهت جایگاه‌های ژنی چندشکلی‌تر، معادل ضرایب خویشاوندی است. تمام شباهت‌های دیگر از طریق معادله زیر حاصل می‌شوند:

$$\hat{s}_1 = \frac{S_1 - S_{min}}{1 - S_{min}} \qquad \text{(معادله ۲۳-۵)}$$

۲. محاسبه وزن‌های w_1. همان‌گونه که مدل لگارتیم خطی وزن داده شده توضیح داده است، وزن‌ها برای در نظر گرفتن تفاوت در قدرت اطلاع‌رسانی به‌کار می‌روند. وزن‌ها معکوس واریانس مورد انتظار شباهت مشاهده شده هستند.

---

[1] Quadratically
[2] Weighted Equal Drift Similarity

۳. براورد خویشاوندی. سرانجام خویشاوندی‌ها به‌صورت میانگین وزنی هر یک از شباهت‌های جایگاه ژنی تصحیح شده برای آلل‌های AIS با استفاده از وزن‌ها و احتمال آلل‌های AIS محاسبه شده در مراحل قبل براورد می‌گردد.

روش *WEDS* برای براوردها نیازی به تعداد زیادی معادل که باید به‌طور همزمان حل شوند ندارد که در نتیجه نیاز به رایانه‌های قدرتمند جهت تجزیه و تحلیل سری بزرگی از داده‌ها کاهش می‌یابد.

۸-۳-۲- روش‌های خودراه‌انداز در براورد ضریب خویشاوندی

خودراه‌اندازی می‌تواند در روش‌های خویشاوندی به‌کار رود و براوردی دقیق‌تر ارایه کند. ساده‌ترین روش، خودراه‌اندازی در همه جایگاه‌های ژنی (انتساب تصادفی جایگاه‌های ژنی از روی قطعه نشان‌گرهای استفاده شده) است. اما بنویتز و میوویسن (۲۰۰۵) معتقد بودند اگر از یک خودراه‌انداز موازی در داخل جمعیت‌ها روی افراد استفاده شود، خویشاوندی‌های دقیق‌تری به‌دست می‌آید.

۹-۳-۲- مریی‌سازی[1]

خویشاوندی بین و داخل جمعیت‌ها می‌تواند با یک ساختار درختی شبه فیلوژنی مریی‌سازی شود (ادینگ و همکاران، ۲۰۰۲؛ ماتئوس[2] و همکاران، ۲۰۰۴).

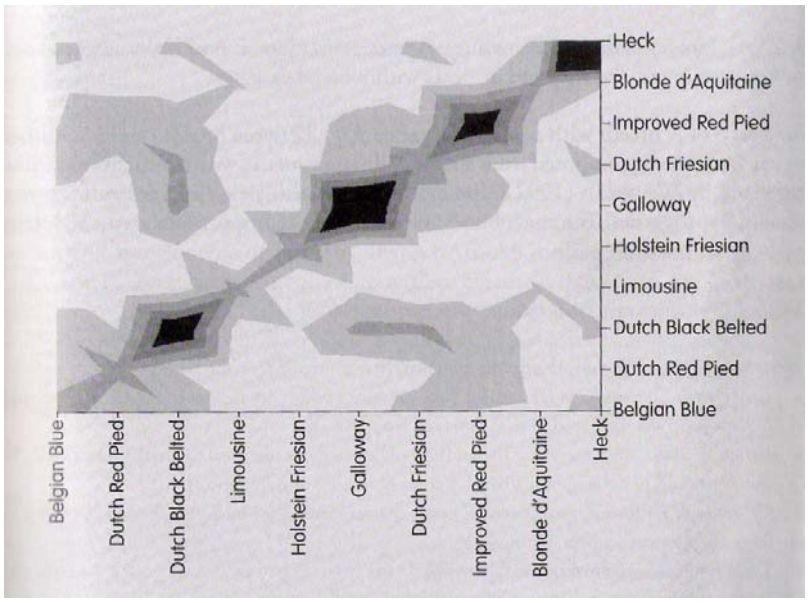
درخت فیلوژنی با استفاده از نرم‌افزار استانداردی نظیر PHYLIP (فلسنستین[3]، ۱۹۹۶) تشکیل می‌شود که ماتریس خویشاوندی را به ماتریس خویشاوندی- فاصله تبدیل می‌کند (ادینگ و همکاران، ۲۰۰۲).

$$d(i.j) = \hat{f}_{ii} + \hat{f}_{jj} - 2\hat{f}_{ij}$$ (معادله ۲۴-۵)

در این‌جا ($f_{ii}(f_{jj})$براورد خویشاوندی داخل جمعیت برای جمعیت $i(j)$ است و f_{ij}براورد خویشاوندی بین جمعیت‌های i و jاست. باید یادآور شد که این فاصله معادل دو برابر فاصله حداقل نی تصحیح شده برای احتمال آلل‌های AIS است.

[1] Visudlisattion
[2] Mateus
[3] Felsenstein

از خوشه‌بندی حاصل از ایجاد درخت فیلوژنتیکی می‌توان برای ایجاد ماتریس حاوی براوردهای خویشاوندی استفاده کرد. وقتی این روش منجر به ماتریسی از مقادیر خویشاوندی براورد شده می‌شود، روابط بینابینی[1] بین خوشه‌ها و الگوی‌های جریان ژنی را بهتر می‌توان درک کرد (شکل ۱-۵).



شکل ۱-۵ طرحی از ماتریس خویشاوندی براورد شده از تعداد کمی از داده‌های مربوط به جمعیت‌های گاو هلند. سایه‌های تیره‌تر حاکی از خویشاوندی بیش‌تر است؛ مثلاً خویشاوندی گاوهای بلک بلتد، با فریژن هلندی و گالووای (داده‌ها از بنویتز[2] و میوویسن[3]، ۲۰۰۵)

۳- تنوع‌های ویتزمن و دسته هسته

برای این‌که تصمیم بگیریم کدام جمعیت‌ها یا افراد، مهم‌ترین سهم را در تنوع ژنتیکی دارند نیاز به ارزیابی کمّی داریم؛ درحالی‌که روش‌هایی که تاکنون درباره آن‌ها بحث نمودیم، فقط

[1] Cross relatedness
[2] Bennewitz
[3] Meuwissen

اطلاعات کیفی در اختیار ما قرار می‌دهند. در این بخش ما دو روش کمّی را بیان می‌کنیم: روش تنوع ویتزمن و روش تنوع دسته هسته.

۱-۳- تنوع ویتزمن

روش ویتزمن برای تعیین تنوع (ژنتیکی)، الگوریتمی برای محاسبه تنوع کل در یک دسته بوده و اهمیت نسبی اجزا (نژادها، افراد) در تنوع کل را بر اساس فواصل ژنتیکی مشخص می‌کند. این روش بر اساس معیاری است که توسط ویتزمن برای براورد مناسب تنوع ارایه شد (معیار ویتزمن، پی‌نوشت ۴-۵). اما با توجه به ماهیت فواصل ژنتیکی، این روش از نظر محاسبات عددی فقط برای تنوع بین نژادها است و تنوع داخل نژادی را نادیده می‌گیرد.

برای یک دسته S متشکل از N نژاد با یک جفت فاصله معقول $d(i,j)$، بین نژادهای i و j، تنوع $D(S)$ می‌تواند از ماتریس فاصله $N\times N$ با الگوریتم پیشنهاد شده توسط ویتزمن (۱۹۹۲) محاسبه شود. این روش، یک ساختار درختی با حداکثر درست‌نمایی[1] ایجاد می‌کند. سهم هر مؤلفه متناسب با کاهش طول درخت به‌خاطر خارج شدن از گروه است. تنوع کل در دسته S به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$D_W(S) = \max_{i\notin S}[D_W(S_{i\notin S}) + d(i, S_{i\notin S})] \qquad \text{(معادله ۲۵-۵)}$$

که فاصله بین i و نزدیک‌ترین عضو به آن در S است. اگرچه این روش اولین بار برای گونه‌ها انجام شد (و از این‌رو برای فواصل ژنتیکی معتبر است)، اما بعدها برای بررسی تنوع نژادی دام‌های اهلی توسط تائون دآرنولدی[2] و همکاران (۱۹۹۸) و ریست- مارتی و همکاران (۲۰۰۳) هم مورد استفاده قرار گرفت. تلاش‌هایی برای ادغام تنوع داخل نژادی در روش ویتزمن به‌عمل آمد تا محدودیت تنوع بین نژادی را رفع سازد (گارسیا[3] و همکاران، ۲۰۰۵). وقتی تنوع ویتزمن بر اساس فواصل ژنتیکی باشد، تمایل دارد روی جمعیت‌هایی که بیش‌ترین رانش و همخونی را دارند تأکید کند (بخش ۵).

[1] Likelihood
[2] Thaon d'Arnoldi
[3] Garcia

پی‌نوشت ٤-٥- معیار ویتزمن برای ارزیابی‌های کامل تنوع

ویتزمن (۱۹۹۲) چهار معیار را برای براورد مناسب‌تر تنوع تعریف کرد:

معیار ۱- تداوم در گونه: کل مقدار تنوع در یک دسته از جمعیت‌ها نباید وقتی یک جمعیت از آن دسته جمعیت‌ها حذف می‌شود افزایش یابد.

معیار ۲- ویژگی دوقلو بودن: اضافه شدن یک مؤلفه مشابه مؤلفه‌ای که از قبل در دسته جمعیت‌ها وجود داشت، نباید محتوای تنوع را در آن دسته از جمعیت‌ها تغییر دهد.

معیار ۳- تداوم در فاصله: یک تغییر کوچک در براوردهای فاصله نباید باعث تغییرات بزرگ در براورد تنوع شود.

معیار ۴- یکنواختی در فاصله: تنوع موجود در یک دسته از جمعیت‌ها، وقتی فاصله بین این جمعیت‌ها زیاد می‌شود، افزایش یابد.

در هر دو روش ویتزمن و دسته هسته، این معیارها با وجود اختلاف در اطلاعات رعایت می‌شود. ازآن‌جایی که براوردهای خویشاوندی لزوماً براوردهای واریانس هستند، امکان دارد که تنوع ژنتیکی بر حسب میانگین خویشاوندی وقتی جمعیتی از دسته حذف می‌شود افزایش یابد (تائون دآرنولدی و همکاران، ۱۹۹۸). اما وقتی سهم هر جمعیت بهینه شود (بخش ۳-۳)، میانگین خویشاوندی در حالت حداقل بوده و تنوع ژنتیکی حداکثر است. بنابراین حذف یک نژاد که دارای سهم غیر صفر است، باعث کاهش تنوع ژنتیکی خواهد شد (معیار ۱). اگر یک جمعیت مشابه جمعیتی دیگر باشد، سهم آن صفر بوده و می‌تواند مستثنی شود (معیار ۲). براورد تنوع ژنتیکی، تابع پیوسته‌ای از میانگین خویشاوندی (محاسبه شده) بین و داخل نژادها است و وقتی خویشاوندی‌ها یا فواصل به‌آهستگی تغییر کند، این تغییرات را براورد می‌کند (معیار ۳).

با توجه به معیار ۴، افزایش فاصله ژنتیکی در یک مدل رانش محض می‌تواند به دلایل زیر اتفاق بیفتد: (۱) کاهش خویشاوندی بین نژادها؛ و (۲) افزایش خویشاوندی داخل نژادها (به‌عبارت دیگر همخونی مداوم داخل یک جمعیت). در حالت اخیر، معیار ۴ کاربرد ندارد؛ زیرا همخونی پیوسته باعث کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود؛ حتی اگر فاصله ژنتیکی افزایش یابد. معیار ۴ می‌تواند دوباره بر حسب خویشاوندی بین جمعیت‌ها به شرح زیر بازنویسی شود: تنوع در یک جفت جمعیت باید وقتی خویشاوندی بین و داخل این جمعیت‌ها کم می‌شود افزایش پیدا کند.

۲-۳- تنوع دسته هسته

تنوع دسته هسته مبتنی بر براوردهای هم‌تباری یا خویشاوندی است (ادینگ و همکاران، ۲۰۰۲؛ بنویتز و میوویسن، ۲۰۰۵؛ اولیهوک و همکاران، ۲۰۰۶) مفهوم دسته هسته اولین بار در ژنتیک حفاظت گیاهان مطرح شد و به‌صورت کوچک‌ترین دسته لاین‌ها یا سویه‌های یک گونه گیاهی که هنوز تنوع ژنتیکی در گونه را دربر دارد تعریف شد (فرانکل[1] و براون[2]، ۱۹۸۴). هدف آن حذف همپوشانی[3] ژنتیکی بین لاین‌ها در دسته هسته است. همپوشانی ژنتیکی یا شباهت ژنتیکی بین افراد و جمعیت‌ها با ضریب خویشاوندی توصیف می‌شود. از این‌رو حذف همپوشانی ژنتیکی مساوی است با به‌حداقل رساندن خویشاوندی در یک دسته نژادها با تنظیم سهم هر جمعیت یا فرد در دسته هسته. می‌توان تنوع ژنتیکی را حداکثر نموده و اهمیت نسبی جمعیت‌ها (یا افراد) را در حفظ تنوع ژنتیکی پیدا کرد.

به‌عنوان مثال برای نشان دادن اصول دسته‌های هسته، سه جمعیت را در نظر بگیرید که جمعیت‌های ۲ و۳ کاملاً یکسان و مشابه هستند، ولی جمعیت ۱ با جمعیت‌های ۲ و۳ رابطه‌ای ندارد. ماتریس خویشاوندی چنین است:

$$\mathbf{K} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

میانگین خویشاوندی ۰/۵۶$\approx \frac{۵}{۹}$ =$\mathbf{K}$ است (پنج تا عدد یک در بین نُه مؤلفه). حذف جمعیت ۳ از $\mathbf{K}$ به معادله زیرمنتهی می‌شود:

$$\mathbf{K}^* = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

و میانگین خویشاوندی به ٪۵۰= $\frac{۲}{۴}$ کاهش می‌یابد که مبین افزایش در تنوع ژنتیکی است. این امر تخطی از معیار ویتزمن (پی‌نوشت ۴-۵) است: حذف یک جمعیت باید اثر صفر یا منفی بر تنوع کل داشته باشد.

---

[1] Frankel
[2] Brown
[3] Overlap

کاهش در میانگین خویشاوندی، در نتیجه حذف جمعیت ۳ از دسته به این دلیل اتفاق می‌افتد که جمعیت ۳ و ۲ مشابه و یکسان هستند. یک جمعیتی وجود دارد که سهم آن دو برابر میانگین خویشاوندی بوده و عملاً بیش‌ترنمایی[1] دارد. باید با قرار دادن مبنای تنوع بر اساس میانگین خویشاوندی، از این بیش‌ترنمایی اجتناب شود. دسته هسته مخلوطی از جمعیت‌ها است و بنابراین «همپوشانی ژنتیکی» به حداقل رسیده است. همپوشانی ژنتیکی با حذف جمعیت ۳ (یا جمعیت ۲) از بین می‌رود (ادینگ و همکاران، ۲۰۰۲). به همین منوال سهم جمعیت‌های ۲ و ۳ را می‌توان به‌عنوان نیمی از سهم جمعیت ۱ در نظر گرفت.

۳-۳- دسته‌های هسته MVO و MVT

دسته سهم‌های هر جمعیت که میانگین خویشاوندی را در S (یا به عبارت دیگر سهم‌هایشان نسبت به دسته هسته) به حداقل می‌رساند، می‌تواند به شیوه‌های مختلف محاسبه شود.

۱-۳-۳- حداکثر واریانس در نتاج

مستقیم‌ترین براورد، حداکثر واریانس ژنتیکی در نتاج یا دسته هسته MVO است (ادینگ و همکاران، ۲۰۰۲؛ کابالرو[2] و تورو، ۲۰۰۲). در این روش، واریانس ژنتیکی یک صفت کمّی نامشخص در داخل یک جمعیت فرضی متشکل از جمعیت‌ها یا افراد که دسته هسته را می‌سازند، به حداکثر می‌رسد. تنوع بین و داخل، وزن یکسانی می‌گیرند. سهم‌های بهینه شده برای دسته هسته MVO از طریق زیر محاسبه می‌شود:

$$\mathbf{c_{mov}} = \frac{\mathbf{1'K^{-1}}}{\mathbf{1'K^{-1}1}} \qquad \text{(معادله ۲۶-۵)}$$

در این‌جا $\mathbf{1}$ بردار عامل با اندازه مساوی با تعداد جمعیت‌ها، و $\mathbf{K^{-1}}$ معکوس ماتریس خویشاوندی براورد شده است. تنوع ژنتیکی در یک دسته از جمعیت‌ها (S) به‌صورت یک منهای میانگین خویشاوندی در دسته تعریف می‌شود:

$$D_{MVO}(S) = 1 - \bar{f}_S = 1 - \mathbf{c_{mvo}}'\mathbf{K}\mathbf{c_{mvo}} \qquad \text{(معادله ۲۷-۵)}$$

اجزا در $\mathbf{c_{mvo}}$ معادل ۱ است.

---

[1] Over represented
[2] Caballero

ازآن‌جایی‌که فرض بر این است که جمعیت پایه دارای میانگین f معادل صفر است و $D_{MVO}(Founder)=1$، لذا $D_{MVO}(S)$ معادل بخشی از تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه است که در جمعیت‌های S ابقا شده است.

دسته هسته MVO بر جمعیت‌هایی تأکید دارد که خویشاوندی‌های داخل و بین جمعیت کم است. اگرچه حداکثر تنوع حفظ می‌شود، اما این امر به آن معنا است که نژادهای تحت خطر انقراض، بنا به تعریف اندازه جمعیت (مؤثر) کوچکی دارند که این موضوع یک عیب خواهد بود. چنین جمعیت‌هایی به دلیل افزایش رانش ژنتیکی و همخونی و واریانس داخل جمعیت کوچک، سهم کوچکی از تنوع ژنتیکی دارند.

پی‌نوشت ۵-۵- تنوع داخل و بین جمعیت

واریانس ژنتیکی کل یا واریانس ژنی کل (GD_T)، مجموع تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها (GD_B) و داخل جمعیت‌ها (GD_W) است.

$$GD_T=GD_B+GD_W$$

حالت‌هایی از حفظ تنوع که می‌توان تصور کرد، همگی مستلزم تأکید بیش‌تر بر یکی از این موارد هستند. آن‌ها را به شکل معادله می‌توان به‌صورت زیر نوشت:

$$GD_T=GD_B+\lambda GD_W$$

که λ یک عامل تعیین‌کننده اهمیت تنوع ژنتیکی داخل جمعیت نسبت به تنوع بین جمعیت است.

هم MVO و هم MVT دسته‌های هسته حاصل از تئوری‌های ژنتیک کمّی استاندارد هستند، اما تأکید متفاوتی روی مؤلفه‌های بین و داخل جمعیت دارند. در دسته هسته MVO، وزن‌های یکسانی داده می‌شود و یا $\lambda=1$. در دسته هسته MVT به GD_B وزن بیش‌تری داده می‌شود: $\lambda=½$ (تورو و همکاران، ۲۰۰۶).

می‌توان استدلال کرد که تنوع بین جمعیت‌ها اهمیت بیش‌تری دارد؛ زیرا صفات مهم به‌وسیله ژن‌هایی بیان می‌شوند که احتمالاً داخل جمعیت‌ها تثبیت شده‌اند. پیاساتین[1] و کینگ‌هورن[2]

[1] Pyasatian
[2] Kinghorn

(۲۰۰۳) پیشنهاد کردند که روی تنوع بین جمعیت‌ها باید پنج برابر تأکید بیش‌تری شود (λ=۰/۲). تفاوت این وزن‌ها بستگی به تفاوت در سرعت تغییر ژنتیکی در همه جمعیت‌ها یا داخل یک جمعیت مخلوط منفرد دارد. تورو و همکاران (۲۰۰۶) نشان دادند که مقادیر مختلف λ چگونه اولویت‌های حفاظت از جمعیت‌ها را تغییر می‌دهند.

۲-۳-۳- حداکثر کل واریانس

حداکثر کل واریانس یا مجموعه‌ی هسته MTV (بنویتز و میوویسن، ۲۰۰۵) واریانس ژنتیکی داخل یک جمعیت فرضی را حداکثر نمی‌سازد؛ اما واریانس ژنتیکی کل را در داخل و بین جمعیت‌ها به حداکثر می‌رساند. سهم‌های بهینه شده برای دسته هسته MVT به شرح زیر محاسبه می‌شود:

$$\mathbf{c}_{mvt} = \frac{1}{4}\left(\mathbf{K}^{-1}\mathbf{D} - \frac{\mathbf{1}'\mathbf{K}^{-1}\mathbf{D} - 4}{\mathbf{1}'\mathbf{K}^{-1}\mathbf{1}} \cdot \mathbf{K}^{-1}\mathbf{1}\right)$$ (معادله ۳۰-۵)

که $\mathbf{D}=\mathrm{diag}(\mathbf{K})$ یک بردار با اندازه مساوی با تعداد جمعیت‌هایی است که که اجزای قطر **K** هستند. تنوع ژنتیکی در این دسته به‌شرح زیر محاسبه می‌شود:

$$D_{MVT}(S)=1+\mathbf{c}'_{mvt}\mathbf{D}-2\mathbf{c}'_{mvt}\mathbf{K}\mathbf{c}_{mvt}$$ (معادله ۳۱-۵)

همانند قبل، $D_{MVT}(S)$ مقدار کل تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه (اولیه) است. D_{MVT} بر حسب واریانس میانگین صفت بیان می‌شود (نه بر اساس کل واریانس ژنتیکی) و دسته هسته MVT گاهی اوقات براوردهای تنوعی بزرگ‌تر از یک به‌وجود می‌آورد که نشان می‌دهد واریانس در دسته هسته بیش از واریانس موجود در جمعیت پایه (فرضی) است. اینمر ناشی از ارزیابی واریانس در جمعیت‌های جداگانه است. طبق تئوری ژنتیک، کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی بر اثر همخونی داخل یک جمعیت، واریانس ژنتیکی افزایشی بین جمعیت‌ها را دو برابر افزایش می‌دهد:

$$Var(G_{total})=(1-f)Var(G_{within})+2f\,Var(G_{total})$$ (معادله ۳۲-۵)

بنابراین نتایج $D_{MVT}>1$ با تئوری ژنتیکی استاندارد مغایرت ندارد.

دسته هسته MVT تأکید بیش‌تری بر جمعیت‌هایی دارد که دارای خویشاوندی داخل جمعیت بالا و خویشاوندی بین جمعیت پایین هستند. این امر سبب می‌شود جمعیت‌های کوچکی که متمایز از بقیه S.MVT هستند، واریانس کل از جمله واریانس بین جمعیت‌ها را برای صفات

کمّی به حداکثر می‌رساند. سهم‌های بالاتر (از نظر تئوری) به نژادهایی داده می‌شود که فنوتیپ متنوع‌تری دارند. بنابراین واریانس به این ترتیب حداکثر شده و این برای اصلاح‌گران آسان‌تر است که روی یک دسته خاص صفات از دسته هسته MVT تمرکز کنند.

٤- فواصل ژنتیکی، خویشاوندی‌ها و تصمیماتی درباره حفاظت

فواصل ژنتیکی متناسب با زمان صرف شده، اثراتی بر افزایش تنوع ژنتیکی بین دو جمعیت ایجاد می‌کنند، حتی وقتی که تغییری در تنوع ژنتیکی واقعی بر حسب تنوع آللی یا ضریب خویشاوندی‌ها وجود نداشته باشد. میانگین خویشاوندی داخل یک جمعیت می‌تواند به صورت زیر نوشته شود:

$f_i=f_{ij}+\Delta f_i$ (معادله ۳۳-۵)

یعنی میانگین خویشاوندی داخل جمعیت، برابر است با مجموع میانگین خویشاوندی جمعیت پایه f_{xy}و افزایش در خویشاوندی داخل جمعیت از زمان انشقاق (Δf_x).

فاصله کل بین یک جفت جمعیت i و jبه وسیله دو فاصله تعیین می‌شود: فاصله بین هر جمعیت و نزدیک‌ترین جد مشترک i و j(ادینگ و میوویسن، ۲۰۰۱):

$d(i,j)=f_i+f_j-2f_{ij}=(f_i-f_{ij})+(f_j-f_{ij})$ (معادله ۳۴-۵)

$d(i,j)=\Delta f_i+\Delta f_j\approx\Delta F_i+\Delta F_j$ (معادله ۳۵-۵)

فاصله میان i و jبه وسیله افزایش خویشاوندی (یا مقدار همخونی) از نسل پایه i و jتعیین می‌شود. مقدار f_{ij}می‌تواند پس از انشقاق جمعیت بدون تغییر بماند، و افزایش در فاصله بین f_iو f_jمی‌تواند سبب افزایش در f_iو/یا افزایش در f_jشود. این به‌آن معنا است که در این حالت افزایش در فاصله فقط وقتی اتفاق می‌افتد که ضریب همخونی در i و/یا jافزایش یابد. به عبارت دیگر مقدار f_{ij}پس از انشقاق جمعیت ثابت باقی می‌ماند، و افزایش در فاصله با کاهش تنوع ژنتیکی(داخل جمعیت) همراه است.

اگر خویشاوندی‌های داخل جمعیت یکسان باشد، فاصله ژنتیکی بزرگ‌تر فقط با تنوع بیش‌تر مرتبط است. اگر خویشاوندی‌های داخل جمعیت تغییر کند، فاصله بزرگ‌تر منجر به تنوع کم‌تر می‌شود. این موضوع در مثال زیر نشان داده شده است: فرض کنید درختی فیلوژنتیکی شکل ۲-۵ وجود داشته باشد. در این شکل، امتیازات شباهت داخل و بین نژادها داده شده

است. فواصل ژنتیکی نی بین (A,C) (A,B) و (B,C) در جدول ارایه شده است. میانگین ضرایب خویشاوندی که از طریق شباهت‌ها محاسبه شده نیز ارایه شده است.

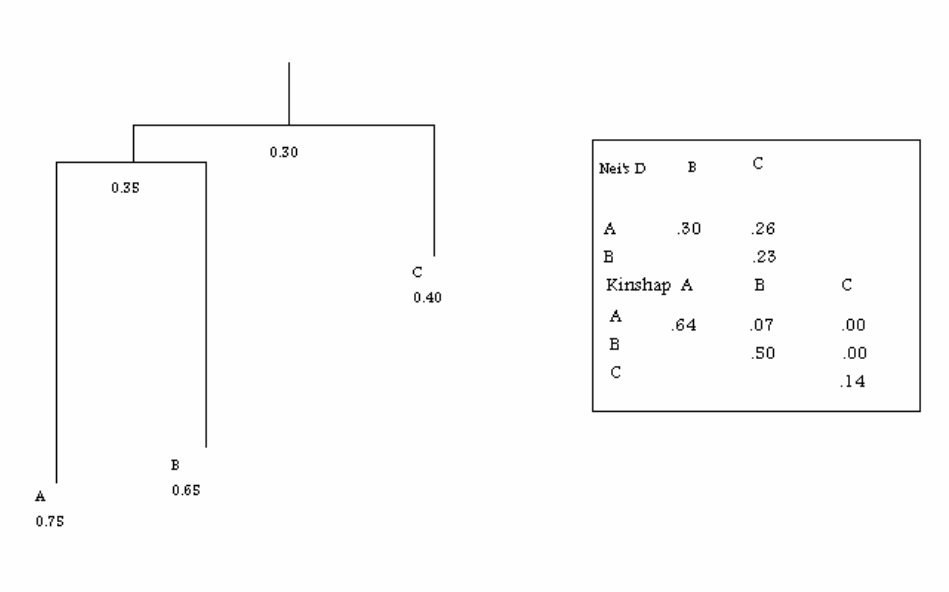
اگر قرار باشد بر پایه این فواصل، دو جمعیت برای حفاظت انتخاب شوند، انتخاب باید جفت (A,B) باشد؛ زیرا بیش‌ترین فاصله بین آن‌ها را دارند و به نظر می‌رسد دورتر از بقیه هستند. اما وقتی جفت (A,C) یا (B,C) برای حفظ و نگهداری به‌جای (A,B) انتخاب شوند، هم خویشاوندی داخل و هم خویشاوندی بین جمعیت کوچک‌تر خواهد بود (و در نتیجه تنوع حفظ شده بیش‌تر خواهد بود).

به‌کارگیری روش ویتزمن باعث انتخاب برای جمعیت‌های A و B با C به‌عنوان عنصر اتصال در ساختار درختی تنوع می‌شود. این امر نشان می‌دهد که فقدان جمعیت C پیامدهای کم‌تری برای حفاظت از تنوع ژنتیکی نسبت به هر مؤلفه دیگری دارد. واضح است که فقدان جمعیت C در این نمونه، می‌تواند بالاترین فقدان تنوع را ایجاد کند.

رابطه میان خویشاوندی و فواصل ژنتیکی که در بالا و نیز در سایر قسمت‌های این فصل دیده شد، منجر به تفاوت اساسی بین تنوع ویتزمن (که بر اساس فواصل ژنتیکی است) و تنوع دسته هسته (که بر اساس ضرایب خویشاوندی است) می‌شود. طبق معیار چهارم ویتزمن، تنوع باید با افزایش فواصل ژنتیکی زیاد شود. از طرف دیگر خویشاوندی بر اساس تنوع هسته زمانی که فراوانی آلل‌ها بسیار زیاد باشد (یا به عبارت دیگر همخونی در جمعیت بالا باشد) کاهش می‌یابد. مطلوب بودن جمعیت با فراوانی‌هاب آللی فوق‌العاده زیاد نشان می‌دهد که جمعیت‌های هموزیگوت ارزش بالایی دارند. در خویشاوندی مبتنی بر تنوع، هموزیگوت بودن ارزش زیادی ندارد. اما واریانس ژنتیکی در یک جمعیت دارای آمیزش تصادفی ارزشمند است. برنامه‌های حفظ و نگهداری که خویشاوندی مبتنی بر تنوع را به حداکثر می‌رسانند، تغییر در فراوانی‌های آللی جمعیت پایه را حداقل کرده و بنابراین فقدان آلل‌ها را هم به حداقل می‌رسانند.

شوالت[1] و همکاران (۲۰۰۶) مطالعه شبیه‌سازی برای مقایسه توانایی حفظ آلل‌ها و هتروزیگوسیتی به‌وسیله روش‌های تنوع ویتزمن و تنوع دسته هسته، در چند حالت انجام داد. آن‌ها نتیجه گرفتند که روش دسته هسته از اعتبار زیادتری نسبت به روش تنوع ویتزمن برخوردار است؛ زیرا روش تنوع ویتزمن بر اساس فواصل ژنتیکی است.

[1] Chevalet



شکل ۲-۵ مثالی از درخت فیلوژنتیکی بین نژادهای A، B و C و فواصل ژنتیکی محاسبه شده نی و میانگین ضرایب خویشاوندی

پی‌نوشت ٦-٥- نمونه‌ای از دسته‌های هسته MOV و MVT

برای بررسی اختلاف میان MVO و MVT، نتایج جمعیت‌های گاو هلند ارایه شده است. طرحی از ماتریس خویشاوندی این دسته کوچک در جدول ۱-۵ نشان داده شده است. ماتریس خویشاوندی با استفاده از مدل خطی- لگاریتمی وزن داده شده و روش خودراه‌اندازی برای همه جایگاه‌های ژنی و افراد براورد شده است.

نژاد	MVO	MVT
لیموزین	۰/۳۰۴	۰/۱۶۹
هلشتاین فریزن	۰/۲۲۹	۲۰۹
Dutch Red Pied	۰/۱۱۵	۰/۰۲۸
فریزن هلندی	۰/۰۸۶	۰/۰۰۴
Heck	۰/۰۷۲	۰/۲۶۷
Galloway	۰/۰۵۱	۰/۱۳۹
Improved Red Pied	۰/۰۴۹	۰/۱۳۳
Blonde d'Aquitaine	۰/۰۳۹	۰/۰
Belgian Blue	۰/۰۳۲	۰/۰۰۲
Dutch Black Belted	۰/۰۲۱	۰/۰۴۹

تفاوت عمده در این دو مورد، اختلاف ارزش جمعیت نژاد Heck است. جمعیت نژاد Heck در هلند از تعداد محدودی حیوان والد آغاز شد. حیوانات موجود در داخل جمعیت رابطه خویشاوندی زیادی داشتند. با این وجود سوابق ژنتیکی این نژاد (اغلب نژادهای شرق و جنوب اروپا؛ فلیوس[1]، ۱۹۹۵)، بیان‌گر میانگین خویشاوندی کم بین این جمعیت و سایر جمعیت‌ها است. طبق روش MVO جمعیت نژاد Heck دارای اولویت متوسط است و به عنوان همخون‌تر از سایر جمعیت‌ها محسوب می‌شود. از سویی دیگر روش MVT ارزش زیادی برای نژاد Heck قایل بوده و آن را از بقیه جمعیت متمایز می‌کند.

[1] Felius

۵- نتیجه‌گیری و ملاحظات

طی سال‌های اخیر مباحث ارزیابی تنوع ژنتیکی با توسعه چشمگیری مواجه شده است. تعریف معیار ویتزمن گام مهمی در این مسیر به شمار می‌آید. این امر چهارچوبی برای بررسی مناسب‌تر تنوع ژنتیکی فراهم نموده است. هم‌چنین روش‌های مبتنی بر فواصل ژنتیکی (روش ویتزمن) و روش‌های مبتنی بر هم‌تباری (روش‌های دسته هسته) بنا شده است؛ لیکن لازم است این معیارها با اتخاذ روابط مناسب مورد استفاده قرار گیرند (پی‌نوشت ۴-۵).

اگرچه فواصل ژنتیکی از مدتها قبل در مطالعات تنوع استفاده می‌شود، لیکن کاربرد آن محدود به بررسی تنوع ژنتیکی محدود است. همیشه فرض بر این است که وجود یک فاصله بزرگ مترادف است با تنوع زیاد؛ اما این موضوع فقط وقتی صادق است که تنوع ژنتیکی داخل جمعیت در گذر زمان ثابت باقی بماند. اما تنوع ژنتیکی داخل جمعیت با گذشت زمان کاهش می‌یابد که البته بستگی به اندازه جمعیت مؤثر دارد. این فرایند برای فواصل ژنتیکی دلالت نمی‌کند؛ زیرا آن‌ها فقط بین جمعیت‌ها بیان می‌شوند. هم‌چنین تنوع داخل جمعیت در فواصل ژنتیکی محو می‌شود، اما در تعیین اندازه و مقیاس فاصله بین نژادها نقش مهمی دارد (پی‌نوشت ۳-۵). این امر گاهی برای توجیه نتایج حاصل از محاسبات تنوع ویتزمن کاربرد دارد. اگرچه این مقیاس متفاوت از مقیاس فاصله ژنتیکی است، اما همه آن‌ها رابطه تنگاتنگی با خویشاوندی و همخونی دارند. هیچ کدام از آن‌ها رابطه مستقیمی با تئوری ژنتیک (جمعیت) ندارند. از این رو روش‌های مبتنی بر خویشاوندی برای بررسی تنوع ژنتیکی نظیر روش هسته ارجح هستند.

انتخاب استفاده از روش‌های دسته هسته MVT و MVO بستگی به موقعیت و هدف کار دارد. MVO نژادها را به صورت جمعیت‌های فرعی جمعیت پایه در نظر می‌گیرد و واریانس ژنتیکی جمعیت پایه‌ای را که در حال حاضر زنده باقی مانده است براورد می‌کند. این روش براوردی خنثی از واریانس ژنتیکی است. ولی فرض بر این است که همه نژادهای موجود در دسته برای بازیابی و احیای جمعیت پایه، با استفاده از تلاقی بین تمام نژادهای دسته با توجه به سهم هر کدام در دسته هسته مورد استفاده قرار می‌گیرند. این ایده خیلی متضمن علاقه افراد به حفظ نژادی خاص یا واریانس بین نژادها نیست. در این حالت، دسته هسته MVT می‌تواند یک گزینه منطقی باشد. برای داخل جمعیت‌هایی که سهم هر حیوان مشخص است، گروه‌های

خانوادگی یا لاین‌های فرعی، ویژگی حفظ واریانس جمعیت پایه توسط روش دسته هسته MVO می‌تواند برای حفظ تنوع ژنتیکی استفاده شود (فصل ۲).

یکی از نتایج استفاده از براوردهای خویشاوندی و تنوع دسته هسته، آگاهی درباره نژادهای نادر و کمیابی است که لزوماً سهم زیادی در تنوع ژنتیکی کل یک گونه ندارند. بنا به تعریف، یک نژاد نادر اندازه جمعیت (مؤثر) کوچکی و تنوع داخل نژاد نسبتاً کمی دارد. به‌علاوه اگر چنین نژاد نادر و کمیابی، با نژادهای دیگری که بزرگ‌تر بوده و بیش‌تر مورد استفاده قرار می‌گیرند خویشاوند باشد، سهم آن در واریانس ژنتیکی گونه (نزدیک به) صفر خواهد بود. بر اساس این سهم‌ها در یک دسته هسته، نژادهای بزرگ و اقتصادی اولویت خواهند داشت؛ درحالی‌که نیاز چندانی به فعالیت‌های حفظ و نگهداری ندارند. این امر تأکید می‌کند که سهم‌های دسته هسته، پاسخ صریح و قطعی به این مسأله نمی‌دهد. معیارها و روش‌های مختلفی برای استفاده از براوردهای تنوع ژنتیکی در اولویت‌بندی نژادها یا افراد جهت حفظ و نگهداری وجود دارد. این مباحث به فصل بعد موکول می‌شوند. البته همیشه باید به خاطر سپرد که (سهم در) تنوع ژنتیکی، یکی از بحث‌های اصلی میان صاحب‌نظران برای حفظ یا عدم حفظ یک نژاد است.

منابع

Bennewitz, J., and T.H.E. Meuwissen, 2005. A novel method for the estimation of the relative importance of breeds in order to conserve the total genetic variance. Genetics Selection Evolution 37: 315-337.

Bretting, P.K., and M.P. Widerlechner, 1995. Genetic markers and horticultUral germplasm management. HortScience 30: 1349-1356.

Caballero, A., and M. A. Toro, 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. Conservation Generics 3: 289-299.

Chevalet, C., N. Nikolic and M. SanCristobal, 2006. Effects of genetic drift and mutations on some measures of genetic diversity in livestock populations. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication No. 33-07.

Eding, H., and T.H.E. Meuwissen, 2001. Marker based estimates of between and within population kinships for the conservation of genetic diversity. Journal of Animal Breeding and Genetics 118: 141-159.

Eding, H., and T.H.E. Meuwissen, 2003. Linear methods to estimate kinships from genetic marker data for the construction of core sets in genetic conservation schemes. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 289-302.

Eding, H., R.P.M.A. Crooijmans, M.A.M. Groenen and T.H.E. Meuwissen, 2002. Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. Genetics Selection Evolution 34: 613-633.

Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay, 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th edition, Longman, Harlow, Essex, UK.

FAO, 1998., Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome, Italy.

Felius, M., 1995. Cattle breeds of the world. Misset Uitgeverij bv, Doetinchem, The Netherlands.

Felsenstein, J., 1996. PHYLIP, (Phylogeny Inference Package) Version 3.5c, University of Washington, http:\\evaluation.genetics.washington.edu/phylip.html

Frankel, O.H., and A.H.D. Brown, 1984. Plant genetic resources today: a critical appraisal, Crop genetic resources: conservation and evaluation. George Allen & Unwin; London; United Kingdom.

Garcia, D., N. Corral and J. Canon, 2005. Combining inter- and intrapopulation information with the Weitzman approach to diversity conservation. Journal of Heredity 96: 704-712.

Gilligan, D.M., D.A. Briscoe and R. Frankham, 2005. Comparative losses of quantitative and molecular genetic *melanogaster*. Genetical Research 85: 47-55.

Katz, M., 1986. Etude des proprietes de certains indices de distance genetique et de leurs estimateurs. Doctoral thesis, Universite Paris VU, Paris, France.

Li, C.C., D.E. Weeks and A. Chakravarti, 1993. Similarity of DNA fingerprints due to chance and relatedness. Human Heredity 43: 45-52.

Lynch, M., 1988. Estimation of relatedness by DNA fingerprinting. Molecular Biology and Evolution 5: 584599.

Lynch, M., and K. Ritland, 1999. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. Genetics 152: 1753-1766.

Malecot, G., 1948. Les Mathematiques de I'Heredite. Masson, Paris.

Mateus, J.C., H. Eding, M.C.T. Penedo and M.T. Rangel-Figueiredo, 2004. Contributions of Portuguese cattle breeds to genetic diversity using marker-estimated kinships. Animal Genetics 35: 305-313.

Nagylaki, T., 1998. Fixation indices in subdivided populations. Genetics 148: 1325-1332.

Nei, M., 1973. The theory and estimation of genetic distance. Genetic Structure of populations, N.E. Morton University Press of Hawaii.

Nei, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press. New York.

Nei, M., F. Tajima and Y. Tateno, 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data 11. Gene frequency data. Journal of Molecular Evolution 19: 153-170.

Oliehoek, P.A., J. Windig, J.A.M. van Arendonk and P. Bijma, 2006. Estimating relatedness between individuals in general populations with a focus on their use in conservation programs. Genetics 173: 483-496.

Pyasatian, N., and R.P. Kinghorn, 2003. Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservation programmes. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 137-149.

Reist-Marti, S.B., H. Simianer, J. Gibson, O. Hanotte and J.E.O. Rege, 2003. Weitzman's appraoch and conservation of breed diversity: an application to African cattle breeds. Conservation Biology 17: 1299-1311.

Reynolds, J., 1983. Estimation of the coancestry coefficient basis for a short-term genetic distance. Genetics 105: 767-779.

Robertson. A. and W.G. Hill, 1984. Deviation from Hardy-Weinberg proportions: Sampling variance and usein estimation of inbreeding coefficients. Genetics 107: 703-718.

Rogers, J., 1972. Measure of genetic similarities and genetic distances. Studies in genetic VII, University of Texas Pub.

Ruane, J., 1999. A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. Journal of Animal Breeding and Genetics 116: 317-323.

Scherf, B.D., 2000. World Watch List for domestic animals. 3rd edition. FAO,

Rome. Italy.

Takezaki, N., and M. Nei. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genetics 144: 389-399.

Thaon d'Arnoldi, C., J.-L. Foulley and L. Ollivier, 1998. An overview of the Weitzman approach to diversity, Genetics Selection Evolution 30: 149-161.

Toro, M.A.C., Barragan and C. Ovilo. 2003. Estimation of genetic variability of the founder population in a conservation scheme using microsatellites. Animal Genetics 34: 226-228.

Toro, M.A., C. Barragan. C. Ovilo. J. Rodriganez. C. Rodriguez and L. Si1i6, 2002. Estimation of coancestry in Iberian pigs using molecular markers. Conservation Genetics 3: 309-320.

Toro, M.A., J. Fernandez, and A. Caballero. 2006. Scientific policies in conservation of farm animal genetic resources. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication No. 33-05.

Wang, J.L., 2002. An estimator for pairwise relatedness using molecular markers. Genetics 160: 1203-1215.

Weir, B.S., 1990. Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland Massachusetts.

Weir, B.S. and C.C. Cockerham, 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution 38: 1358-1370.

Weitzman, M.L., 1992. On diversity. The Quarterly Journal of Economics 107: 363-405.

Wright, S., 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2: The Theory of Gene Frequencies. University of Chicago. Chicago. USA.

فصل ششم: انتخاب نژادها برای حفظ ذخایر ژنتیکی

جورن بنویتز[1]، هروین ادینگ[2]، جان روآن[3] و هنر سیمینائر[4]

[1]مؤسسه پرورش و اصلاح دام، دانشگاه کریستین آلبرشت کیل، آلمان

[2]مرکز تحقیقات کشاورزی فدرال، مؤسسه اصلاح دام، آلمان

[3]مشاور مستقل، رم، ایتالیا

[4]مؤسسه ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه گیورک-آگوست گوتینگن، آلمان

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:

هدف از فعالیت‌های حفظ نژادها چیست؟

ذخایر ژنتیکی چه گونه‌هایی باید حفظ شود؟

آیا سازوکار خطر[5] برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

آیا سازوکار حداکثر تنوع[6] برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

آیا سازوکار حداکثر استفاده[7] برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

جنبه‌های عملی انتخاب نژادها برای حفظ ذخایر ژنتیکی آن‌ها چیست؟

خلاصه

فصل حاضر اهداف و سازوکارهای مناسب را برای انتخاب نژادها جهت حفظ ژنتیکی آن‌ها مطرح می‌کند. برای انتخاب نژادها لازم است تعریف دقیقی از اهداف حفظ نژاد داشته باشیم. در این فصل سه سازوکار مهم انتخاب، مورد بحث و بررسی قرار می‌گیرد. کاربردی‌ترین سازوکار، سازوکار حداکثر خطر است، که در آن عموماً میزان در معرض خطر بودن یک نژاد

---

[1] Jorn Bennewits; Institute of Animal Breeding and Husbandry, Chrisian- Albercbts-University of Kiel, 24098 Kiel, Germany

[2] Herwin Eding; Federal Agricultural research Center, Institute for Animal Breeding, Holtystrabe 10, 31535 Neustadt, Germany

[3] John Ruane; Idepndent consultant, 49 Via F. Dall'Ongaro, 00152 Rome, Italy

[4] Henner Simianer; Institute of Animal Breeding and Genetics, Georg-August-University Gottingen, 37075 Gottingen, Germany

[5] Risk Strategy

[6] Maximum- Diversity- Strategy

[7] Maximum- Utility- Strategy

به عنوان تنها معیار انتخاب در نظر گرفته می‌شود. این روش به دلیل عدم پیگیری یک هدف مشخص، روش مناسبی به شمار نمی‌رود. سازوکار حداکثر تنوع، زمانی کارایی دارد که هدف آن حفظ انعطاف‌پذیری تنوع ژنتیکی حفاظت شده در آینده باشد. هدف جامع‌تر این است که تنوع ژنتیکی حفظ شده، بتواند قابل استفاده هم باشد (به‌طور مثال ارزش‌های فرهنگی نژاد را ارایه کند). در این حالت سازوکار حداکثر سودمندی که شکل توسعه یافته سازوکار حداکثر تنوع است، می‌تواند استفاده شود. این فصل با بررسی برخی جنبه‌های عملی که باید هنگام انتخاب نژادها برای حفظ آن‌ها مورد توجه قرار گیرد خاتمه می‌یابد.

۱- مقدمه

در سطح جهان حدود ۷۶۰۰ نژاد از ۳۵ گونه پستاندار و پرنده اهلی وجود دارد. حدود سی درصد از این نژادها یا در معرض خطر یا در حال انقراض هستند (اسچرف[1] و همکاران، ۲۰۰۶). به علاوه وضعیت طبقه‌بندی ۳۵ درصد نژادها نیز مشخص نیست. اما فرض بر این است که بخش قابل توجهی از آن‌ها هم در معرض خطر قرار دارند. فرایند انقراض نژادها در گونه‌های مختلف متفاوت است (فصل ۱). فرایند انقراض در گونه‌های حیوانات اهلی هم شبیه گونه‌های دیگر نیست. از طرفی دیگر به دلیل محدودیت منابع مالی خصوصی و دولتی برای حفظ تنوع زیستی حیوانات اهلی، حفظ همه نژادهای در معرض خطر امکان‌پذیر نیست. البته حفظ همه نژادهای در معرض خطر امکان‌پذیر نبوده و لازم هم نیست. بسیاری از نژادها جز گروه‌های دیگری از نژادها هستند که می‌توان نژادهای دیگری را بدون کاهش تنوع زیستی جایگزین آن‌ها کرد. برخی نژادهای شدیداً در معرض خطر هم که تعداد اندکی از حیوانات آن‌ها باقی مانده‌اند، ممکن است از لحاظ ژنتیکی آن قدر تحلیل رفته باشند که حفظ آن‌ها نقشی در تنوع زیستی نداشته باشد (روآن[2]، ۲۰۰۰). انتخاب نژادهایی که در برنامه‌های حفاظتی سهیم هستند به‌طور اساسی مهم است. در ادامه چندین سازوکار انتخاب نژادها برای برنامه‌های حفاظت ژنتیکی و هم‌چنین اهداف آن‌ها مورد بررسی قرار می‌گیرد.

[1] Scherf
[2] Ruane

۲- فعالیت‌های حفاظتی چه اهدافی را دنبال می‌کنند؟

دلایل لزوم حفظ تنوع ژنتیکی و زیستی حیوانات اهلی، به‌طور کامل در فصل ۲ بیان شده است. این دیدگاه‌ها عمدتاً شامل دو دیدگاه لزوم حفظ و بقای ذخایر زیستی و لزوم استفاده از این ذخایر بودند. دیدگاهی که بر لزوم بقا و بیمه این ذخایر زیستی اعتقاد دارد، می‌گوید حفظ این تنوع ژنتیکی باعث می‌شود بتوانیم در آینده از عهده مواجهه با تغییرات اجتناب‌ناپذیر تولید و بازار برآییم. این موضوع شامل حفظ نژادهایی می‌شود که بعضی صفات خاص مد نظر محققان را دارند (مثال‌های پی‌نوشت ۱-۶). بنابراین به نظر می‌رسد حداقل یکی از نژادهایی که صفت مورد نظر را دارد باید حفظ شود. هم‌چنین سایر نژادهایی که در تنوع ژنتیکی آن گونه حیوانی سهیم هستند نیز باید حفظ شوند. هدف دیدگاه بقا و بیمه نژادها، حفظ تنوع درون گونه‌ها است.

سازگاری خاص یک نژاد با محیطی که گاه خیلی خشن و نامساعد است، مورد توجه دیدگاه دوم یعنی لزوم استفاده از این ذخایر است. این سازگاری خاص، در نتیجه انتخاب طبیعی یا مصنوعی و آمیزش‌های هدفمند حیوانات با توجه به هدف اصلاح نژادی مورد نظر است. در این‌جا هدف متخصصان اصلاح دام، ایجاد نژادی مقاوم در برابر چالش‌های خاص محیطی است (مثال‌های پی‌نوشت ۱-۶). برخی نژادها تاریخچه‌ای طولانی همگام با تکامل فرهنگی جوامع بشری دارند. بنابراین همانند سایر ارزش‌های تاریخی مثل بناهای باستانی و کارهای هنری، آن‌ها هم باید به عنوان سرمایه‌های فرهنگی و تاریخی درنظر گرفته شده و حفظ شوند. بنابراین حفظ این نژادهای خاص در حالت کنونی آن‌ها لازم و ضروری است.

تعریف دقیق اهداف حفظ ذخایر ژنتیکی برای انتخاب نژادها در برنامه‌های حفظ ذخایر ژنتیکی از اهمیت زیادی برخوردار است. اگر هدف فعالیت‌های حفظ ذخایر ژنتیکی، فقط حفظ تنوع ژنتیکی خنثی تا حد ممکن باشد، در این صورت فقط نژادهایی که بیش‌ترین سهم را در تنوع دارند انتخاب می‌شوند و حفظ این ذخایر ژنتیکی در خارج از محل طبیعی زندگی[1] آن‌ها کافی است. اما اگر اهداف دیگری مثل استفاده از این نژادها در مناطق روستایی هم مد نظر باشد، نژادهایی برای برنامه‌های حفظ تنوع زیستی استفاده می‌شوند که معیارهای جانبی دیگری را نیز داشته باشند. در این حالت روش حفاظت از نژادها در محل طبیعی زندگی[2] مناسب‌تر است (فصل ۲).

---

[1] *Ex situ*
[2] *In situ*

پی‌نوشت ۱-٦- چند مثال از نژادهایی که به خوبی سازش یافته‌اند و نژادهایی که صفات منحصر به فردی دارند

- سازگاری گاوهای نژاد کوری[1] به محیط جزیره‌ای و سواحل دریاچه چاد یکی از نمونه‌های روشن سازگاری با محیط‌های خاص است (تاواه[2] و همکاران، ۱۹۹۷).
- گوسفند نژاد فرال سوای[3] به شرایط بسیار دشوار مجمع‌الجزایر کیلدا[4] در سواحل اسکاتلند سازگار بوده و به نظر می‌رسد که از دوره زمین‌شناسی نوسنگی[5] در آن‌جا زندگی می‌کند (هال[6] و برادلی[7]، ۱۹۹۵).
- خوک نژاد میشان بسیار بارور است. لذا این نژاد به منظور استفاده در گله‌های تجاری از چین به اروپا و آمریکای شمالی منتقل شد. هم‌چنین این نژاد در پژوهش‌های زیادی برای درک ساختار ژنتیکی باروری و سایر صفات آن مورد استفاده قرار گرفته است (جنز[8] و همکاران، ۱۹۹۷).
- مطالعه ساختار عضلانی گاوهای نژاد آبی- سفید رنگ بلژیکی باعث افزایش درک ما از سازوکار ژنتیکی رشد و نمو عضلات در پستانداران شده است (گروبت[9] و همکاران، ۱۹۹۷).
- گوسفند نژاد رونالدسی شمالی[10] در نوع خود منحصر به فرد است. این گوسفندان در قسمت اعظمی از سال فقط از دانه علف‌های هرز تغذیه می‌کنند و هم‌چنین دارای توانایی جذب بسیار مؤثر مس و تحمل زیاد به نمک هستند (پونزونی[11]، ۱۹۹۷).
- گوسفند وحشی و نایاب نژاد ساحل خلیج[1] دارای مقاومت طبیعی فوق‌العاده زیادی در برابر انگل‌های داخلی هستند. گله‌های این نژاد در دانشگاه‌های فلوریدا و لوئیزانا مورد مطالعه و تحقیق قرار دارند (هنسون[2]، ۱۹۹۰).

[1] Kuri
[2] Tawah
[3] Feral Soay
[4] Kilda
[5] Neolithic
[6] Hall
[7] Bradley
[8] Janss
[9] Grobet
[10] North Ronaldsay
[11] Ponzoni

- ثابت شده است که نژادهای زیاد دیگری هم دارای مقاومت طبیعی به برخی بیماری‌های خاص هستند. به‌طور مثال گاو نژاد انداما در محیط‌های دارای مگس تسه‌تسه زندگی می‌کنند و به تریپانوزومیاسیس (مشابه بیماری خواب‌آلودگی در انسان که توسط مگس تسه‌تسه ایجاد می‌شود) مقاوم است. این گاو در بسیاری از تحقیقات مورد استفاده قرار گرفته است (فائو[3]، ۱۹۹۲).

چند مثال از نژادهایی که به خوبی سازش یافته‌اند و نژادهایی که صفات منحصر به فردی دارند و از طرف کشورهای خود به فائو گزارش شده‌اند

- در جمعیت گوسفند ایسلندی، لاینی با خصوصیات رهبری وجود دارد. این گوسفند می‌تواند راه خود را پیدا کند و هوش بیشتری نسبت به سایر لاین‌های گوسفند دارد. آمیخته‌گری سایر لاین‌ها با این لاین باعث انتقال خصوصیات رهبری این نژاد به نتاج می‌شود (وزارت کشاورزی ایسلند[4]، ۲۰۰۳).
- در زامبیا گاوهای نژاد آنگونی[5]، باروتس[6]، بایلا[7] و تونگا[8] به خوبی با شرایط گرمسیری منطقه سازش یافته و دارای قدرت تحمل زیادی در برابر گرما، بیماری، و انگل‌ها هستند (مرکز منطقه‌ای توسعه ژنتیک حیوانات اهلی زامبیا[9]، ۲۰۰۳).
- در جمهوری قزاقستان، گوسفند نژاد پشمی قزاق[10] از نظر کیفیت و کمّیت پشم معروف است (وزارت کشاورزی جمهوری قزاقستان[11]، ۲۰۰۳).
- در جمهوری کره مرغ نژاد یئونسان اُگُل[12] دارای رنگ بدن، عضلات، استخوان‌ها و اندام‌های گوارشی سیاه رنگ است. این نژاد چند صد سال است پرورش یافته و کاربرد پزشکی دارد (جمهوری کره[13]، ۲۰۰۴).

---

[1] Gulf Coast
[2] Henson
[3] FAO
[4] Icelandic Ministry of Agriculture
[5] Angoni
[6] Barotse
[7] Baila
[8] Tonga
[9] Farm Animal Genetic Regional Focal Point of Zambia
[10] Kazakh Fine-Flees Sheep Breed
[11] Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan
[12] Yeonsan Ogol
[13] Republic of Korea

۳- کدام گونه‌ها در برنامه‌های حفظ تنوع ژنتیکی مورد توجه هستند؟

گونه‌های مختلف حیوانات اهلی شده نقش‌های مختلفی را از قبیل تهیه غذا (گوشت، شیر و تخم مرغ)، الیاف، چرم، حمل‌ونقل و محصولات جانبی دیگر مثل کود و سوخت در زندگی انسان دارند. برخی گونه‌ها نسبت به سایرین از اهمیت بیش‌تری برخوردارند. به عنوان مثال تقریباً همه شیر دنیا از گاو و گاو میش، و بیش‌تر گوشت مصرفی جهان از مرغ، گاو و نظایر آن تأمین می‌شود. بنابراین گونه‌های فوق نسبت به سگ و گربه از اهمیت بیش‌تری برخوردارند.

دو سازوکار شبیه به هم برای انتخاب نژادها در بین گونه‌ها وجود دارد. در سازوکار اول، مقدار مشخصی منابع مالی برای هر گونه تخصیص داده می‌شود. این سازوکار باعث می‌شود تعداد زیادی برنامه کم هزینه برای حفظ گونه‌هایی مثل طیور و خرگوش برقرار شود. در سازوکار دوم، تعداد مساوی نژادها در هر گونه در نظر گرفته می شود. در این سازوکار بخش زیادی از منابع مالی برای گونه‌های پرهزینه‌ای چون گاو و اسب صرف می‌شود. این دو سازوکار به دلیل عدم توجه به اهمیت نسبی گونه‌ها، چندان متقاعد کننده نیستند.

اولویت‌بندی گونه‌ها باید با توجه به هدف مورد نظر در طرح‌های حفظ تنوع ژنتیکی رعایت شود. اگر طرح حفظ تنوع ژنتیکی با توجه به اعتقادات فرهنگی برنامه‌ریزی شده باشد، در آن طرح حفاظت از حیوانات خانگی هم وجود داشته و نژادهایی از این گونه‌ها نیز انتخاب خواهند شد. اگر هدف از طرح حفظ تنوع ژنتیکی، فقط انتخاب حیوانات اهلی و اقتصادی باشد، در این صورت حیوانات خانگی از برنامه حذف خواهند شد. در این حالت، گونه‌هایی مهم اقتصادی که دارای نژادهای در معرض خطر هستند، باید بیش‌ترین حمایت را دریافت کنند.

٤- آیا سازوکار خطر برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

امروزه اغلب قوانین وضع شده از طرف صاحبان منابع مالی برای انتخاب نژادها جهت حفظ تنوع زیستی، بر پایه یک یا چند معیار ساده است که البته به وضعیت خطر انقراض آن نژادها مربوط می‌شود. وضعیت خطر معمولاً با توجه به عواملی مثل تعداد نرها و ماده‌های آماده جفت‌گیری، میزان همخونی[1] (از روی اندازه جمعیت مؤثر محاسبه می‌شود، فصل ۳) و پویایی جمعیت[2] (مثلاً افزایش یا کاهش اندازه جمعیت) تعیین می‌شود. چنین طرح‌هایی مراحل

[1] Inbreeding rate
[2] Population dynamic

مختلف دارند. وقتی فراسنجه‌های بیان‌گر خطر، به آستانه مشخصی رسیدند، نژادها در وضعیت «مراقبت» قرار می‌گیرند و اگر این معیارها از حد آستانه عبور کنند، فعالیت‌هایی که از قبل مشخص شده‌اند شروع خواهد شد. در جداول ۱-۶ و ۲-۶ به‌ترتیب معیارهای خطری که توسط فائو (اسچرف، ۲۰۰۰) و انجمن تولیدات دامی اروپا (EAAP، ۱۹۹۸) تعریف شده‌اند نشان داده شده است. هم‌چنین چهارچوب کلی دیگری برای یکنواخت کردن معیارهای خطر بین همه مؤسسات توسط گاندینی[1] و همکاران (۲۰۰۵) پیشنهاد شده است.

جدول ۱-٦ طبقه‌بندی خطر بر اساس نظر فائو (اسچرف، ۲۰۰۰)

وضعیت خطر	تعداد ماده‌ها	تعداد نرها	تعداد کل حیوانات آماده آمیزش	معیارهای جانبی
منقرض شده	۰	۰		بازسازی نژاد غیر ممکن است
بحرانی	کم‌تر از ۱۰۰	کم‌تر از ۵ نر	کم‌تر از ۱۲۰ حیوان و در حال کاهش، کم‌تر از ۸۰ درصد کل نژاد	
بحرانی- حفظ شده				بحرانی+ برنامه‌های حفظ یا اصلاح نژاد تجاری
در معرض خطر	کم‌تر از ۱۰۰۰	کم‌تر از ۲۰ نر	بین ۸۰ تا ۱۰۰ حیوان و در حال افزایش، بیش از ۸۰ درصد کل نژاد **یا** بین ۱۰۰۰ تا ۱۲۰۰ حیوان و در حال کاهش، کم‌تر از ۸۰ درصد کل نژاد	
در معرض خطر- حفظ شده				در معرض خطر + برنامه‌های حفظ یا اصلاح نژاد تجاری
فاقد خطر	بیش‌تر از ۱۰۰۰	بیش‌تر از ۲۰ نر	بیش‌تر از ۱۲۰۰ حیوان و در حال افزایش	معیارهای سایر وضعیت‌ها در این‌جا دیده نمی‌شود

[1] Gandini

اگرچه سازوکارهای تعیین سطح خطر ساده و پارامتریک هستند، اما این سازوکارها فاقد معیارهای منطقی و کم هزینه برای اتخاذ تصمیمات درست از منظر سیستماتیک هستند. محدودیت اصلی این است که هدف برخی سازوکارهای حفاظتی به خوبی تعریف نشده است. در این موارد هدف ضمنی (اهدافی که به خوبی تعریف نشده‌اند) حفظ همه نژادهای موجود است. در این موارد ارزش خاص هر نژاد (دیدگاه لزوم حفظ و بقای ذخایر زیستی) یا سهم آن‌ها در ایجاد تنوع ژنتیکی (دیدگاه لزوم استفاده از این ذخایر ژنتیکی) به‌طور مستقیم در نظر گرفته نمی‌شود. بنابراین سازوکار تعیین سطح خطر، خود در انتخاب نژادها برای حفاظت از آن‌ها، کارایی زیادی ندارد.

جدول ۲-٦ گروه‌های خطر بر اساس میزان همخونی (ΔF) استفاده شده توسط EAAP (۱۹۹۸)

سطح خطر	ΔF در طول پنجاه سال
به‌طور بحرانی در معرض خطر	بیش از ۴۰ درصد
قرار داشتن در معرض خطر	۴۰-۲۶ درصد
احتمال متوسط قرار داشتن در معرض خطر	۲۵-۱۶ درصد
امکان قرار داشتن در معرض خطر	۱۵-۵ درصد
عدم قرار داشتن در معرض خطر	کم‌تر از ۵ درصد

روآن[1] (۲۰۰۰) چهارچوبی را برای اولویت‌بندی نژادها جهت حفاظت در سطح ملی ارایه کرد و آن را برای ۴۵ نژاد نروژی از هفده گونه مختلف به‌کار برد. او نژادها را بر اساس معیارهایی زیر رتبه‌بندی کرد: میزان قرار داشتن در معرض خطر (عمدتاً با توجه به اندازه مؤثر فعلی جمعیت و برخی عوامل دیگر تعیین می‌شد)، صفاتی که در حال حاضر ارزش اقتصادی دارند، صفاتی که از نظر ظاهری ارزش دارند، صفاتی که در حال حاضر ارزش علمی دارند، صفاتی که ارزش فرهنگی و تاریخی دارند، و خصوصیات منحصر به فرد ژنتیکی. او پیشنهاد کرد که از لیست رتبه‌بندی شده وی برای انتخاب نژادها جهت حفاظت از آن‌ها استفاده شود. او هیچ الگوریتم کلی برای تلفیق معیارهای مختلف ارایه نداد و معتقد بود که این تلفیق و الگوریتم حاصل بر اساس شرایط خاص هر کشور و اولویت‌های آن‌ها متفاوت است. با این وجود، او

[1] Ruane

پیشنهاد کرد که میزان قرار داشتن نژادها در معرض خطر، مهم‌ترین معیار انتخاب نژادها جهت حفظ تنوع ژنتیکی آن‌ها است.

۵- آیا سازوکار حداکثر تنوع برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

با استفاده از سازوکار حداکثر تنوع، نژادی برای حفاظت انتخاب می‌شود که سهم قابل توجهی در تنوع ژنتیکی داشته باشد. شرط اول درستی این روش این است که براوردی مناسب از تنوع داشته باشیم که منعکس‌کننده‌ی هدف برنامه حفظ تنوع ژنتیکی باشد. در فصل ۵ روش‌های مختلف براورد تنوع مطرح شد. این روش‌ها از نظر مفهوم تنوع و میزان اهمیت تنوع درون و بین نژادها با یکدیگر متفاوت هستند. در ادامه نشان داده می‌شود که چگونه براوردهای تنوع می‌توانند برای انتخاب نژادها جهت حفظ تنوع ژنتیکی استفاده شوند. برای فهم بهتر اهمیت نسبی تنوع درون و بین نژادها و انتخاب روشی مناسب برای براورد تنوع جهت انتخاب نژادها، به پی‌نوشت ۲-۶ مراجعه شود.

در سازوکار حداکثر تنوع، نژادها با توجه به سهم آن‌ها در تنوع واقعی یا تنوع مورد انتظار در آینده رتبه‌بندی می‌شوند. عیب رتبه‌بندی نژادها با توجه به سهم آن‌ها در تنوع واقعی، این است که مقدار از دست رفته تنوع بین و درون نژادی که در طول زمان در اثر انقراض نژادها و رانش ژنتیکی ایجاد می‌شود در محاسبات مد نظر قرار نمی‌گیرد. بنابراین به نظر می‌رسد همان‌طوری‌که در ادامه نشان داده خواهد شد، بهتر است نژادها با توجه به سهم آن‌ها در تنوع مورد انتظار آتی رتبه‌بندی شوند.

پی‌نوشت ۲-۶- اهمیت نسبی تنوع ژنتیکی بین و درون نژادها

در فصل۳ نشان داده شد که چگونه تنوع می‌تواند به دو بخش تنوع بین نژادی (D_B) و تنوع درون نژادی (D_W) تفکیک شود. سؤال این است که کدام یک از مؤلفه‌های فوق در برنامه‌های حفظ تنوع ژنتیکی و انتخاب نژادها برای یک برنامه حفاظت اهمیت بیش‌تری دارند؟ فابوئل[1] و همکاران (۲۰۰۴) اثر عامل وزنی لاندا (λ) را در ترکیب دو مؤلفه تنوع بررسی کردند (λD_W+D_B) و خاطر نشان کردند اولویت انتخاب نژادها جهت برنامه‌های حفظ تنوع ژنتیکی، بستگی به λ دارد. به اعتقاد آن‌ها تعیین اهمیت نسبی این دو مؤلفه حیاتی است و روش محاسبه

[1] Fabuel

تنوع باید با توجه به آن انتخاب شود (فصل ۵) و در سازوکار حداکثر تنوع برای انتخاب نژادها مورد استفاده قرار گیرد. به عنوان مثال، اگر فقط تنوع بین نژادی مورد توجه قرار گیرد (λ=۰)، در این صورت روش براورد تنوع ویتزمن[1] مناسب خواهد بود. هم‌چنین، اگر هر دو تنوع بین و درون نژادی در نظر گرفته شوند، باید از روش تنوع‌های سری‌های مرکزی[2] استفاده شود. روش حداکثر واریانس کل سری‌های مرکزی، واریانس یک صفت کمّی فرضی را به حداکثر می‌رساند و وزن بیش‌تری به تنوع بین نژادی (λ=۰/۵؛ تورو[3] و همکاران، ۲۰۰۶) نسبت به روش حداکثر واریانس نتاج[4] (λ=۱) می‌دهد.

وقتی قرار است نژادهای حفاظت شده در برنامه‌های آمیخته‌گری مورد استفاده قرار گیرند، بهتر است وزن بیش‌تری به تنوع بین نژادی اختصاص داده شود؛ زیرا هر دو پدیده هتروزیس و مکمل‌سازی تابع این نوع تنوع هستند (فابوئل و همکاران، ۲۰۰۴). به علاوه پیازاتیان[5] و کینگورن[6] (۲۰۰۳) و بنویتز[7] و همکاران (۲۰۰۶) اعتقاد داشتند تنوع بین نژادی دست یافتنی‌تر است، زیرا ترکیبات آللی و ژنی خاصی در نژادهای مختلف پیدا می‌شود. این امر باعث سازگاری سریع‌تر نژادهای تجاری به تغییرات محیط تولید یا نیازهای بازار از طریق انتقال ژنی از یک نژاد محافظت شده به این نژادهای تجاری می‌شود. هم‌چنین اختصاص دادن وزن بسیار زیاد به تنوع بین نژادی، باعث چشم‌پوشی از بخش وسیعی از کل تنوع می‌شود. تنوع درون نژادی برای ایجاد یک نژاد مصنوعی که در مقابل چالش‌های محیطی مقاوم باشد اهمیت زیادی دارد. از سویی دیگر، تأکید زیاد روی تنوع درون نژادی باعث مطلوب شدن نژادهای بزرگی می‌شود که در معرض خطر نیستند.

به‌طور خلاصه به نظر می‌رسد که در براورد تنوع باید هر دو مؤلفه تنوع را با وزنی منطقی و بر اساس نظر پژوهشگران دخالت داد. روش مناسب براورد تنوع هم باید به دقت انتخاب شده و هدف از حفظ ذخایر ژنتیکی نیز در انتخاب روش مورد نظر لحاظ شود.

---

[1] Weitzman
[2] Core Set Diversities
[3] Toro
[4] Maximum-Variance-Offspring
[5] Piyasatian
[6] Kinghorn
[7] Bennewitz

فرض کنید تعداد N نژاد در یک تجزیه و تحلیل وجود دارند و احتمال انقراض (z) هر نژاد در فاصله زمانی معلوم (t، به‌عنوان مثال ۵۰ سال بعد) مشخص باشد. در پایان فاصله زمانی مورد نظر، 2^N حالت متفاوت برای وجود یا انقراض نژادها وجود دارد. به‌عبارت دیگر در پایان فاصله زمانی مورد نظر تعداد 2^N گروه نژادی K، هر کدام با احتمال P_K وجود دارد که فقط به احتمال انقراض نژادها بستگی دارد. هر گروه نژادی K هم تنوع D_K را نشان می‌دهد. با توجه به این مطالب، تنوع حفظ شده مورد انتظار در پایان دوره زمانی مورد نظر (t) به صورت زیر است:

$$E(D_t)=\sum_K P(K)D_K$$

که نمایشی از تنوع واقعی در آینده است. این رابطه به احتمال انقراض z (و رانش مورد انتظار؛ اگر افت تنوع درون نژادی در نظر گرفته شده باشد، سیمیئانر[1]، ۲۰۰۵b؛ بنویتز و میوویسن[2]، ۲۰۰۶) بستگی دارد. اثر یک نژاد می‌تواند با توجه به میزان تغییر تنوع مورد انتظار در پاسخ به تغییر کوچکی در احتمال انقراض نژاد بررسی شود. این مطلب ضرورتاً به مفهوم تنوع‌های حاشیه‌ای است. تنوع حاشیه‌ای یک نژاد (md_i) به صورت تغییر تنوع حفظ شده در پایان زمان مورد نظر، یعنی زمانی که احتمال انقراض نژاد (z_i) با انجام فعالیت‌های حفاظتی یک واحد تغییر می‌کند تعریف می‌شود (ویتزمن، ۱۹۹۳). تنوع حاشیه‌ای می‌تواند به صورت مشتق جزیی $E(D_t)$ بر حسب z_i اندازه‌گیری شود:

$$md_i = -\partial E(D_t)/\partial z_i$$

علامت منفی در معادله فوق باعث مثبت شدن تنوع حاشیه‌ای می‌شود، و بیان‌گر تغییر ایجاد شده در تنوع حفظ شده زمانی که احتمال انقراض یک واحد کم می‌شود است. براورد تنوع‌های حاشیه‌ای می‌تواند با هر کدام از روش‌های براورد تنوع که خصوصیات یکنواختی و غیر منفی بودن معیار ویتزمن برای یک براورد مناسب را رعایت کنند انجام شود (فصل ۵). برای اطلاع از جزئیات محاسبه در این روش به منبع سیمیئانر و همکاران (۲۰۰۳) و بنویتز و همکاران (۲۰۰۶) مراجعه کنید. باید به این نکته مهم توجه کرد که تنوع حاشیه‌ای برای یک نژاد خاص، مستقل از احتمال انقراض آن نژاد است.

برای محاسبه پتانسیل حفاظتی یک نژاد می‌توان تنوع حاشیه‌ای را در احتمال انقراض آن نژاد ضرب نمود، یعنی $CP_i=md_i\times z_i$ (ویتزمن، ۱۹۹۳). پتانسیل حفاظتی به ما نشان می‌دهد که اگر

[1] Simianer
[2] Meuwissen

نژادی در امنیت کامل باشد، چه مقدار تنوع می‌تواند حفظ شود. این موضوع نشان می‌دهد که سازوکار حداکثر تنوع با استفاده از پتانسیل حفاظتی برای نژادهای دارای اولویت جهت انتخاب نژادها برای حفظ تنوع ژنتیکی بسیار مؤثر و کارآمد است (رایست- مارتی[1] و همکاران، ۲۰۰۳؛ سیمیئانر و همکاران، ۲۰۰۳). با در نظر گرفتن نظرات دیگر می‌توان سازوکار حداکثر تنوع را به سازوکار حداکثر سودمندی تغییر داد که در ادامه توضیح داده خواهد شد.

دشواری این روش این است که لازم است احتمال انقراض برای نژادها براورد شود که به‌دست آوردن آن دشوار است. در پی‌نوشت ۳-۶ دشواری‌های محاسبه احتمال انقراض بیان شده‌اند. اما مشاهده شده است که تنوع‌های حاشیه‌ای به تغییرات احتمال انقراض حساسیت چندانی ندارد (بنویتز و همکاران، ۲۰۰۶). هم‌چنین زمانی‌که افت تنوع درون نژادی در نظر گرفته شود، لازم است اندازه جمعیت مؤثر براورد شود تا مقدار رانش مورد انتظار اندازه‌گیری شود. باید توجه کرد که نژادهایی که بر اساس پتانسیل حفاظتی آن‌ها برای حفظ تنوع ژنتیکی انتخاب می‌شوند، لزوماً نژادهایی نیستند که بیش از سایر نژادها در معرض خطر باشند. در واقع نتایج حاصل از سازوکار حداکثر تنوع، متفاوت از نتایج سازوکار خطر است. به‌عنوان مثال در مطالعه بنویتز و همکاران (۲۰۰۶) همبستگی بین احتمال انقراض و پتانسیل حفاظتی فقط حدود ۰/۴ است. در این مطالعه تعداد ۴۴ نژاد گاو شمال اروپا- آسیا بررسی شد. در پی‌نوشت ۴-۶ مثالی از نتایج سازوکار حداکثر تنوع ارایه شده است.

اگر چه پتانسیل‌های حفاظتی برای اولویت‌بندی نژادها بسیار مفید است، اما نمی‌تواند چیزی در مورد اختصاص بودجه لازم برای حداکثرسازی تنوع حفظ شده به ما ارایه دهد. برای تخصیص بهینه بودجه، تجزیه و تحلیل باید شامل تابع هزینه‌ای برای کاهش احتمال انقراض نژادها هم باشد (ویتزمن، ۱۹۹۳؛ سیمیئانر، ۲۰۰۲؛ سیمیئانر و همکاران، ۲۰۰۳). به‌طور دقیق‌تر، می‌توان گفت که در این روش فرض می‌شود که هزینه‌ها و درآمدهای (حاصل از تنوع) مربوط به فعالیت‌های حفاظتی برای هر نژاد متفاوت از سایر نژادها است. سپس کل بودجه در دسترس برای حفاظت، به‌منظور حداکثرسازی تنوع حفظ شده، طبق الگوریتمی منطقی به نژادهای انتخاب شده تعلق می‌گیرد. پی‌نوشت ۵-۶ جزئیات بیش‌تری درباره روش تخصیص بهینه بودجه ارایه می‌کند.

[1] Reist-Marti

پی‌نوشت ۳-٦- احتمال انقراض نژادها

احتمال انقراض یک نژاد طبق تعریف، احتمال این است که یک نژاد ظرف یک دوره زمانی مشخص (به‌عنوان مثال ۵۰-۲۵ سال) در آینده منقرض شود. مدل‌سازی و براورد این احتمال‌ها مشکل است؛ زیرا انقراض نژاد پدیده‌ای نادر است. بنابراین اعتبارسنجی مدل به کار رفته و مقایسه مدل‌ها تقریباً غیرممکن است.

رایست- مارتی و همکاران (۲۰۰۳) از روشی نیمه کمّی برای اندازه‌گیری احتمال انقراض ۴۹ نژاد گاو آفریقایی استفاده کردند. این محققان نژادها را از نظر چهار متغیر مربوط به جمعیت (اندازه جمعیت، تغییر اندازه جمعیت در طول زمان، پراکنش نژادها و خطر تلاقی‌های بین نژادی)، چهار متغیر مربوط به محیط (سازماندهی میان گاوداران، وجود یک طرح حفاظتی، وضعیت سیاسی، و واقعی بودن اطلاعات) و دو متغیر مربوط به ارزش نژادها (وجود صفات خاص و ارزش فرهنگی) رتبه‌بندی کردند. احتمال انقراض همه نژادها بر اساس مجموع این ده متغیر محاسبه شد و در مقیاس ۰/۹-۰/۱ امتیازدهی مجدد انجام گردید. احتمال‌های صفر و یک در محاسبات منظور نشد؛ زیرا نمی‌توان آینده را با قاطعیت پیش‌بینی کرد. این روش به دلیل جامع بودنش جذابیت زیادی دارد.

سیمیئانر (۲۰۰۵b) پیشنهاد کرد که احتمال انقراض یک نژاد رابطه مستقیمی با میزان همخونی آن دارد. سپس او احتمال انقراض را به صورت $1/2N_e$ به‌دست آورد و با ضرب کردن آن در یک عدد ثابت، مقادیر قابل قبولی را محاسبه نمود. بنابراین این احتمالات باید به‌طور نسبی دیده شده و تفسیر شوند، نه به‌طور مطلق. این موضوع درباره براورد به روش رایست- مارتی هم صدق می‌کند. مشکل این دو روش این است که قادر به ایجاد خطای استاندارد یا حدود اطمینانی برای احتمال انقراض نیستند.

یک روش کمّی که توسط متخصصان زیست‌شناسی حفاظتی استفاده می‌شود، توسط بنویتز و میوویسن (۲۰۰۵) استفاده شد. این روش بر پایه سری‌های زمانی بوده و شامل یک مرحله تصادفی برای پیش‌بینی اندازه احتمالی جمعیت در آینده بر اساس داده‌های حاصل از سرشماری‌های اخیر است. از طرفی دیگر، این روش احتمال مطلق انقراض را ارایه می‌کند، نه احتمال نسبی (و همین‌طور در مورد حدود اطمینان). اما احتمال‌های انقراض یا نزدیک به صفر هستند یا نزدیک به یک، و حدود اطمینان نیز تقریباً همه محدوده پارامترها را در بر می‌گیرد. به همین دلیل، این روش برای جمعیت‌های حیات وحش که در طول زمان نوسانات بیش‌تری در مورد اندازه جمعیت خود دارند مناسب است.

پی‌نوشت ٤-٦- مثال‌هایی از کاربرد سازوکار حداکثر تنوع

بنویتز و میوویسن (۲۰۰۶) از یکسری کوچک داده‌ها شامل اطلاعات نه گاو نژاد هلندی که ژنوتیپ آن‌ها برای چند نشان‌گر ریزماهواره تعیین شده بود استفاده کردند تا سازوکار حداکثر تنوع را بررسی کنند. آن‌ها از روش محاسبه تنوع سری مرکزی با حداکثر واریانس[1] (فصل ۵) استفاده کردند. تنوع‌های حاشیه‌ای (md) کاهش مورد انتظار تنوع بین نژادی در اثر انقراض نژادها و نیز کاهش مورد انتظار تنوع درون نژادی در اثر رانش را دربرمی‌گیرد. اولویت‌بندی نژادها برای حفاظت با توجه به پتانسیل حفاظتی (CP) نژادها تعیین شد.

نژاد	اندازه جمعیت مؤثر	احتمال انقراض	md_i^2	CP_i^3
آبی- سفید بلژیکی	۳۷۰	۰/۰۲۷	۱۱/۱۴	۰/۳۰۱
هلندی قرمز ابلق	۶۸	۰/۱۴۷	۳۴/۱۷	۵/۰۲۳
هلندی با خطوط سیاه	۱۵۴	۰/۰۶۵	۳۲/۲۲	۲/۰۹۴
لیموزین	۴۰۰	۰/۰۲۵	۱۵۴/۷۴	۳/۸۶۹
هلشتاین فریزن	بیش از ۱۰۰۰	۰/۰۰۱	۲۳/۶۱	۰/۰۲۴
گالووی[2]	۲۳	۰/۴۳۵	۱۹۰/۴۸	۸۲/۸۵۹
فریژین هلندی	۲۹۴	۰/۰۳۴	۵/۸۲	۰/۱۹۸
قرمز ابلق اصلاح شده	۱۱۱	۰/۰۹۰	۴۱/۷۷	۳/۷۵۹
اکوئیتین بلوند[3]	۲۱۷	۰/۰۴۶	۸/۳۱	۰/۳۸۲

اندازه جمعیت مؤثر از روش EAAP به‌دست آمد.

md میزان تغییر در تنوع مورد انتظار آتی را در ازای کاهش احتمال انقراض نشان می‌دهد.

CP میزان تغییر در تنوع مورد انتظار آتی را در قبال حفاظت کامل نژاد نشان می‌دهد. به عبارت دیگر ($CP=md\times$ احتمال انقراض)

[1] Maximum-Variance-Total core set diversity measure
[2] Galloway
[3] Blonde d'Aquitaine

یکی دیگر از کاربردهای پتانسیل حفاظت، ایده «توده امن + ۱»[1] است که توسط تائون آرنولدی[2] و همکاران (۱۹۹۸) و ادینگ[3] و همکاران (۲۰۰۲) استفاده شد. در این روش، یک توده امن از نژادهایی که در آینده نزدیک از انقراض در امان هستند تشکیل می‌شود. این توده امن نژادهایی را که در حال حاضر به‌طور گسترده‌ای استفاده می‌شوند یا نژادهایی را که در معرض حفاظت هستند (به‌خاطر برخی صفات خاص و دلایلی نظیر آن) را در بر می‌گیرد. در این روش، تنوعی براورد می‌شود که توسط این نژادها حفظ شده باشد. سپس نژادهای خارج از توده امن را یکی یکی به توده امن اضافه و جایگزین کرده و افزایش تنوع حفظ شده توده امن+۱ براورد می‌شود. آن نژادهایی که باعث بیش‌ترین افزایش در تنوع حفظ شده شوند، بالاترین اولویت را در طرح‌های حفاظتی به خود اختصاص می‌دهند. مزیت این روش ساده در این است که نیاز به پیدا کردن احتمال انقراض مجزا برای هر نژاد نیست و فقط نژادها برای توده امن انتخاب می‌شوند. هم‌چنین عیب بزرگ این روش هم این است که انتخاب نژادها برای حفاظت کاملاً مستقل از میزان در معرض خطر بودن نژادها صورت می‌پذیرد.

پی‌نوشت ۵-٦- تخصیص بهینه منابع مالی برای نژادهای انتخاب شده جهت حفاظت

روش تخصیص بهینه که توسط سیمیئانر (۲۰۰۲) و سیمیئانر و همکاران (۲۰۰۳) پیشنهاد شد، فرضیات زیر را دنبال می‌کند: منابع مالی برای حفاظت زمانی به‌طور مؤثر استفاده شده است که در پایان دوره حفاظت (t، مثلاً ۲۵ سال)، تنوع مورد انتظار حداکثر باشد. با اختصاص بخش خاصی از منابع موجود به نژاد i، احتمال انقراض (z_i) این نژاد به $z^*_i<z_i$ تغییر خواهد کرد که این امر باعث افزایش تنوع مورد انتظار در زمان t می‌شود؛ یعنی $E^*(D_t)>E(D_t)$. اثر حفاظتی $\Delta z_i=z^*_i-z_i<0$ تابعی از احتمال انقراض نژاد و مقدار منابع مالی اختصاص داده شده برای حفظ این نژاد است. این تابع هزینه $\Delta z_i=f(z_i,b_i)$ اختصاصی بوده و همان نژاد تعلق دارد. حالا فرض کنیم $B=\{b_i\}$ برداری است که بیان‌گر الگوی تثبیت شده اختصاص منابع مالی به گروهی از نژادها باشد. برای هر نژاد با $b_i>0$، تغییر حاصل شده در احتمال انقراض می‌تواند با استفاده از تابع اختصاصی هزینه یعنی $\Delta z_i=f(z_i,b_i)$ محاسبه شود و یک $E^*(D_t)>E(D_t)$ جدید می‌تواند

[1] Safe set + 1
[2] Thaon Arnoldi
[3] Eding

با استفاده از احتمال‌های کاهش یافته انقراض $z^*_i<z_i$ محاسبه شود. این افزایش تنوع مورد انتظار بیان‌گر اثر مورد انتظار ناشی از تخصیص منابع مالی است.

در شرایط وجود فرضیات فوق، تخصیص بهینه منابع مالی را می‌توان با استفاده از الگوریتم زیر به‌دست آورد. کل سرمایه را به n_b قسمت مساوی و کوچک از پول β تقسیم کنید. سپس مراحل زیر را دنبال کنید:

۱- برای همه نژادها $b_i=0$ در نظر گرفته و با اولین سهم β شروع کنید.

۲- کاهش مورد انتظار در احتمال انقراض Δz_i را برای هر کدام از نژادها در شرایطی که β فقط برای این نژاد خرج شده باشد محاسبه کنید.

۳- افزایش در تنوع مورد انتظار $E(\Delta D_t|z_i,\beta)=\Delta z_i.md_i$ را برای هر نژاد محاسبه کنید (md_i تنوع حاشیه‌ای نژاد است).

۴- این سهم را به نژاد j که در آن افزایش در تنوع مورد انتظار حداکثر است تخصیص دهید و سپس احتمال جدید انقراض این نژاد را از روی ارزش واقعی z_i به وسیله Δz_j به z^*_j به‌دست آورید و افزودن β به b_j به‌دست آورید.

۵- تنوع‌های حاشیه‌ای را برای همه نژادها دوباره محاسبه کنید.

۶- سهم بعدی را اختصاص داده و از مرحله دوم کار را شروع کنید. این روند را تا تخصیص همه سهم‌ها دنبال کنید.

بعد از انجام الگوریتم فوق بردار B حاوی تخصیص بهینه همه منابع مالی به گروه نژادها است. هیچ الگوی دیگری نمی‌تواند باعث ایجاد تنوع حفظ شده بیش‌تری شود.

یکی از دشواری‌های این روش، اختصاصی کردن تابع هزینه است. سیمیئانر و همکاران (۲۰۰۳) بر اساس نظرات متخصصان ژنتیک جمعیت، سه نوع تابع هزینه را پیشنهاد کردند که بیان‌گر انواع توابع ممکن در وضعیت‌های حفاظتی مختلف بود. محققان مذکور، این روش را برای ۲۳ نژاد گاو زبو و زنگای آفریقایی با استفاده از احتمالات انقراض رایست- مارتی و همکاران (۲۰۰۳) (پی‌نوشت ۳-۶) و براورد تنوع ویتزمن (فصل ۵) به‌کار بردند. آن‌ها دریافتند که هزینه‌های حفاظتی باید فقط برای سه تا نه نژاد آن هم با سهم‌های متفاوت (با توجه به تابع هزینه به کار رفته) صرف شود. بیش‌ترین هزینه‌ها هم باید صرف نژادهایی شود که پتانسیل حفاظتی زیادی نشان داده‌اند.

روش تخصیص بهینه هزینه‌ها هم‌چنین می‌تواند بر اساس سودمندی‌های حاشیه‌ای نژادها به

جای تنوع‌های حاشیه‌ای هم انجام شود. در این صورت، جنبه‌های دیگری هم در هدف حفظ تنوع ژنتیکی (مثل صفات خاص، هزینه ثابت و متغیر طرح حفاظتی و نظایر آن) لحاظ می‌شود. برای کسب اطلاعات بیش‌تر در این رابطه به منبع رایست- مارتی و همکاران (۲۰۰۶) مراجعه کنید.

٦- آیا سازوکار حداکثر استفاده (سودمندی)[1] برای انتخاب نژادها کارایی دارد؟

همان‌طور که در بخش پیشین اشاره شد، سازوکار حداکثر تنوع زمانی‌که تنوع تنها هدف طرح‌های حفاظتی باشد، یک سازوکار کارآمد به حساب می‌آید. اما اگر خصوصیات دیگری در اهداف حفاظتی مطرح شوند (مناسب بودن برای استفاده در مناطق روستایی، فصل ۲)، سازوکار حداکثر تنوع به سازوکار حداکثر سودمندی توسعه می‌یابد. برای کسب جزئیات بیش‌تر می‌توانید سیمیئانر (۲۰۰۲)، سیمیئانر و همکاران (۲۰۰۳) و رایست- مارتی و همکاران (۲۰۰۶) مراجعه کنید. این محققان طرح تخصیص بهینه هزینه‌ها (پی‌نوشت ۵-۶) را توأم با سازوکار حداکثر سودمندی توضیح داده‌اند. ایده استفاده از سودمندی اولین بار توسط ویتزمن (۱۹۹۸) مطرح شد.

فرض کنیم هدف طرح حفاظتی هر دو جنبه استفاده و سودمندی پایدار و بقا یا بیمه ذخایر ژنتیکی باشد. البته دیدگاه دوم، صفات خاص و تنوع خنثی را هم دربر می‌گیرد. در این مورد، سودمندی حفظ شده توسط یک گروه از نژادهای عاری از خطر انقراض (که در بخش پیش با K نشان داده شد) در یک دوره زمانی مشخص، می‌تواند به صورت زیر نوشته می‌شود (سیمیئانر و همکاران، ۲۰۰۳):

$$U_K = w_D D_K + \sum_{j \in K} W_{Fj} + \sum_{i} k_i W_{Bi}$$

که در رابطه فوق:

U_K سودمندی گروه نژادی K

w_D ارزش نسبی یک واحد تنوع خنثی

D_K تنوع خنثی گروه نژادی K

W_{Fj} ارزش نسبی خصوصیت j (مثلاً یک صفت خاص)

[1] Maximum- Utility- Strategy

$j \in K$ نشان می‌دهد خصوصیت j حداقل در یکی از نژادهای عاری از خطر انقراض وجود دارد و به‌عبارت دیگر در گروه نژادی K وجود دارد.

w_{B_i} ارزش نسبی نژاد i (ارزش سودمندی پایدار نژاد)

k_i یک متغیر شاخص است که اگر نژاد i در گروه نژادی K وجود داشته باشد (یعنی منقرض نشده باشد) عدد یک و اگر وجود نداشته باشد (یعنی در انتهای دوره زمانی مورد نظر منقرض شده باشد) عدد صفر را به خود اختصاص می‌دهد.

دو قسمت اول معادله فوق، نظریه بقا و بیمه ذخایر ژنتیکی و قسمت آخر نظریه سودمندی پایدار را نشان می‌دهد. با توجه به تعاریف فوق، 2^N گروه نژادی مختلف وجود دارد که هر کدام دارای احتمال P_K هستند. سودمندی حفظ شده مورد انتظار در پایان دوره زمانی مورد نظر (t) برابر است با:

$$E(U_t)=\sum_{\forall K} P(K)U_K$$

اکنون می‌توان سودمندی حاشیه‌ای یک نژاد را با استفاده از رابطه زیر محاسبه نمود:

$$Mu_i=- -\delta E(U_t)/\delta z_i$$

این روش شبیه روش براورد تنوع‌های حاشیه‌ای است که قبلاً شرح داده شد. در این‌جا سودمندی حاشیه‌ای به صورت تغییر در سودمندی حفظ شده در پایان دوره زمانی مورد نظر، زمانی‌که احتمال انقراض با انجام فعالیت‌های حفاظتی یک واحد کاهش یافت تعریف می‌شود. به همین منوال پتانسیل حفاظتی یک نژاد با بر حسب سودمندی می‌تواند به صورت حاصل‌ضرب سودمندی‌های حاشیه‌ای و احتمال‌های انقراض براورد شود و برای انتخاب نژادها جهت حفظ تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد.

قسمت دوم معادله فوق، سودمندی حاشیه‌ای بر حسب خصوصیات ویژه‌ای نظیر برخی صفات خاص است. از دیدگاه حفاظتی، حفظ چنین ویژگی‌هایی از طریق حفظ تنوع ژنتیکی حداقل یک نژاد که این صفت را دارد مطلوب است. در نتیجه سودمندی حاشیه‌ای یک نژاد تا حد زیادی به اجزای گروه نژادها بستگی دارد. به‌عنوان مثال اگر یک صفت خاص در تعدادی از نژادها وجود داشته باشد که در بین آن‌ها یک نژاد کاملاً ایمن باشد، سودمندی حاشیه‌ای سایر نژادها بسیار کم یا صفر است. اما اگر در بین این نژادها فقط یک نژاد حاوی صفت خاص باقی

مانده باشد، سودمندی حاشیه‌ای بسیار بالا خواهد بود؛ زیرا اگر این نژاد منقرض شود، آن صفت خاص نیز در کل گونه حذف خواهد شد.

در هر دو منظر مفهومی و سیستماتیک، به‌نظر می‌رسد سازوکار حداکثر سودمندی، مناسب‌ترین روش برای انتخاب نژادها باشد. اگر تنوع تنها هدف برنامه حفاظتی باشد، سازوکار حداکثر سودمندی به سازوکار حداکثر تنوع کاهش می‌یابد. مشکل این روش این است که علاوه بر نیاز به براورد احتمالات انقراض (مثل سازوکار حداکثر تنوع)، نیاز به براوردهای بیش‌تری برای ارزش‌های اقتصادی نسبی تنوع خنثی، خصوصیات ویژه (مثل صفات خاص)، و ارزش‌های خاص نژادی (مثل ارزش تاریخی یک نژاد) نیز وجود دارد (به ترتیب w_D، w_{F_j} و w_{F_i}). در حال حاضر روش مشخصی برای به‌دست آوردن این ارزش‌های نسبی وجود ندارد. اولین کوشش‌ها در این زمینه توسط گاندینی[1] و ویلا[2] (۲۰۰۳) برای تعیین ارزش‌های فرهنگی نژادها صورت پذیرفت (فصل ۲). قطعاً تحقیقات بیش‌تری برای به‌دست آوردن ارزش‌های اقتصادی جهت بهبود کارایی سازوکار حداکثر سودمندی لازم است.

۷- جنبه‌های عملی در انتخاب نژادها کدام هستند؟

انتخاب نژادها برای حفاظت همیشه با شک و تردیدهایی روبرو است. ما معمولاً اطلاعات خوبی در مورد انواع نژادها و روابط بین آن‌ها داریم. مورد اخیر اغلب با استفاده از نشان‌گرهای ژنتیکی محقق می‌شود (فصل ۵). اما همان‌طور که در بخش قبل توضیح داده شد، اگر احتمالات انقراض یا ارزش‌های اقتصادی نظریات حفاظتی را نیز ندانیم، این شک و تردیدها بیش‌تر می‌شود. با در نظر گرفتن این مطلب، توصیه می‌شود که انتخاب نژادها برای حفاظت، براساس اهداف مشخص و از پیش تعیین شده فعالیت‌های حفاظتی انجام پذیرد. سازوکار حداکثر سودمندی به دلیل لحاظ کردن همه نظریات موجود، سازوکار مطلوبی است. اما هنگام استفاده از این سازوکار، میزان شک و تردید به حداکثر خود می‌رسد. اما این بدان معنی نیست که سازوکارهای ساده‌تری مثل سازوکار خطر، ترجیح داده شوند. سازوکار خطر شک و تردید را درنظر نمی‌گیرد، و هدف از پیش تعیین شده‌ای برای فعالیت‌های حفاظتی ندارد. تحقیقات زیادی برای کاهش میزان شک و تردید، به‌ویژه در براورد ارزش‌های نسبی اقتصادی نظریات حفاظتی لازم هستند. گاهی اوقات براوردهای مستقیم یا بهترین حدس می‌تواند در

[1] Gandini
[2] Villa

سازوکار حداکثر سودمندی استفاده شوند. به‌عنوان مثال رایست- مارتی و همکاران (۲۰۰۶) در تابع سودمندی خود، تنوع خنثی و هشت صفت خاص را که توسط برخی نژادها (نه همه نژادها) منتقل می‌شدند لحاظ کردند. آن‌ها ارزش‌های نسبی را برای صفات خاص استخراج کردند و توانستند اندازه‌گیری کنند که چه مقدار تنوع مورد انتظار حفاظتی باید از بین برود تا یک صفت خاص حفظ شود. هرچند این کار مشکل استفاده از ارزش‌های اقتصادی با مقیاس یکسان را برای تنوع و صفات خاص حل نمی‌کند، اما ارزش‌های نسبی به این دو کمّیت متفاوت می‌دهد. جهت انتخاب نژادها به روش‌های ساده شده دیگری نیز می‌توان فکر کرد. می‌توان با یک تجزیه و تحلیل حساسیت بررسی کنیم که هنگام استفاده از ارزش‌های اقتصادی متفاوت، نتایج چه تغییری خواهند کرد.

یک نظریه دیگر این است که به کار بردن سایر قوانین انتخاب نسبت به سازوکار خطر دشوارتر هستند؛ زیرا در سازوکار خطر، برای مؤسسات اصلاح دام ارتباط برقرار کردن با مردم و دامپروران راحت و آسان است. اما ازآن‌جایی‌که انتخاب نژادها برای حفاظت مؤثر، اهمیت زیادی دارد، لذا باید از بهترین سازوکار ممکن استفاده کرد.

یک جنبه خیلی مهم این قضیه که باید در انتهای این فصل ذکر شود این است که تصمیمات براساس مقیاس مناسبی اتخاذ شوند (سیمیئانر، ۲۰۰۵a). تصمیماتی که در سطوح ملی اتخاذ می‌شوند اهمیت زیادی دارند؛ زیرا کشورها در قبال حفظ منابع ژنتیکی خود طبق قوانین پیمان (کنوانسیون) تنوع زیستی[1] مسئولیت دارند. هم‌چنین به دلیل این‌که گونه‌ها و نژادهای حیوانات اهلی در مرزهای سیاسی نیز پراکنده‌اند، باید برخی تصمیمات در سطوح منطقه‌ای و یا حتی جهانی اتخاذ شوند. این موضوع یکی از اهداف فائو است. بنابراین اتخاذ تصمیم برای فعالیت‌های حفظ تنوع ژنتیکی باید در سطح بین‌المللی نیز هماهنگ شود.

[1] Convention on Biological Diversity

منابع

Bennewitz, J., and T.H.E. Meuwissen, 2005. Estimation of extinction probabilities of five German cattle breeds by population viability analysis, Journal of Dairy Science 88: 2949-2961.

Bennewitz, J., J. Kantanen, I. Tapio, M.H. Li, E. Kalm, J. Villdd, I. Ammosov, Z. Ivanova, T. Kiselyova, R. Popov and T.H. E. Meuwissen, 2006. Estimation of breed contributions to present and future genetic diversity of 44 North Eurasian cattle breeds using core set diversity measures. Genetics Selection Evolution 38: 201-220.

Bennewitz, J., and T.H.E. Meuwissen, 2006. Breed conservation priorities derived from contributions to the tot:11 future genetic variance. Proceedings 8'h World Congress on Genetics Applied to livestock Production, CD-Rom Communication No. 33-06.

Eding, J.H., R.P.M.A Crooijmans, M.A.M. Groenen and T.H.E. Meuwissen, 2002. Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. Genetics Selection Evolution 34: 613-633.

EAAP, 1998. Assessment of the degree of endangerment of livestock breeds. Working group on Animal genetic Resources, 49'h Annual Meeting European Association of Animal Production, Warsaw 1998.

Fabuel, E., C. Barragan, L. Silio, M.C. Rodriguez and M.A. Toro, 2004. Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers. Heredity 93: 104-113.

FAO, 1992. Proceedings of an expert consultation on 'Programme for the control of African animal trypanosomiasis and related development: Animal Production and Health Paper 100, FAO, Rome, Italy.

Farm Animal Genetic Regional Focal Point of Zambia, 2003. SOW report Zambia 2003. Farm Animal Genetic Regional Focal Point of Zambia.

Gandini, G.C. and Villa, E., 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 1-11.

Gandini, G.C., L. Ollivier, B. Danell, O. Distl, A. Georgudis, E. Groeneveld, E. Martiniuk,J. van Arendonk and J. Woolliams, 2005. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. Livestock Production Science 91: 173-182.

Grobet, L., L.J.R. Martin, D. Poncelet, D. Pirottin, B. Brouwers, J. Riquet, A. Schoeberlein, S. Dunncr. F. Menissier, J. Massabanda, R. Fries, E. Hanset and M. Georges, 1997. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. Nature Genetics 17: 71-74.

Hall, S.J.G. and D.G. Bradley, 1995. Conserving livestock breed diversity. Trends in Ecology and Evolution 10: 267-270.

Henson, E.L., 1990. The organisation of live animal ervation programmes. FAO Animal Production and Health Paper 80: 103-117.

Icelandic Ministry of Agriculture, 2003. SOW report Iceland 2003. Icelandic Ministry of Agriculture.

Janss, L.L.G., J.A.M. van Arendonk and E.W. Brascamp, 1997. Segregation analyses for presence of major genes Affecting growth, back fat and litter size in Dutch Meishan crossbreds. Journal of Animal Science 75: 2864 2876.

Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, 2003. SOW report 2003 Kazakhstan. Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan.

Ponzoni, R.W., 1997. Genetic resources and conservation, Chapter 16.1n: The Genetics of Sheeps, L. Piper and A. Ruvinski (eds.), CAB International, pp. 437-469.

Piyasatian, N., and B.P. Kinghorn, 2003. Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservation programmes. Journal of Animal Breeding and Genetics 120: 137-149.

Reist-Marti, S.B., H. Simianer, J. Gibson, O. Hanotte and J.E.O. Rege, 2003. Weitzman's appraoch and conservation of breed diversity: an application to African cattle breeds. Conservation Biology 17: 1299.1311.

Reist-Marti, S.B., A. Abdulai and H. Simianer, 2006. Optimum aIlocation of conservation funds and choice of conservation programs for a set of African cattle breeds. Genetics Selection Evolution 38: 99-126.

Republic of Korea, 2004. SOW report 2004. Republic of Korea.

Ruane, J., 2000. A framework for prioritizing domestic animal breeds for conservation purposes at the national level: a Norwegian case study. Conservation Biology 14: 1385-1393.

Scherf, B.D. (ed.), 2000. World watch list for domestic animal diversity. 3ro edition, Rome, FAO.

Scherf, B., B. Rischkowsky, D. Pilling and I. Holfmann. 2006. The state of the world's animal genetic resources. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-Rom Communication No. 33-13.

Simianer, H., 2002. Noah's dilemma: which breeds to take aboard the ark? Proceedings 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-Rom Communication No. 26-02.

Simianer, H., S.B. Reist-Marti, J. Gibson, O. Hanotte, and J.E.O. Rege, 2003. An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimise loss of genetic diversity between livestock breeds. Ecological Economics 45: 377-392.

Simianer, H., 2005a. Decision making in livestock conservation. Ecological Economics 54: 559-572.

Simianer, H., 2005b. Using expected allele number as objective function to design between and within breed conservation of farm animal biodiversity. Journal of Animal Breeding and Genetics 122: 177-187.

Toro, M.A., J. Fernandez, and A. Caballero, 2006. Scientific policies in

conservation of farm animal genetic resources. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication No. 33-05

Tawah, C.L., J.E.O. Rege, and G.S. Aboagye, 1997. A close look at a rare African breed - the Kuri cattle of Lake Chad Basin: origin, distribution, production and adaptive characteristics. South African Journal of Animal Science 27: 31-40.

Thaon d'Arnoldi, C., J.-L. Foulley, and L. Ollivier, 1998. An overview of the Weitzman approach to diversity. Genetics Selection Evolution 30: 149-161.

Weitzman, M.L., 1993. What to preserve? An application of diversity theory to crane conservation. The Quarterly Journal of Economics CVII: 157-183.

Weitzman, M.L., 1998. The Noah's ark problem. Econometrica 66: 1279-1298.

فصل هفتم: سهم ژنتیکی و همخونی

جان ولیامز[۲،۱]

[۱]مؤسسه روزلین، بریتانیای کبیر

[۲]گروه علوم دامی و دامپزشکی، دانشگاه علوم حیاتی نروژ، نروژ

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
چگونه می‌توانیم همخونی را تشخیص داده و اندازه‌گیری نماییم؟
چه عواملی سرعت افزایش همخونی را تعیین می‌کنند؟
برای مدیریت همخونی چه اصولی باید رعایت شوند؟
چگونه این اصول در بین الگوهای اصلاح نژادی مبتنی بر حفظ ذخایر ژنتیکی و الگوهای اصلاح نژادی مبتنی بر پیشرفت ژنتیکی نژادها، متفاوت هستند؟
چگونه می‌توان نرخ همخونی را پیش‌بینی کرد؟
در برنامه‌های اصلاح نژادی برای رسیدن به حداقل قابل قبول Ne (Ne=۵۰) چه پیشنهاداتی را می‌توان ارایه داد؟

خلاصه

در این فصل دلایل و چگونگی افزایش تجمعی همخونی در یک جمعیت و مفهوم سهم ژنتیکی به عنوان ابزار ساده‌ای برای توصیف نرخ همخونی (ΔF) شرح داده خواهد شد. برای دستیابی به اصول اصلی مدیریت جمعیت (جهت کاهش ΔF)، از ارتباط بین ΔF و سهم ژنتیکی استفاده می‌شود. از رابطه دیگری بین سهم ژنتیکی و میزان بهبود یک صفت انتخابی هم استفاده می‌شود تا نشان دهیم رابطه بین سهم ژنتیکی در بلند مدت و میزان بهبود صفت و نیز همخونی، چگونه می‌توانند برای یک انتخاب مناسب در برنامه‌های اصلاح نژادی (با مدیریت خفظ تنوع ژنتیکی) کمک نمایند. برای پیش‌بینی ΔF روش‌هایی مورد بررسی قرار

[1] John Wooliams; Roslin Institute, Roslin, Midlothian EH25 9Ps, United Kingdom
[2] Department of Animal and Agricultural Sciences, Norwegian University of Life Science, Box 1432, As, Norway

خواهند گرفت. هم‌چنین راهنمایی‌هایی برای مدیریت ΔF درعمل (با توجه به اصول الگوی اصلاح نژادی) ارایه خواهند شد. این اصول بعداً در فصل ۸ تشریح می‌شوند.

۱- همخونی و نرخ همخونی

در فصل سه همخونی تعریف شد. در برخی از فصل‌های گذشته هم موارد مرتبط با همخونی که می‌توانند در برنامه‌های حفظ ذخایر ژنتیکی و هم‌چنین برنامه‌های حفاظتی و مطالعات تاریخی یک جمعیت کمک کنند مورد بررسی قرار گرفتند. به هرحال مدیریت منابع ژنتیکی روش‌هایی برای پایداری حفظ تنوع موجود است که شامل آگاهی از فرایندهایی است که به‌طور نامعلوم باعث افزایش همخونی می‌شوند. لذا این فصل مفهوم سهم ژنتیکی و چگونگی استفاده از آن را شرح می‌دهد. ضریب همخونی به‌طور گسترده در تعریف جمعیت‌ها استفاده می‌شود و در جمعیت‌های تحت مدیریت، مخصوصاً زمانی که ضریب همخونی کل بزرگ‌تر از صفر باشد، این سؤال مطرح می‌شود که میزان مناسب همخونی چیست؟ البته با توجه به دلایل زیر، این سؤال یک سؤال مناسب نیست:

۱- همخونی اجتناب‌ناپذیر است. زمانی‌که یک فرد در شجره خود از طریق پدری و مادری به یک جد مشترک منتهی شود، مقدار همخونی بالاتر از صفر خواهد شد. برای جلوگیری از همخونی لازم است که فرد دارای دو والد، چهار پدر بزرگ و مادر بزرگ مجزا و هشت پدر پدر بزرگ و مادر مادر بزرگ متفاوت باشد و الی آخر. داشتن اجداد مجزا نیازمند افزایش اندازه جمعیت است.

۲- در یک جمعیت بسته، همخونی افزایش خواهد یافت و سرانجام منجر به افزایش F می‌شود. آلل‌های از دست رفته بدون مهاجرت از سایر منابع ژنی، جایگزین نخواهند شد.

۳- در هر نسل جهش‌های جدیدی وارد جمعیت می‌شود که این امر باعث افزایش واریانس ژنتیکی جمعیت می‌شود. این می‌تواند بخشی از واریانس ازدست‌رفته را جبران کند. انتخاب طبیعی، اثرات زیان‌آور کاهش تولید در اثر همخونی را حذف می‌کند. بنابراین ΔF بسیار بزرگ نخواهد شد (فصل ۸).

۴- ضریب همخونی جمعیت به دو عامل بستگی دارد:

الف: بین نسل حاضر و جمعیت مبنا چند نسل فاصله وجود دارد؟

ب: با چه سرعتی همخونی در جمعیت انباشته می‌شود؟ (محاسبه ΔF)

مورد چهارم نشان می‌دهد که چون انتخاب جمعیت مبنا معمولاً به‌طور دلخواه و مستقل از فرایندهای بیولوژیکی همخونی انجام می‌شود، عامل مهم مدیریتی ΔF خواهد بود. این دیدگاه توسط مورد شماره سه هم تأیید می‌شود.

قبل از مراجعه به تئوری‌های ژنتیکی، بررسی بعضی از نتایج آشکار همخونی در یک جمعیت، موضوع ارزشمندی خواهد بود. توسعه همخونی (مخصوصاً وقتی که ΔF زیاد است) با کاهش تولید در اثر همخونی (در صفاتی که کاهش ثابتی هنگام افزایش همخونی دارند) همراه است. این صفات غالباً خصوصیات مرتبط با شایستگی از قبیل توانایی تولیدمثل و زنده ماندن تا زمان بلوغ هستند. اما برخی صفات فیزیکی دیگر مثل سرعت رشد یا اندازه بدن در زمان بلوغ نیز کاهش نشان می‌دهند.

خلاصه‌ای از اثرات کاهش تولید در اثر همخونی توسط وینر[1] و همکاران (۱۹۹۴) نشان داده شده‌اند. کاهش تولید در اثر همخونی با عملکرد غیر افزایشی ژن‌ها مرتبط است. ناپدید شدن هتروزیگوت‌ها (در اثر همخونی) مسئول کاهش تولید در اثر همخونی است، زیرا این امر باعث می‌شود تا از توانایی آمیخته‌ها استفاده نشود. صفات مرتبط با شایستگی نسبت به عملکرد غیرافزایشی ژن‌ها بسیار حساس هستند و بنابراین از همخونی بیش‌ترین آسیب را می‌بینند. کاهش تولید در اثر همخونی اغلب به‌واسطه آلل‌های زیان‌آور مغلوب به‌وجود می‌آید. به‌طوری‌که به ارث بردن دو نسخه از آلل‌های مغلوب باعث کاهش عملکرد و برعکس به ارث بردن یک یا دو نسخه از آلل غالب باعث عملکرد طبیعی می‌شود. کاهش تولید فقط تنها نتیجه همخونی نیست، بلکه در یک برنامه اصلاح نژادی در حالت ΔF بالا، اغلب تغییرات زیادی در فراوانی آلل‌ها ایجاد می‌شود که از نظر مدیریتی مهم است. ΔF احتمالاً به‌عنوان معیاری برای زنگ خطر در همخونی اطلاق شود. این نظریه توسط ولیامز[2] و همکاران (۲۰۰۲) توسعه داده شده است. نکته باارزش این است که چگونه یک فرد عامی از روی تجربه و مشاهده، مشکلات احتمالی همخونی را تشخیص بدهد. اولین مرحله در این مسیر دست‌یابی به اطلاعات شجره‌ای در مورد هشت جد بزرگ پدری و جد بزرگ مادری و این‌که چه تعداد جد مشترک در شجره یک فرد مشاهده می‌شوند است. این مسأله باعث می‌شود که احتمال هموزیگوتی مشابه برای هر جایگاه ژنی در یک فرد بیش از صفر شود ($F>0$). در بررسی یک گروه کامل از افراد در یک جمعیت به افراد مشابهی به‌عنوان جد مشترک در گروه برمی‌خوریم.

[1] Wiener
[2] Wooliams

بررسی همه افراد باید به اجداد مشترکی در شجره بیانجامد. چیری که باید به آن توجه کرد این است که سهم بزرگی از مسیرهای شجره جامعه، به تعداد اندکی از افراد مشابه ختم می‌شود. دو دلیل احتمالی برای این امر وجود دارد: یا تعداد اجداد کمی در نسل اجداد وجود دارند و یا این‌که تعداد اجداد زیاد هستند، اما بیش‌تر مسیرهای خویشاوندی فقط به تعداد کمی از اجداد ختم می‌شوند. فرض کنید r_i بخشی از ژن‌هایی است که به هر یک از افراد برمی‌گردند. توجه کنید که مجموع این بخش‌ها برابر با یک می‌شود؛ زیرا تمامی ژن‌ها از اجداد نشأت گرفته‌اند. با توجه به مطالب فوق زمانی مشکل ایجاد می‌شود که میانگین r_i بزرگ شود یا r_i بسیار متغیر باشد یا هر دوی آن‌ها. در نتیجه با افزایش متوسط r_i یا افزایش واریانس آن، افزایش می‌یابد و بنابراین در این حالت مجموع مربعات r_i یعنی $\sum r_i$ افزایش می‌یابد. این مثال ذهنی فقط برای یک نسل مطرح شد، درحالی‌که همخونی کل به انباشتگی این اثرات در طول چندین نسل بستگی دارد. بنابراین مقدار ΔF به مجموع مربعات r_i وابسته است که از نسل اجداد به فرزندان آن‌ها انتقال می‌یابد.

۲- سهم ژنتیکی

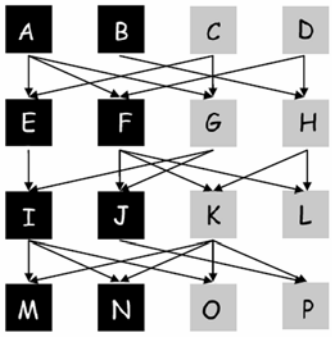
سهم بلند مدت «r_i» برای یک جد i شامل نسبتی از ژن‌ها در جامعه است که به‌طور ارثی از فرد i به نسل‌های بعدی رسیده است. توجه کنید که این سهم با توزیع از یک نسل به نسل دیگر مرتبط است و به‌طور مثال گرچه برادران و خواهران تنی ضریب خویشاوندی بزرگ‌تر از صفر دارند، ولی هر یک نسبت به دیگری سهم ژنتیکی ندارند. سهم ژنتیکی در بلند مدت نشان‌دهنده سهم اثر نمونه‌برداری مندلی یک فرد در تشکیل مخزن ژنی است. این تعریف از این نظر که اثر نمونه‌برداری مندلی، بخش منحصر به‌فردی از تنوع ژنی است که یک فرد به جمعیت اضافه می‌کند، می‌تواند مورد توجه قرار گیرد. ایده سهم نمونه‌برداری مندلی به ما کمک می‌کند تا درک کنیم که مخزن ژنی آینده حاصل سهم ژنتیکی اجداد است.

شکل ۱-۷ یک شجره کوچک را نشان می‌دهد. در هر نسل، سهم اجداد گروه را می‌توان محاسبه نمود. بعد از پنج تا ده نسل، سهم‌های ژنتیکی اجداد به هم می‌پیوندند و با گذشت زمان دیگر تغییری نشان نمی‌دهند و این همان سهم ترکیب شده است که به‌عنوان سهم بلند مدت تلقی می‌شود. سهم r_i در بین اجداد متفاوت است (هر یک بزرگ‌تر یا مساوی صفر) و چون اجداد هر نسل باید تعیین‌کننده کل مخزن ژنی باشند، لذا جمع تمامی r_iهای اجداد مساوی یک

خواهد شد. سهم‌های ژنتیکی اجداد (A-D) برای فرزندان (M-P) شجره شکل ۱-۷، در جدول ۱-۷ نشان داده شده‌اند. این سهم‌ها می‌توانند در شجره از بالا به پایین با رعایت قوانین زیر محاسبه شوند:

الف- اجداد A تا D سهم یک را برای خودشان و سهم صفر را برای سایر اجداد هم نسل‌شان دارند.

ب- هر فرزند در هر نسل میانگین سهم اجداد A تا D را که به پدر و مادر او رسیده‌اند اختیار می‌کند.



شکل ۱-۷ نمونه‌ای از یک شجره. مربع‌های سیاه و سایه‌دار نشان‌دهنده دو جنس هستند.

جدول ۱-۷ سهم از اجداد A، B، C، D به M، N، O، P

	A	B	C	D
M، N، O	۳/۸	۱/۸	۱/۴	۱/۴
P	۳/۸	۱/۸	۳/۸	۱/۸

یک ویژگی مهم سهم‌های بلند مدت ژنتیکی ابتدا توسط ورای و تامپسون[1] (۱۹۹۰) پیشنهاد و سپس توسط ولیامز و بیجما[2] (۲۰۰۰) توسعه یافت. این ویژگی رابطه بین سهم ژنتیکی و ΔF را نشان می‌دهد:

[1] Wray & Thompson
[2] Bijma

$\Delta F = ¼(1-\alpha)\sum r_i^2$ (معادله ۱-۷)

در رابطه فوق r_i سهم ژنتیکی بلند مدت هر فرد است که برای همه افراد در یک نسل جمع می‌شود. α انحراف از آمیزش کاملاً تصادفی را نشان می‌دهد؛ به‌طوری‌که اگر $\alpha>0$ باشد بیان‌گر آمیزش خویشاوندی و اگر $\alpha<0$ باشد نشان‌دهنده آمیزش غیرخویشاوندی است. در پی‌نوشت ۲-۷ دلایل مربوط تشریح شده است. به ارتباط زیاد معادله ۱-۷ و استنتاجات بخش قبلی توجه نمایید.

۳- حداقل‌سازی ΔF در برنامه‌های حفاظتی

برای حداقل‌سازی ΔF در شجره‌ها معادله ۱-۷ به‌صورت ساده‌ای بیان شده است. حداقل‌سازی ΔF نیازمند حداقل کردن $¼(1-\alpha)\sum r_i^2$ در درون و بین نسل‌ها است. برخی از اصول شناخته شده در این زمینه را برمی‌شماریم:

۱- با توجه به این‌که جمع سهم ژنتیکی بلند مدت در یک نسل برابر یک می‌شود، لذا اگر تمامی افرادی که خزانه ژنی آینده را تشکیل می‌دهند، به‌صورت مساوی در این مخزن سهم داشته باشند، مجموع مربعات سهم‌های ژنتیکی و ΔF حداقل خواهند شد.

۲- در نتیجه، تعداد زیاد افراد سهیم در مخزن ژنی (تعداد والدین به ازای هر نسل) باعث کاهش میانگین سهم‌های ژنتیکی و ΔF می‌شود.

۳- اگر دو جنس در جمعیت وجود داشته باشد، همکاری یکسان آن‌ها در مخزن ژنی نیازمند تعداد مساوی نرها و ماده‌ها است که هر کدام داری سهم نیمی از ژن‌ها هستند. توجه داشته باشید که همکاری یکسان افراد در مخزن ژنی آینده، زمانی که انتخاب بین خانواده‌ها انجام می‌شود موضوع مهمی است. البته تعاریف ساده‌تر ΔF جنبه‌های دیگری را که کم‌تر شناخته شده‌اند را روشن می‌سازد.

۴- ΔF با سهم ژنتیکی بلند مدت و نه فقط برای نسل بعد تعریف می‌شود. بنابراین در این تعریف سهم ژنتیکی در همه نسل‌ها توسعه می‌یابد و لذا حداقل‌سازی ΔF از طریق مدیریت سهم‌های ژنتیکی در طول زمان حاصل می‌شود.

۵- حداقل‌سازی ΔF در سیستم‌هایی مطلوب است که در آن‌ها بیش‌تر تلاقی‌ها بین خانواده‌ها انجام می‌شود. چون در آمیزش خویشاوندی، به جهت تفرق هتروزیگوت‌ها، تنوع ژنتیکی و

درنتیجه فراوانی آن‌ها کاهش می‌یابد. روش‌های دیگری نیز برای آمیزش خانواده‌ها وجود دارد که بعداً توضیح داده خواهند شد.

۱-۳- طرح‌های بهینه برای حداقل‌سازی ΔF

زمانی که تعداد نرها بسیار کم‌تر از ماده‌ها است، حداقل‌سازی ΔF یکی از مشکلات مهم است. زیرا حفظ نرهای گله یک مشکل مدیریتی محسوب می‌شود. بنابراین برای یک جمعیت با نسبت ثابت M نر و dM ماده به ازای هر نسل، یک کران حداقل ایجاد شده است. این موضوع در یک بررسی حداقل‌سازی سهم ژنتیکی بلندمدت توسط سانچز و همکاران (۲۰۰۳) تشریح شد. در ابتدا فقط آمیزش تصادفی (α≈۰) بررسی شد. این مطالعه حداقل مقدار $\Delta F \geq [1+2(¼^{d})]/[12M] \approx 1/[12M]$ را برای مقادیر بزرگ d و هم‌چنین چگونگی دستیابی به آن را نشان داد. این مطلب در شکل ۲-۷ نشان داده شده است. این اصول با توجه تحقیقات بعدی بسط و توسعه یافت. گوو و همکاران (۱۹۵۹) دریافتندکه یک والد نر باید با یک پسر و یک والد ماده با یک دختر جایگزین شود. ونگ و همکاران (۱۹۹۷) مشخص کردند برای d>۱، مادری که پسر آن به‌عنوان نر انتخاب شده است، به علت ایجاد عدم تعادل نباید دخترش هم برای تشکیل نسل بعد انتخاب شود، اما در عوض از یک مادر دیگر باید دو دختر در نسل بعد انتخاب شوند تا توزیع مساوی سهم‌های ژنتیکی حاصل شود. سانچز و همکاران (۲۰۰۳) مشخص کردند که حداقل‌سازی ΔF نیازمند مدیریت بین نسل‌ها است و بنابراین نقش اصلاحی هر مادر از روی نقش اصلاحی مادر خودش با توجه به شکل ۲-۷ تعیین می‌گردد. باید توجه کرد که انتخاب افراد بدون توجه به نسل‌های قبل، منجر به توسعه نامساوی سهم ژنتیکی در بلندمدت می‌شود. به‌عنوان مثال CV سهم ژنتیکی بلند مدت برای مقادیر بزرگ d در سیستم ونگ و همکاران (۱۹۹۷) در بین نرهای آمیزشی جمعیت تقریباً ۰/۳۵=[۲√۲]/۱ خواهد بود.
این مقایسات بدون در نظر گرفتن مدیریت‌های آمیزشی انجام شده‌اند. ونگ (۱۹۹۷) نشان دادند که با آمیزش افراد غیرخویشاوند (α<۰)، ΔF می‌تواند نزدیک به ارزش به‌دست آمده توسط سانچز و همکاران (۲۰۰۳) برای آمیزش تصادفی براورد شود. ونگ و همکاران (۱۹۹۷) به‌عنوان یک قانون کلی نشان دادند که α <۰ واریانس سهم ژنتیکی را در بین نسل‌ها کاهش می‌دهد. هم‌چنین سانچز و همکاران (۲۰۰۳) نشان دادند که در صورت آمیزش افرادی با درجه مطلوبی از خویشاوندی و ترکیب آن با اصول اشاره شده در ابتدای این بخش، مقدار ΔF

می‌تواند به پایین‌تر از کران آمیزش تصادفی تنزل یابد. ممکن است این سؤال پیش آید که آیا آمیزش‌های فامیلی در عمل مطلوب هستند یا نه؟ پاسخ به این سؤال را از دو دیدگاه بررسی می‌کنیم:

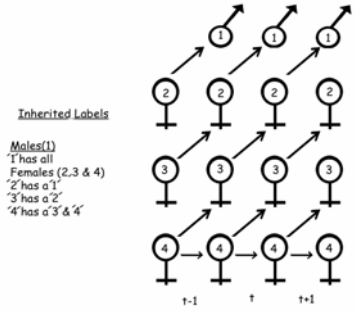
۱- از دیدگاه مثبت:

الف- آمیزش‌هایی با درجات پایین خویشاوندی مطلوب است واین درجه نباید زیاد شود.

ب- این موضوع با ایده تصفیه و پاکسازی سازگار است.

۲- از دیدگاه منفی:

الف- آمیزش خویشاوندان ممکن است باعث ایجاد کاهش شدید عملکرد در اثر همخونی شود. حل این‌گونه مسایل نیازمند اطلاعاتی از تاریخچه و شجره جمعیت است.



شکل ۲-۷ در این طرح کران پایین ΔF با آمیزش تصادفی و برای مقدار d=۳ به‌دست می‌آید. پانزده فرد مختلف نشانه‌گذاری شده در شجره مشخص شده‌اند (سانچز و همکاران، ۲۰۰۳).

۲-۳- روش کار

در عمل چه اقدامی باید صورت پذیرد؟ با یک مثال در مورد یک والد ماده که برای تولید یک پسر به جای فقط داشتن دخترها و یا بر عکس انتخاب می‌شود، چالش‌ها و محدودیت‌های اجرایی تشریح می‌شود. این امر نیازمند طراحی الگوهای بسیار دقیقی است. در حال حاضر، کارایی روش‌های آمیزشی یکی از موارد مورد بحث است که نیازمند تحقیقات بیش‌تری است. یک روش مؤثر و کارآمد توسط گراندی و همکاران (۱۹۹۸) شرح داده شده است. آن‌ها سهم ژنتیکی را بعد از حداقل‌سازی هم‌تباری گروه در بین تمامی والدین از طریق ممانعت از شرکت

خویشاوندان در برنامه‌های آمیزشی ($\alpha<0$) محاسبه نمودند. در این حالت هم‌تباری گروه به‌صورت ($\frac{1}{2}\mathbf{c}^T\mathbf{Ac}$) تعریف می‌شود که $\mathbf{c}$ بردار سهم ژنتیکی منتقل شده به نسل بعد و $\mathbf{A}$ ماتریس رابطه خویشاوندی است. در مقایسه با این روش، فرناندز و همکاران (۲۰۰۳) روش کارآمدتری را نسبت به روش سانچز ارایه دادند. در این فصل از توضیح در مورد اصول این روش‌ها خودداری می‌کنیم. سانچز و همکاران (۲۰۰۳) نشان دادند که بهترین روش، لزوماً براساس ممانعت از شرکت خویشاوندان در تلاقی‌ها نیست. به نظر آن‌ها براوردها و پیش‌بینی‌ها می‌توانند بر اساس اصول تئوری و با استفاده از مؤلفه‌های واریانس انجام شوند. هدف این تحقیق حداقل کردن هم‌تباری گروه‌ها بود که در فصل ۸ تشریح می‌شود.

در زیر به چندین نکته که برای حذف تنگناهای ژنتیکی[1] و در نتیجه از بین رفتن واریانس‌های ژنتیکی می‌شوند اشاره می‌کنیم.

۱- مدیریت تنوع با ضریب خویشاوندی والدین

۲- مدیریت تنوع با ضریب خویشاوندی نتاج

۳- مدیریت تعداد مؤثر افراد پایه[2] جمعیت در یک نسل پایه دلخواه، در حالی‌که باید سهم‌های ژنتیکی برای همه نسل‌ها مدیریت شود نه فقط برای افراد پایه.

معادله ۱-۷ جنبه‌های مختلف مدیریتی که در یک مدیریت خوب ژنتیکی مشکل ایجاد می‌کنند را نشان می‌دهد. چندین عامل افزایش دهنده (ΔF) در زیر بررسی می‌شوند:

۱- شانس نامساوی افراد برای شرکت در تلاقی. مثلاً یک نر در تعداد زیادی تلقیح مصنوعی شرکت می‌کند و بقیه به‌دلیل عدم استفاده منظم و برنامه‌ریزی شده از تلقیح مصنوعی، شانس کم‌تری برای لقاح دارند و یا این‌که یک نر برای چندین فصل پرورشی حفظ شده باشد، در حالی‌که سایر نرها در ابتدای دوره پرورشی حذف شده باشند.

۲-زمانی‌که در اثر مدیریت مختلف خانواده‌ها، نتاج قدرت زنده ماندن متفاوتی داشته باشند یا بیماری‌های توارثی داشته باشند و یا استانداردهای لازم مشاهده نشود. در مورد اخیر باید گفت هر نژادی استانداردهای ظاهری دارد که قبلاً مشخص شده است. نتاجی که در جمعیت هستند برخی از این استانداردها را نشان نمی‌دهند. خطر این است که در پذیرفتن این افراد اکراه وجود دارد. چون احساس می‌شود که این افراد فرزندان استاندارد تولید نکنند و اعتبار نژاد از بین برود و این مشکل ممکن است باعث شود که نتایج آزمایشات مخفی نگاه داشته شود. این

[1] Genetic bottlenecks
[2] Founders

فشار برروی جمعیت ممکن است فرسایش ژنتیکی غیرضروری به‌وجود آورد. در مورد بیماری‌های توارثی و نداشتن استانداردهای لازم ظاهری، سازوکار بهتر این است که بررسی کنیم که چه مقدار از این معایب ژنتیکی است وکدام افراد حامل این ژن‌ها هستند وچه برنامه اصلاح نژادی می‌تواند کم‌ترین بروز مشکل را در پی داشته باشد. این روش کاربردی از روش بهینه‌سازی سهم ژنتیکی است که در فصل ۸ تشریح شده است.

۳- انتخاب مصنوعی اغلب باعث ایجاد تنوع در سهم ژنتیکی می‌شود، همان‌گونه که انتخاب درون فامیلی کم‌اثر یا بی‌اثر است. با توجه به شرایط بند قبل و توضیحات بعدی انتخاب می‌تواند مفید باشد. بیش‌تر مشکلات در زمان انتخاب یک نر از میان سایر نرها براساس عملکرد ویژه آن پیش می‌آید که این امر باعث ترجیح استفاده بیش‌تر از این نر در آمیزش‌ها و در نتیجه ایجاد سهم ژنتیکی نابرابر بین افراد می‌شود. این یکی از مشکلات اجتماعی خیلی از نژادها است. چرا که بیش‌تر اصلاح‌گران، حیوانات مورد علاقه خود را به‌عنوان یک سرگرمی برای تلقیح انتخاب می‌کنند. این امر نیازمند ایجاد قوانینی است که بتوان به افرادی که جهت حفظ تنوع در بلند مدت جمعیت‌هایی را نگهداری می‌کنند، پاداش‌هایی داد. روش‌های انتخاب سیستماتیک در فصل ۸ تشریح شده است.

۳-۳- مطالعات ژنومی

آیا مدیریت شجره می‌تواند پاسخگوی کامل نیازهای ما باشد؟ در اکثر موارد پاسخ مثبت است. اما ونگ[1] و هیل[2] (۲۰۰۰) به این نکته اشاره کردند که اگر انتخاب براساس آلل‌های به‌ارث رسیده به نتاج انجام شود، در این صورت از نظر تئوری اندازه جمعیت مؤثر می‌تواند نامحدود شود. این مطلب می‌تواند از دست رفتن تنوع را با این اطمینان کاهش دهد که والدین جایگزین دارای تعداد مساوی از نسخه‌های قطعات DNA از هر والد هستند. البته اگر نرخ آمیزش d>۱ باشد، توازن بین قطعات DNA غیر ممکن است. اگر d=۱ باشد، دیگر تنوعی از بین نخواهد رفت و به اندازه جمعیت مؤثر نامحدود جامعه خواهیم رسید. در عمل این موضوع به علت نیازمند بودن به خانواده‌های بزرگ با اندازه‌های ژنومی متفاوت امکان‌پذیر نیست. اما با توجه به تعیین ژنوتیپ‌های SNP با پراکندگی زیاد در ژنوم می‌توان امیدوار بود که با انتخاب

[1] Wang
[2] Hill

درون خانواده‌ها بتوان عدم تعادل بین قطعات همولوگ هر والد را در والدین جایگزین حداقل نمود و با این کار سهم ژنتیکی واقعی را به پیش‌بینی‌ها نزدیک کرد. این بدین معنی است که می‌توان با طراحی صحیح آمیزش‌ها، طی تکامل گونه‌ای تنوع را نیز حفظ نمود. فناوری‌های ژنومی برای به‌دست آوردن داده‌ها از طریق آزمون‌های مختلف توسعه یافته‌اند. اما هنوز ما در تفسیر ارتباط داده‌های ژنومی با فنوتیپ‌ها در ابتدای راه هستیم. حداقل برای پنج سال آینده، ما تعداد زیادی داده‌ها بر اساس نشان‌گرهای ژنتیکی برای افراد خواهیم داشت. اما قطعاً براورد ما در مورد اثرات آن‌ها محدود است. مزیت دیگر استفاده از DNA، تشخیص تنوع موجود در خانواده‌ها است: برای M=۱۰ نر با d بزرگ در صورت مدیریت عالی شجره، ΔF=۱:۱۲۰ می‌شود و با مدیریت نامطلوب هم ΔF، پنج برابر بیش از حالت فوق می‌شود. این دیدگاه در مورد مدیریت شجره‌ها، با مطالعات شبیه‌سازی داده‌ها تأیید شد.

٤- انتخاب

در گونه‌هایی با تعداد خانواده‌های زیاد، مدیریت شجره برای حداقل‌سازی ΔF می‌تواند با انتخاب صحیح درون فامیلی همراه شود که در این صورت بهره ژنتیکی نیز افزایش خواهد یافت. هم‌چنین در بسیاری از روش‌های تجاری اصلاح نژاد، بهره ژنتیکی (ΔG) کافی نبوده و نیازمند جایگزین کردن روش‌های دیگری هستیم که بتوانند تنوع را با درجاتی از انتخاب بین خانواده‌ها مدیریت کند. در مدیریت تنوع با چنین الگویی، هر دو فرایند انتخاب و آمیزش، نقش اصلی را بازی می‌کنند و لذا جداسازی این دو فرایند می‌تواند مفید باشد؛ چرا که اصول مدیریتی انتخاب به خوبی شناخته شده‌اند. درحالی‌که اصول سیستم‌های آمیزشی پیشرفت‌های کم‌تری داشته‌اند.

همان‌گونه که قبلاً گفته شد، هدف اصلی حفاظت مشخص است: در هر نسل همه افراد باید نسبت به هم‌نسل‌های خود، سهم ژنتیکی بلند مدت مساوی داشته باشند. هم‌چنین بنا به تعریف، هر درجه از انتخاب بین خانواده‌ها، سهم ژنتیکی متفاوتی را در برنامه‌های اصلاحی مؤثر ایجاد می‌کند. این مقادیر مختلف تنوع با اصطلاح نمونه‌گیری مندلی (a) برای هر فرد مرتبط است. این موضوع بیان‌گر شباهت معادله ΔG با معادله ۱-۷ است و مشخص می‌کند که ΔG برابر مجموع حاصل‌ضرب سهم‌های ژنتیکی بلندمدت در نمونه‌گیری مندلی است.

$\Delta G=\sum ra$ (معادله ۲-۷)

چرا حاصل‌ضرب با تلاقی با اثرات نمونه‌گیری مندلی و نه با ارزش‌های اصلاحی (A)؟ دلیل این امر این است که عبارت نمونه‌برداری مندلی نشان دهنده سهم ژنتیکی منحصر به فرد هر فرد است. درحالی‌که ارزش‌های اصلاحی حاصل تجمع اثرات مندلی افراد و اجداد آن‌ها است. بنابراین جایگزینی a در معادله ۲-۷ با A باعث براوردهای اضافی می‌شود.

پی‌نوشت ۱-۷- اصطلاح نمونه‌گیری مندلی

در کل DNA اتوزمی (غیرجنسی)[1] هر فرد، نیمی از ژن‌ها از مادر و نیم دیگر از پدر به ارث رسیده‌اند. علاوه بر این هریک از ژن‌ها به‌صورت تصادفی از والدین انتخاب و به فرزندان منتقل شده‌اند. بنابراین ارزش ارثی مورد انتظار برای نتایج (A_{off})، میانگین ارزش‌های ارثی پدر (A_{sire}) و مادر (A_{dam}) است؛ یعنی $E[A_{off}]=½A_{sire}+½A_{dam}$ که در این رابطه E[] مقدار مورد انتظار را نشان می‌دهد. این موضوع را می‌توان به‌صورت یک مدل رگرسیون خطی یعنی $A_{off}=½A_{sire}+½A_{dam}+\alpha$ نشان داد. در این رابطه α انحراف نتاج را از میانگین والدین آن‌ها است که اثر نمونه‌گیری مندلی نامیده می‌شود و امید ریاضی آن به‌صورت $E[\alpha]=0$ است. هم‌چنین می‌توان واریانس α را با در نظر گرفتن واریانس‌های دو طرف معادله برای A_{off} محاسبه کرد:

$Var[\alpha]=½(1-\alpha)\sigma_A^2$

در این رابطه α نشان دهنده انحراف از آمیزش تصادفی و σ_A^2 واریانس ژنتیکی در جامعه پایه قبل از انتخاب است. بنابراین اثر نمونه‌گیری مندلی در آمیزش تصادفی حاصل ½ واریانس ژنتیکی در جامعه پایه است. دلیل ایجاد اثر نمونه‌گیری مندلی این است که آلل‌هایی که توسط والدین از فرزندی به فرزند دیگر منتقل می‌شوند متفاوت هستند. این امر به‌علت نمونه‌برداری از بین دو آلل در یک جایگاه ژنی در هر فرد است. ازآن‌جایی‌که این تعریف، هر فرد را از نظر ژنتیکی منحصر به فرد می‌سازد، هم‌چنین منبع واریانس ژنتیکی درون خانواده‌ها است و به‌علاوه تنی‌ها را از یکدیگر متفاوت می‌سازد، از اهمیت خاصی برخوردار است.

[1] Autosomal DNA

گراندی و همکاران (۱۹۹۸) پیش‌بینی کردند که با توجه به معادلات ۱-۷ و ۲-۷، روش‌های اصلاحی که برای حداکثر بهره ژنتیکی بهینه شده‌اند، باید سهم ژنتیکی بلند مدت هر فرد را در رابطه با اثر نمونه‌گیری مندلی (برای همان درجه از همخونی) در نظر بگیرند. یک پیش‌بینی تأیید شده توسط آوندانو و همکاران (۲۰۰۴) در زیر شرح داده می‌شود. در نهایت سهم ژنتیکی مورد نظر، به‌علت تغییر در براورد شایستگی ژنتیکی در طول زمان تغییر می‌یابد. اما این فقط تنها منبع ایجاد محدودیت در سهم ژنتیکی مطلوب نیست. حتی اگر ارزش اصلاحی افراد با دقت کامل شناخته شده باشند، سهم مطلوب ژنتیکی والدین افراد با توجه به مشخص شدن ارزش‌های ژنتیکی نتاج آن‌ها تغییر می‌یابد؛ لذا سهم ژنتیکی آن‌ها نمی‌تواند به‌طور مستقل و بدون تغییر در سهم ژنتیکی بلند مدت والدین تعیین شود. به یاد داشته باشید که $r_{parent}= \frac{1}{2} \sum r_{offspring}$.

۱-٤- سهم ژنتیکی بهینه: محدودیت

روش‌هایی برای رفع مشکلات مدیریت تنوع در مرحله انتخاب ارایه شده‌اند که همگی در پی یافتن راه‌حلی برای نکات زیر هستند:

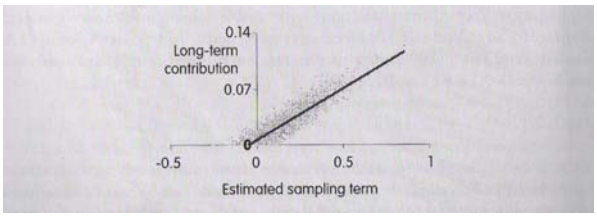
حداکثرسازی $\mathbf{c}^T\mathbf{g}$: در این حالت ما در معرض پنج محدودیت قرار داریم که شامل $\frac{1}{2}\mathbf{c}^T\mathbf{A}\mathbf{c} \leq F^*$، $\mathbf{c}^T\mathbf{s}=\frac{1}{2}$، $\mathbf{c}^T\mathbf{d}=\frac{1}{2}$، $\mathbf{h} \leq \mathbf{c}$، و $\mathbf{c} \leq \mathbf{m}$ هستند. در این رابطه $\mathbf{c}$ بردار سهم‌های ژنتیکی نامزد برای نسل بعد، $\mathbf{s}$ و $\mathbf{d}$ به ترتیب بردارهای شاخص برای نر و ماده، و $\mathbf{m}$ و $\mathbf{h}$ به ترتیب کران‌های بالا و پایین سهم‌های ژنتیکی هستند. محدودیت $\mathbf{c} \leq \mathbf{m}$ زمانی قابل چشم‌پوشی است که یک نامزد محدودیتی برای حداکثرسازی سهم‌های ژنتیکی نداشته باشد. اگر هیچ نامزدی محدودیتی در مورد سهم ژنتیکی حداقل نداشته باشد عبارت $\mathbf{h} \leq \mathbf{c}$ به $\mathbf{c} \geq ۰$ تبدیل می‌شود. F^* از روی گروه هم‌تبار در نسل کنونی والدین و مقدار ΔF مطلوب محاسبه می‌شود.

۲-٤- سهم ژنتیکی بهینه: طرح

برای استفاده از سهم‌های ژنتیکی بهینه یک طرح اولیه وجود دارد (گراندی و همکاران، ۱۹۹۸ و آواندانو و همکاران، ۲۰۰۴ را ببینید). اولاً درصورتی‌که محدودیتی وجود نداشته باشد، سهم‌های بهینه ژنتیکی، در مورد نرها و ماده‌ها مشابه عمل می‌کند. به‌طوری‌که در مقایسه با براورد شایستگی ژنتیکی، در این‌جا از تعداد مساوی والدین با توزیع‌های یکسان سهم ژنتیکی

استفاده می‌شود. ثانیاً نحوه توزیع سهم‌های ژنتیکی شبیه شکل ۳-۷ است. به‌طوری‌که یک رابطه خطی حداقلی با نمونه‌گیری مندلی براورد زده شده و با واریانس‌های رگرسیونی که به‌شدت کنترل شده است وجود دارد.

با توجه به این که اثر نمونه‌برداری مندلی یک مزیت انتخابی است، تفسیر آن به‌عنوان فرمی از انتخاب درون فامیلی دشوار و همراه با اشتباه است. چیزی که اتفاق می‌افتد این است که در هر نسل، سهم‌های ژنتیکی مختلف اولیه در مقایسه با بهترین براورد نمونه‌گیری مندلی که در همان زمان ایجاد می‌شود، امکان ظهور پیدا می‌کنند. بنابراین در همه مراحل یک مقدار حداقل از شدت انتخاب در بین خانواده‌ها به هدر می‌رود. به‌عنوان مثال اگر برای یک فرد شایستگی حداکثر سهم ژنتیکی نسبت به سایرین براورد شود، چرا باید در دور اول انتخاب سهم آمیزشی یکسانی به آن‌ها داده شود؟ همان طوری‌که سهم ژنتیکی بهینه، به‌واسطه مشکلاتی که در عمل با آن‌ها مواجه هستیم (مثل ظرفیت تولیدمثلی) به‌طور فزاینده‌ای محدود می‌شود. اگرچه اصول پابرجا هستند، ولی کاربرد این طرح مبهم‌تر می‌شود. فهمیدن این مطلب مهم است که استفاده از الگوریتم بهینه سهم ژنتیکی باعث افزایش بهره ژنتیکی می‌شود؛ چرا که مقدار همخونی را در الگوهای اصلاح نژادی مشخص می‌کند و بنابراین مؤسسه‌های اصلاح نژادی با به‌کار بردن الگوریتم بهینه سهم ژنتیکی دچار ضرر و زیان نخواهند شد. کاربرد این روش در فصل ۸ بیان شده است.



شکل ۳-۷ توزیع سهم بلندمدت وقتی که بهره ژنتیکی حداکثر است، ولی تنوع برحسب نمونه‌گیری مندلی مدیریت می‌شود.

۵- پیش‌بینی ΔF

یکی از بخش‌های مهم طراحی روش‌های اصلاح نژادی، توانایی پیش‌بینی اثر عوامل مختلف روی ΔF است. رابطه بین ΔF و سهم ژنتیکی بلند مدت که در معادله ۱-۷ نشان داده شده است

دارای محدودیت‌هایی برای پیش‌بینی است، زیرا این رابطه تابعی از سهم‌های ژنتیکی مشاهده شده است و لذا نمی‌تواند براوردها و پیش‌بینی‌هایی را برای آینده فراهم آورد. به‌طور مثال وقتی شدت انتخاب افزایش می‌یابد چه اتفاقی می‌افتد؟ زمانی‌که انتخاب در هر نسل براساس شجره صورت نگیرد (مثل انتخاب تصادفی)، برای پیش‌بینی ΔF مشکلی وجود ندارد و به‌راحتی قابل حل است. البته زمانی‌که انتخاب براساس یک صفت که به شکل‌های مختلف به ارث می‌رسد صورت پذیرد، پیش‌بینی ΔF پیچیده‌تر می‌شود. زیرا هر نسل از انتخاب نمی‌تواند مستقل از نسل‌های گذشته مورد بررسی قرار گیرد. هر فرد با توجه به شایستگی‌هایی که دارد، به‌عنوان والد برای نسل بعد انتخاب می‌شود و بنابراین قسمتی از این شایستگی‌ها را به نتاج خود منتقل می‌کند. نتاج نیز بخشی از شایستگی‌ها را به فرزندان خود منتقل می‌کنند و بدین ترتیب نوه‌ها و نتیجه‌ها بخشی از مزیت‌های ژنتیکی والد اولیه خود را دریافت می‌کنند. بنابراین شایستگی‌های انتخابی یک والد به سهیم بودن بلند مدت او در نسل‌های بعد بستگی دارد.

این مشکل می‌تواند از طریق براورد سهم ژنتیکی بلند مدت هر فرد براساس پیشرفت انتخابی خودش حل شود. زمانی که انتخاب براساس فنوتیپ (انتخاب توده‌ای[1]) و با الگوی وراثتی ساده انجام شود، تنها پیشرفت انتخابی برای فرد (i)، ارزش اصلاحی آن فرد یعنی A_i است و بنابراین رابطه $\mu_i = E(r_i \text{ given } A_i)$ یا $E(r_i|A_i)$ برقرار می‌گردد.

ولیامز و بیجما (۲۰۰۲) نشان دادند که در آمیزش تصادفی (α=۰) با تعداد فرزندان با توزیع پواسن، می‌توان معادله ۱-۷ را با معادله زیر جایگزین نمود:

$$\Delta F = \tfrac{1}{2} \sum E[\mu_i^2] \qquad \text{(معادله ۳-۷)}$$

به‌عبارت دیگر سهم ژنتیکی مشاهده شده می‌تواند با امید ریاضی‌های فوق جایگزین شود؛ به‌شرط این‌که ضریب ۰/۲۵ نیز با ضریب ۰/۵ جایگزین شود. در انتخاب توده‌ای (فنوتیپی) می‌توان با فرض یک مدل خطی برای μ_i، پیش‌بینی‌های دقیقی از ΔF انجام داد. در این حالت مشتقات ضرایب در مدل خطی در پی‌نوشت ۳-۷ شرح داده شده‌اند. این مدل می‌تواند با فرض وجود دیپلوییدهای تک جنسی ساده‌تر شود. ولیامز و همکاران (۱۹۹۹) محاسبه μ_i را در حالت‌هایی از قبیل دوجنسی، نسل‌های هم‌پوشان و هم‌چنین در مدل‌های وراثتی مختلف و شاخص‌های انتخاب تشریح کردند. هم‌چنین رونگارد و ولیامز (۲۰۰۳) مدل‌هایی را با اثرات مادری برای محاسبه μ_i توسعه دادند. سپس از معادله ۳-۷ برای پیش‌بینی ΔF در شاخص

[1] Mass Selection

انتخاب نسل‌های هم‌پوشان و انتخاب توده‌ای و انتخاب به روش قطع[۲] با (BLUP) استفاده شد. این پیش‌بینی‌ها می‌توانند با نرم افزارهایی مثل (SelAction) انجام شوند.

برخی از نتایج به‌صورت الگو در شکل ۴-۷ نشان داده شده‌اند. در این شکل، یک الگوی مشابه همخونی در حالت‌های آمیزش تصادفی (که در این‌صورت پیشرفت ژنتیکی وجود ندارد)، انتخاب توده‌ای یا انتخاب به روش قطع با ارزش‌های ارثی پیش‌بینی شده BLUP مقایسه شده است. واضح است که انتخاب توده‌ای ΔF را افزایش می‌دهد، اما مقدار آن بسیار کم‌تر از انتخاب به‌روش قطع روی BLUP است. در هر صورت تفاوت آشکاری در رابطه با مقدار توارث‌پذیری وجود دارد. برای صفات انتخابی وقتی توارث‌پذیری از صفر بیش‌تر می‌شود، هم‌زمان ΔF نیز افزایش می‌یابد. تا جایی‌که توارث‌پذیری به محدوده‌ی ۰/۴ تا ۰/۷ می‌رسد این مقدار ΔF ثابت می‌ماند و پس از آن مقدار آن کاهش می‌یابد. در صورتی که در حالت انتخاب به روش قطع روی BLUP، ΔF به طور یکنواخت کاهش می‌یابد و تا وقتی که توارث‌پذیری به یک می‌رسد، این منحنی با منحنی انتخاب توده‌ای به یک همگرایی می‌رسد (چون وقتی ارزش ارثی از روی اطلاعات فنوتیپی براورد می‌شود، اطلاعات بیش‌تری از خانواده‌ها وجود ندارد). هم‌چنین شکل نشان می‌دهد که چگونه مقدار ΔF با اندازه خانواده افزایش می‌یابد، چون در خانواده‌های بزرگ‌تر شدت انتخاب نیز می‌تواند افزایش یابد. توجه کنید که فقط انتخاب توده‌ای در شکل ۴-۷ نشان داده شده است، اما برای خانواده‌های با اندازه مشابه در حالت انتخاب روش قطع روی BLUP، ΔF بیش‌تر از حالت انتخاب توده‌ای است تا وقتی که h^2 به‌سمت یک میل می‌کند. هم‌چنین توجه داشته باشید که گرچه در شکل ۴-۷ نشان داده نشده است، اما رابطه بین ΔF و ΔG در الگوی انتخاب به روش قطع غیرخطی است. در یک توارث پذیری مشخص، آمیزش توده‌ای نسبت به آمیزش تصادفی گرچه پیشرفت ژنتیکی حاصل می‌شود، ولی ΔF افزایش می‌یابد. اما در همین توارث‌پذیری، گرچه با انتخاب به روش قطع روی BLUP در مقایسه با انتخاب توده‌ای، بهره‌ی ژنتیکی به نسبت افزایش می‌یابد، ولی ΔF به‌طور وحشتناکی افزایش می‌یابد.

[2] Truncation Selection

پی‌نوشت ۲-۷- ارتباط بین ΔF و سهم ژنتیکی

مثال زیر در مورد یک جمعیت ساده دیپلویید با آمیزش تصادفی است. یک جمعیت پایه با N فرد در نسل t=0 با تعداد 2N آلل در نظر بگیرید. فرض کنید که Q یکی از آلل‌ها باشد. در این صورت فراوانی آللی در نسل صفر به صورت $f_Q(0)=(2N)^{-1}$ خواهد بود. یک صفت کمّی برای فرد i در صورتی که این فرد فاقد آلل Q باشد، به‌صورت PQ(i)=0 در نظر گرفته می‌شود و اگر فرد i برای آلل‌های Q هتروزیگوت باشد، PQ(i)=½ است و اگر فرد i برای آلل‌های Q هموزیگوت باشد، PQ(i)=1 می‌شود. در جمعیت پایه، یکی از افراد i دارای رابطه PQ(i)=½ است. در حالی‌که سایر افراد صفر باقی می‌مانند. در همه نسل‌های بعدی فراوانی آلل Q می‌تواند به‌صورت زیر افزایش یابد:

$$f_Q(t)=\sum_{\text{base individuals j}} r_j(0,t)A_Q(j)+\sum_{\text{generation u=1…t}} \sum_{\text{individuals j}} r_j(u,t)a_Q(j)$$

در این رابطه $A_Q(j)$ ارزش ارثی فرد j برای صفت P_Q (½ یا 0) و $a_Q(j)$ اثر نمونه‌گیری مندلی برای صفت P(Q) در فرد j است. به دلیل این‌که این آلل یک آلل منحصر به فرد در جمعیت پایه است، بنابراین سهم آن در میزان همخونی در زمان نسل t با آمیزش تصادفی، به‌صورت این رابطه خواهد بود: $F_Q(t)= E[f_Q(t)^2]$.

FQ(t) یک فرم بسیار ساده دارد، زیرا مقدار مورد انتظار همه حاصل‌ضرب‌ها، صفر است. بنابراین:

$$F_Q(t)=E[\sum_{\text{base individuals j}} r_j(0,t)^2A_Q(j)^2]+E[\sum_{\text{generation u=1…t}} \sum_{\text{individuals j}} r_j(u,t)^2a_Q(j)^2]$$

ازآن‌جایی که این آلل خنثی است، لذا بین r_j^2 و $A_Q(j)^2$ یا $a_Q(j)^2$ هیچ کوواریانسی وجود ندارد و $E[A_Q(j)^2]=(4N)^{-1}$ خواهد بود. توجه کنید که از آن‌جایی که جمعیت پایه اختیاری بوده و یک ساختار ثابت با فشار انتخابی ثابت است، بنابراین مقدار $E[\sum_{\text{generation}} r_j(u,t)^2]$ ثابت خواهد بود. مقدار $E[\sum r_j^2]$ از نسل صفر تا نسل فعلی ناچیز خواهد بود (وقتی سهم‌های ژنتیکی در بلندمدت در نظر گرفته می‌شوند). همان‌گونه که بعداً ملاحظه می‌شود، این مقدار اثری در تثبیت یا حذف همگرایی ندارد و برای ساده‌سازی معادلات نادیده گرفته می‌شود. محاسبه واریانس‌های نمونه‌برداری مندلی شرح داده نخواهند شد، اما در نسل t باچشم‌پوشی از عبارت‌های ردیف دوم، $E[a_Q(j)^2]\approx(8N)^{-1}(1-\Delta F)^t$ خواهد شد. بنابراین:

$$F_Q(t)=E[\sum r_j^2](4N)^{-1}+E\sum r_j^2](8N)^{-1}(\sum_{\text{generation 1 to t}}(1-\Delta F)^u)$$

حالا توجه کنید که ضریب خویشاوندی در نسل t به‌صورت $F(t)=\sum_{\text{base alleles}} F(t)$ خواهد بود.

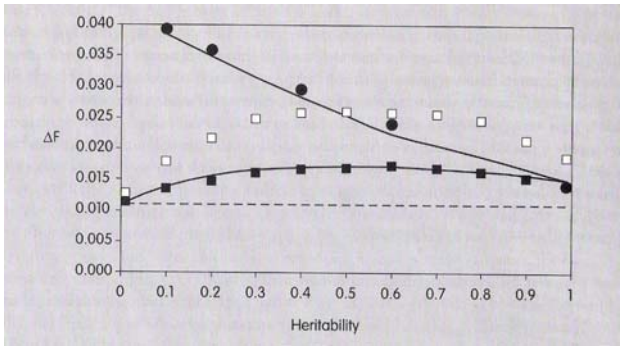
ازآن‌جایی‌که Q یک آلل انتخابی اختیاری است، F(t) به‌صورت زیر خواهد بود:

$$2NF_Q(t)=¼E[\sum r_j^2](1+\sum_{o\ to\ t}(1-\Delta F)^u)$$

اگر t به‌سمت بی‌نهایت میل کند، $F_{(t)}=۱$ خواهد شد و حاصل‌جمع $\sum_{0\ to\ t}(1-\Delta F)^u$ هم برابر ΔF^{-1} خواهد شد. بنابراین بعد از مرتب کردن این عبارات، رابطه:

$$\Delta F=¼E[\sum r_j^2](1+\Delta F)\approx¼E[\sum r_j^2]$$

به‌دست می‌آید. بنابراین ΔF یک تابع مستقیم از $¼E[\sum r_j^2]$ بوده و خطا در رابطه $\Delta F=¼E[\sum r_j^2]$ برابر با O(ΔF) خواهد بود که در عمل این مقدار خطا خیلی کوچک است. این نحوه اثبات می‌تواند برای هنگامی که دو جنس وجود دارند، به همین نتیجه منجر شود (ولیامز و بیجما، ۲۰۰۰) و هم‌چنین برای آمیزش غیرتصادفی در جایی که فاکتور مورد بررسی $¼(1-\alpha)$ شود تعمیم یابد. α انحراف از تعادل هاردی- واینبرگ را نشان می‌دهد. توجه کنید که (¼) از عبارت مربوط به واریانس نمونه‌گیری مندلی منشأ گرفته و میزان افزایش در همخونی را که به‌واسطه سهم منحصر به فرد هر یک از افراد به‌وجود آمده است نشان می‌دهد.



شکل ٤-۷ رابطه مقادیر پیش‌بینی شده (خطوط) و شبیه‌سازی شده (علایم) ΔF همخونی با توارث‌پذیری (h^2) برای جمعیتی با ۲۰ نر و ۲۰ ماده و تعداد متفاوتی نتاج به ازای هر ماده (n_o، فرض می‌شود داخل یک جمعیت ثابت است، n_o ½ هر جنس). ---، انتخاب تصادفی، n_o=۸؛ مربع‌های سیاه، انتخاب توده‌ای، n_o=۸؛ دایره‌های سیاه، BLUP، n_o=۸، مربع‌های سفید، انتخاب توده‌ای، n_o=۳۲. بر اساس اطلاعات بیجما و همکاران (۲۰۰۰) و بیجما و ولیامز (۲۰۰۰).

پی‌نوشت ۳-۷- سهم ژنتیکی مورد انتظار در یک جمعیت با یک جنس

نتایج پیش‌بینی جریان ژنی و ΔF را می‌توان در یک جمعیت تک جنسی با آمیزش تصادفی و انتخاب توده‌ای دنبال نمود. یک جمعیت را با T عضو حاصل از تلاقی N والد منتخب و یک صفت انتخابی با وراثت‌پذیری h^2 و ارزش ارثی A_I برای هر فرد i در نظر بگیرید. در انتخاب توده‌ای ارزش ارثی یک مزیت انتخابی است که بخشی از آن توسط نتاج به ارث می‌رسد. فرض کنید r_i سهم ژنتیکی بلند مدت جد i باشد (خود لقاحی را در نظر نمی‌گیریم). در این صورت:

$$r_i=\frac{1}{2}\sum_{j\ offspring} r_j$$

برای محاسبه جریان ژنی مورد انتظار از یک فرد ، محاسبه $\mu_i=E[\ r_i|A_i]$ ضروری است و در این حالت یک مدل خطی به صورت $\mu_i= \alpha+\beta(A_i-A_{bar(i)})$ تنظیم می‌شود. برای محاسبه این مقدار مورد انتظار، ساده‌ترین راه این است که ابتدا در نظر بگیریم که رابطه زیر برقرار است: $E[r_i|A_i,n_i]=\frac{1}{2}n_iE[r_j|A_i]$. در این رابطه n_i تعداد نتاج انتخاب شده از فرد i هستند. انتقال مزیت انتخابی در خلال نسل‌ها می‌تواند در قالب مدل زیر بیان شود:

$$(A_j-A_{bar\ j})=\pi(A_i-A_{bar(i)})$$

در این رابطه $A_{bar(.)}$ میانگین ارزش ارثی کل گروه انتخاب شده در یک نسل است و بنابراین رابطه زیر برقرار می‌شود:

$$E[r_j|A_i]=\alpha+\beta\pi(A_i-A_{bar(i)})$$

این رابطه با فرض وجود یک تعادل تقریبی در کل نسل‌ها پس از گذشت چند نسل برقرار است. علاوه بر این اجداد برتر دارای نتاج انتخاب شده بیش‌تری خواهند بود. بنابراین میانگین تعداد انتخاب شده‌ها به‌ازای هر والد از یک گونه دیپلوییید دو خواهد بود و رابطه خطی $2(1+\lambda(A_i-A_{bar(i)}))$ مدل بهتری برای این موضوع محسوب خواهد شد. بنابراین مجدداً با فرض تعادل تقریبی، رابطه زیر برقرار می‌شود:

$$\alpha+\beta(A_i-A_{bar(i)})=\frac{1}{2}.2.(1+\lambda(A_i-A_{bar(i)}))(\alpha+\beta\pi(A_i-A_{bar(i)})$$

این رابطه به ما اجازه می‌دهد که β را با α از طریق معادل شمردن این عبارات در رابطه $(A_i-A_{bar(i)})$ جایگزین کنیم. به‌عبارت دیگر $\beta=(1-\pi)^{-1}\lambda\alpha$. به راحتی دیده می‌شود که میانگین سهم‌های ژنتیکی والدین انتخاب شده باید یکسان باشند. بنابراین $\alpha=N^{-1}$ خواهد شد. براساس تئوری انتخاب استاندارد، رابطه $\lambda=i\sigma_P^{-1}$ برقرار می‌شود که در این رابطه i شدت انتخاب و σ_P

انحراف معیار هستند. هم‌چنین رابطه $\pi=½ (1-kh^2)$ نیز برقرار است که در آن k ضریب کاهش واریانس است و در نتیجه عبارت $\beta=2iN^{-1}(1+kh^2)^{-1}$ برقرار خواهد شد. توجه داشته باشید که به علت افزایش رقابت بین سایر والدین، ارزش مزیت انتخابی از نصف نیز کم‌تر خواهد شد. بنابراین رابطه زیر برقرار خواهد شد:

$$\mu_i=N^{-1}[1+2i(1+kh^2)^{-1}\sigma_P^{-1}(A_i-A_{bar(i)})]$$

ولیامز و بیجما (۲۰۰۰) با این تعریف از عبارت μ_i، نشان دادند که $\Delta F=½E[\mu_i^2]$ با فرض این‌که اندازه نتاج تابع توزیع پواسن است. بنابراین برای یک جمعیت تک جنسی با انتخاب فردی، رابطه:

$$\Delta F=(2N)^{-1}[1+4i^2(1+kh^2)^{-2}h^2(1-kh^2)]$$

را داریم. با چشم‌پوشی از $O(N^{-2})$، بعد از انتخاب رابطه زیر برقرار خواهد بود:

$$Var(A_i-A_{bar(i)})=h^2\sigma_P^2(1-kh^2)$$

مزیت این نتیجه این است که فقط شرایط متوسط شایستگی‌های انتخابی مدل‌سازی می‌شوند که می‌توانند برای انواع گسترده‌ای از ساختارهای ژنتیکی با استفاده از روش ولیامز و همکاران (۱۹۹۲) انجام شوند. این روابط توسط بیجما و همکاران (۲۰۰۰) و بیجما و ولیامز (۲۰۰۰) به‌ترتیب به فرمول‌های پیش‌بینی برای روش‌های انتخاب فردی و انتخاب کوتاه مدت با BLUP توسعه یافتند.

٦- راهنمایی‌هایی برای بهترین عمل

طرح‌های اصلاحی به دو گروه تقسیم می‌شوند: (الف) گروهی که در آن شجره‌های گسترده و در دسترس وجود دارد و در آن‌ها می‌توان از BLUP برای ارزیابی‌های ژنتیکی استفاده کرد. (ب) گروهی که فاقد شجره‌های کامل بوده و یا برای جمع‌آوری اطلاعات شجره‌ای محدودیت‌هایی دارند، مثل برخی از گونه‌های ماهیان. در روش‌های گروه اول، اگر براورد ارزش ارثی به تنهایی مورد استفاده قرار گیرد، میزان ΔF می‌تواند خیلی بزرگ شود. چون دقت بالای این روش‌ها به‌واسطه استفاده از اطلاعات خویشاوندان به‌دست آمده است، در نتیجه برای انتخاب همزمان خانواده‌ها، مثل تنی‌ها، شانس زیادی وجود دارد و موجب می‌شود که در سهم ژنتیکی بلند مدت والدین، واریانس ایجاد شده نامناسب شود. البته با به‌کارگیری الگوریتم‌های انتخاب مثل الگوریتم‌های بهینه‌سازی سهم ژنتیکی (که قبلاً تشریح شد) به ΔF این اجازه را

می‌دهیم که ضمن حفظ مزیت‌های اصلی BLUP، در یک سطح مناسب مدیریت شود. به‌همین جهت BLUP بهترین شرایط را برای بهترین براورد ارزش ارثی فراهم خواهد کرد. طرح‌های اصلاحی که برای استفاده از BLUP به اندازه کافی پیچیده هستند، برای بهینه‌سازی سهم‌های ژنتیکی نیز به‌اندازه کافی پیشرفته هستند. برای طرح‌هایی که کم‌تر پیشرفته هستند، احتمالاً این روش کارایی ندارد (اما توجه کنید که سهم ژنتیکی بهینه می‌تواند براساس ارزش‌های ارثی که فقط از روی فنوتیپ‌ها براورد شده‌اند، مورد استفاده قرار گیرد). بنابراین در عمل برای طرح‌های اصلاحی که از انتخاب توده‌ای در آن‌ها استفاده می‌شود، دستورعمل و راهنمایی‌هایی برای پیش‌بینی‌های صحیح لازم است.

فائو (۱۹۹۸) توصیه‌های ساده‌ای را برای تعداد والدین برای رسیدن به Ne=۵۰ (ΔF=۰/۰۱) در انتخاب توده‌ای یا سایر طرح‌های اصلاحی ساده‌تر با به‌کارگیری سه سناریوی زیر ارایه داده است:

۱-انتخاب به‌طور دقیق درون خانواده‌ها انجام می‌شود.

۲- انتخاب به‌طور کامل تصادفی است (فرض خطرناک)

۳- انتخاب توده‌ای با h^2 =۰/۴

مقدار ۰/۴ به این دلیل انتخاب شده است که در لبه سمت چپ رابطه خطی بین h^2 و ΔF قرار دارد و می‌تواند در عمل به‌عنوان یک وراثت‌پذیری بالا در نظر گرفته شود. استفاده از سناریوی سوم اغلب ایمنی بیش‌تری دارد. توصیه سناریوهای فوق براساس معادله ۶ بیجما و همکاران (۲۰۰۰) در جدول ۲-۷ آورده شده است. البته این بار توصیه‌های فائو (۱۹۹۸) کمی متفاوت است. جدول ۲-۷، حداقل نرهای مورد نیاز برای رسیدن به Ne=۵۰ در یک نسل را برای یک محدوده وسیع از نرخ‌های آمیزشی و اندازه طول حیات خانواده‌ها، برای یک حیوان ماده نشان می‌دهد. در این جدول فرض شده است که تعداد ماده‌ها به ازای هر نر همیشه یک یا بیش‌تر است. هم‌چنین آمیزش‌ها به‌صورت خوشه‌ای انجام دار و نسل‌ها هم‌پوشانی نداشته و مجزا هستند. برای نسل‌های هم‌پوشان می‌توان با محاسبه نسبت آمیزشی یک براورد و تقریب انجام داد. در این‌جا تعداد کل ماده‌های وارد شده به سیستم اصلاحی درهر نسل (پی‌نوشت ۴-۷ را ببینید) به تعداد کل نرهای وارد شده به سیستم اصلاحی به ازای هر نسل تقسیم می‌شود. برای نسبت‌های آمیزشی بیش‌تر از پنج، مقدار ΔF تقریباً نزدیک به هم است؛ لذا میزان بهره‌ی ژنتیکی نسبت‌های بالاتر از این ناچیز خواهد بود.

جدول ۲-۷ حداقل تعداد پدرهای مورد استفاده برای دستیابی به اندازه جمعیت مؤثر معادل ۵۰ یا بیش‌تر، برای نسبت‌های آمیزش و اندازه خانواده‌های مختلف مورد انتظار و با فرض مجزا بودن نسل‌ها. برای انتخاب توده‌ای h^2=۰/٤ فرض شده است. فرض می‌شود پیش از انتخاب، اندازه خانواده‌ها دارای توزیع پوآسن هستند. مقادیر برای انتخاب تصادفی و درون خانواده‌ای مستقل از اندازه خانواده مورد انتظار است. براوردها بر اساس روابط زیر انجام شده‌اند: رابطه ٦ از بیجما و همکاران (۲۰۰۰) برای انتخاب توده‌ای، $(8M)^{-1}(1+d^{-1})$ برای انتخاب تصادفی، رایت (۱۹٦۹)؛ $(16M)^{-1}(1½+½d^{-1})$ برای انتخاب درون خانواده‌ای، گوو و همکاران (۱۹۵۹).

تعداد آمیزش	طول عمر نتاج						انتخاب	انتخاب
	۴	۸	۱۲	۱۶	۲۰	۳۶	تصادفی	درون‌خانواده‌ای
۵ یا بیش‌تر	۲۱	۲۳	۲۵	۲۷	۲۸	۳۰	۱۵	۱۰
۴ تا ۵	۲۱	۲۵	۲۷	۲۸	۲۹	۳۲	۱۶	۱۱
۳ تا ۴	۲۳	۲۶	۲۸	۳۰	۳۱	۳۵	۱۷	۱۱
۲ تا ۳	۲۵	۲۹	۳۲	۳۴	۳۶	۴۰	۱۹	۱۱
۱ تا ۲	۳۱	۳۸	۴۳	۴۶	۴۸	۵۵	۲۵	۱۳

دوباره توجه شما را به این نکته جلب می‌کنیم که انتخاب توده‌ای می‌تواند اثر عمده‌ای داشته باشد و انتخاب تصادفی با فرض خطرناکی روبروست و انتخاب درون خانواده‌ای این مشکلات را ندارد. این موارد را می‌توانیم با دیدگاههای زیر بیان کنیم:

الف) انتخاب توده‌ای در مقایسه با انتخاب کاملاً درون خانوادگی، مخصوصاً زمانی که تعداد فرزندان کم باشند، نرخ‌های سریع‌تری از بهره‌ی ژنتیکی را ایجاد می‌کند.

ب) انتخاب توده‌ای در مقایسه با شیوه‌های انتخاب به‌روش قطع که ارزش‌های ارثی را از روی BLUP یا ضرایب کلاسیکی خواهران و برادران محاسبه می‌کنند (با اندازه‌های یکسان جمعیت)، دارای اثر ملایم‌تری روی رشد ΔF است (شکل ۴-۷).

ارایه پیشنهادات زیر لازم به نظر می‌رسد:

- اگر استفاده از انتخاب توده‌ای و سهم‌های ژنتیکی بهینه مدنظر نبود، از جدول ۲-۷ راهنمایی‌های لازم را برای دستیابی به $Ne\geq ۵۰$ استفاده کنید.

- اگر طرح‌های اصلاحی برای استفاده از مدل‌های محاسباتی مثل BLUP کامل بودند، به‌کارگیری روش‌های بهینه‌سازی سهم‌های ژنتیکی و هم‌چنین اطمینان از $Ne\geq ۵۰$ نیز مطلوب و قابل استفاده هستند.

پی‌نوشت ٤-۷- یک نسل چقدر طول می‌کشد؟

در ژنتیک جمعیت فاصله نسل (L)، به‌صورت فاصله زمانی مورد نیاز برای تجدید مخزن ژنی تعریف می‌شود. در بلند مدت، طبیعی است که فقط اجداد سهیم در مخزن ژنی را در نظر قرار داده و بررسی کنیم. این مطلب از طریق سهم‌های ژنتیکی بلند مدت محاسبه می‌شود (ولیامز و همکاران، ۱۹۹۹). یعنی $L=(\sum r_i)^{-1}$ که در این رابطه مجموع سهم‌های ژنتیکی براساس تولد در واحد زمان (مثلاً سال) محاسبه می‌شوند.

در عمل از آن‌جایی که سهم ژنتیکی بلند مدت در دسترس نیست، فاصله نسل به صورت میانگین سنی والدین وقتی که جایگزین‌های آن‌ها متولد می‌شوند محاسبه می‌شود. برای اهداف تجزیه وتحلیل طرح‌های اصلاحی، روش یاد شده بهترین براورد برای هر یک از جریان‌های ژنی مجزا در جامعه به‌شمار می‌رود (به‌عنوان مثال والدین نر برای جایگزین‌های نژاد نر، والدین نر برای جایگزین‌های نژاد ماده و غیره). هم‌چنین اطلاعات سودمندی را می‌توان از طریق محاسبه میانگین سنی والدین نر در زمان تولد نتاج آن‌ها (L_m) و میانگین سنی والدین ماده در زمان تولد نتاج آن‌ها (L_f) و سپس محاسبه فاصله نسل با رابطه $L=½(L_m+L_f)$ به‌دست آورد. میانگین‌گیری به این دلیل است که والد نر و ماده در تشکیل مخزن ژنی هرکدام به‌مقدار ½ سهیم هستند. این موضوع در فصل ۸ تشریح شده است.

براورد فوق اغلب می‌تواند باعث براورد بیش از حد فاصله نسل در بلند مدت شود، مخصوصاً زمانی که انتخاب توده‌ای در یک گله اصلاح شده با ساختارهای سنی ثابت انجام شود. زیرا اگر یک طرح اصلاحی باعث پیشرفت ژنتیکی مطلوب شود، افراد جوان‌تر بیش‌تری در گله‌های اصلاحی نسبت به پیرترها انتخاب می‌شوند و لذا نتاج این افراد هم بیش‌تر انتخاب خواهند شد. بنابراین نسبت به والدین خود جایگزین‌های بیش‌تری را در طول عمر خود به دنیا خواهند آورد.

منابع

Avendano, S., J.A. Woolliams and B. Villanueva. 2004. Mendelian sampling terms as a selective advantage in optimum breeding schemes with restrictions on the rate of inbreeding. Genetical Research 83: 55-64.

Bijma, P., and J.A. Woolliams, 2000. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. Genetics 156: 361-373.

Bijma, P.J.A.M., van Arendonk and).A. Woolliams, 2000. A general procedure for predicting' rates of inbreeding in populations undergoing mass selection. Genetics 154: 1865-1877.

FAO, 1998, Secondary Guidelines for the National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO. Rome. Italy.

Fernandez, J., M.A.Toro and A. Caballero, 2003. Fixed contributions designs vs. minimization of global coancestry to control inbreeding in small populations. Genetics 165: 885-894.

Fernandez, J., M.A. Toro and A. Caballero. 2004. Managing individuals' contributions to maximize me allelic diversity maintained in small. conserved populations. Conservation Biology 18: 1358-1367.

Gowe, R.S., A. Roberston and BD.H. Latter, 1959. Environment and poultry breeding problems. 5. The design of poultry control strains. Poultry Science 38: 462-471.

Grundy, B., B. Villanueva and J.A. Woolliams. 1998. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. Genetical Research 72: 159-168.

Meuwissen, T.H.E., 1997. Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. Journal of Animal Science 75: 934-940.

Ronnegard, L., and J.A. Woolliams. 2003. Predicted rates of inbreeding with additive maternal effects. Genetical Research 82: 67-77.

Rutten, M.J.M., P. Bijma. J.A. Woolliams and J.A.M.van Arendonk. 2002. Selection: Software *to predict* selection response and rate of inbreeding in livestock breeding programs.Journal of Heredity 93:456-458.

Sanchez, L., P. Bijma and J.A.Woolliams, 2003. Minimizing inbreeding by managing genetic contribution across generations. Genetics 164: 1589-1595.

Wang, J.L.. 1997. More efficient breeding systems for controlling inbreeding and effective size in animal populations. Heredity 79: 591-599.

Wang, J.L., and W.G. Hill. 2000. Marker-assisted selection to increase effective population size by reducing Mendelian segregation variance. Genetics 154: 475-489.

Wiener, G., G.J. Lee and J.A. Woolliams. 1994. Consequences of inbreeding for financial returns from sheep. Animal Production 59: 245-249.

Woolliams, J.A., and P. Bijma. 2000. Predicting rates of inbreeding: in populations undergoing selection Genetics 154: 1851-1864.

Woolliams, J.A., and R. Thompson. 1994. A theory of genetic contributions. Proceedings or the 5'h World Congress Applied to Livestock Genetics 19: 127-134.

Woolliams, J.A., P. Bijma and B.Villanueva. 1999. Expected genetic contributions and their impact on gene flow and genetic gain. Genetics 153: 1009-1020.

Woolliams, J.A., R. Pong-Wong and B. Villanueva. 2002. Strategic optimisation of short and long-term gain and inbreeding in MAS and non-MAS schemes. Proceedings of the 7th World Congress on genetics applied to Livestock Production 33: 155-162.

Wray, N.R., and R. Thompson, 1990. Prediction of rates of inbreeding in selected

populations. Genetical Research 55: 41-54.

Wright, S. 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The Theory of Gene Frequencies. University of Chicago, Chicago.

فصل هشتم: عملیات طرح‌های حفاظت

تئو میوویسن[1]

[1]گروه علوم دامی و کشاورزی، دانشگاه علوم حیاتی نروژ، نروژ

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:

چگونه طرح‌های حفاظت زنده تنظیم می‌شوند؟

- اندازه جمعیت مؤثر و مورد نیاز چیست؟
- اصول مدیریت تنوع ژنتیکی چیست؟
- برای حداقل کردن همخونی، انتخاب‌ها و آمیزش‌ها چگونه باید صورت گیرند؟
- در جمعیت‌های کوچک، انتخاب و آمیزش پایه چگونه انجام می‌شود؟
- انتخاب از چندین جمعیت چگونه انجام می‌شود؟
- انتخاب به‌کمک نشان‌گر چگونه باید صورت گیرد؟

چگونه باید طرح‌های حفظ مواد ژنتیکی را تنظیم نمود؟

چگونه باید طرح‌های حفظ مواد ژنتیکی و موجودات زنده را با هم توأم نمود؟

- چگونه باید به تنظیم پشتیبان حفظ و نگهداری موجودات زنده پرداخت؟
- چگونه باید به تنظیم کمک حفاظتی موجودات زنده اقدام نمود؟

خلاصه

این فصل به حداقل جمعیت مؤثر مورد نیاز جهت بقای طولانی‌مدت جمعیت می‌پردازد. این حداقل‌سازی به سایر عوامل باقیمانده از اندازه مؤثر قبلی جمعیت بستگی دارد. توصیه کلی رسیدن به تعداد مؤثر پنجاه فرد در جمعیت است. روش‌های انتخاب و آمیزش که تنوع ژنتیکی را مدیریت می‌کنند و موجب بهبود ژنتیکی می‌شوند همراه با هم تشریح می‌شوند. این‌ها با روش‌های مشابهی انجام می‌شوند که حاصل آن حداقل‌سازی همخونی در جمعیت است. هم‌چنین ما می‌خواهیم به بهبود جمعیت در یک مسیر خاص از نظر ژنتیکی بپردازیم. گزینه‌ای

[1] Theo Meuwissen; Department of Animal and Agricultural Sciences, Norwegian University of Life Science, Box 1432, As, Norway

که به‌طور موقت استفاده می‌شود بهره‌گیری از برخی از افراد هم‌نژاد (نژادهای مشابه) جهت کاهش همخونی در جمعیت است.

اطلاعات مربوط به نشان‌گرهای ژنتیکی و ژن‌های شناخته شده نیز در روش‌های انتخاب مورد استفاده قرار گرفته است. در یک طرح اصلاحی، مدیریت و کنترل بسیار مهم و مورد تأکید است. طولانی شدن فاصله نسلی می‌تواند یک روش بسیار مهم برای افزایش اندازه جمعیت مؤثر و کاهش رانش ژنتیکی به‌شمار آید. تلفیق برنامه‌های مربوط به طرح‌های حفظ مواد ژنتیکی و حفظ موجودات زنده مورد توجه واقع شده است. حفظ مواد ژنتیکی به‌عنوان یک پشتیبان برای حفظ موجودات زنده تلقی شده و برای افزایش تعداد جمعیت مؤثر جمعیت‌های کوچک استفاده می‌شود.

۱- چه مسایلی مهم هستند؟

موضوعات عملی طرح‌های حفاظتی بستگی به این دارد که چه نوع طرح حفاظتی (که در فصل‌های ۲ و ۶ توضیح داده شد) انتخاب شده است. طرح‌های اصلی شامل طرح نگهداری موجودات زنده، حفاظت کاملاً مبتنی بر انجماد خالص و تلفیق این دو روش هستند. در طرح‌های حفظ موجودات زنده، می‌توان به صورت *in situ* و *ex situ* به حفظ موجودات زنده پرداخت. وجه تمایز این دو روش به این فصل مربوط نیست. زیرا موضوعاتی که برای طرح‌های *in situ* مهم هستند برای طرح‌های *ex situ* هم مهم‌اند.

موضوعاتی که برای طرح‌های موجود زنده حایز اهمیت است شامل:

- اندازه مؤثر جمعیت در نژادی که نگهداری می‌شود
- انتخاب حیوانات در نژاد مورد نظر
- آمیزش حیوانات انتخاب شده
- بهبود و اصلاح ژنتیکی مورد نیاز
- کنترل صفات و شجره‌ها

این مسایل در ادامه مورد بررسی قرار خواهد گرفت. با توجه به موضوع انتخاب حیوانات، توجه داشته باشید که برخی از این انتخاب‌ها، امکان‌پذیر است، به‌ویژه وقتی یک نر بیش از یک پسر و هر ماده، بیش از یک دختر تولید کنند و اندازه جمعیت افزایش نیابد. اما انتخاب ممکن است به‌صورت تصادفی انجام شود (به‌جای انتخاب برای یک صفت خاص).

اغلب مشکلات عملی مربوط به طرح حفاظت از طریق انجماد، قابل جبران است. یعنی می‌توان با جایگزینی، بانک ژنوم را حفظ و احیا کرد و لذا می‌توان مواد ژنتیکی را در بانک ژنوم تخلیه کرد. عملکرد بانک ژنوم در این فصل بحث شده است. هدف از بانک، حفظ ژنوتیپ‌ها به‌جای آلل‌ها است. زیرا به‌طورکلی ما می‌خواهیم که به حفظ ترکیب آلل‌ها یعنی ژنوتیپ‌هایی بپردازیم که منتهی به ویژگی یک موجود به‌جای یک آلل خاص می‌شود.

با توجه به تلفیق برنامه‌های حفظ موجودات زنده و برنامه حفاظت از طریق انجماد دو هدف وجود خواهد داشت:

۱- طرح حفظ و نگهداری موجودات زنده در حالی دنبال می‌شود که حفظ مواد ژنتیکی منجمد به‌عنوان یک پشتیبان عمل می‌نماید. به‌خصوص وقتی جمعیت زنده دچار مشکلاتی نظیر همخونی، بیماری‌های ژنتیکی، ازدست دادن صفات ژنتیکی و ازدست دادن بخش بزرگی از جمعیت می‌شود، این نوع پشتیبانی مهم است. اگر مواد ژنتیکی پشتیبان قدیمی حفظ شده باشد، این بانک ژنوم تاریخچه‌ی کامل تکامل جمعیت را حفظ خواهد کرد.

۲- طرح حفاظت از طریق انجماد می‌تواند به‌طور فعال برای افزایش تعداد جمعیت مؤثر یک نژاد زنده‌ی کوچک استفاده شود و رانش ژنتیکی را کاهش می‌دهد.

هدف اولیه، توسعه طرح‌های کاملاً مبتنی بر حفظ و نگهداری موجودات زنده می‌باشد است. به‌طوری‌که ریسک خطرات این طرح‌ها اساساً کاهش یابد. هدف بعد، استفاده مؤثر از مواد ژنتیکی منجمد است که در این فصل، توجه خاصی به آن مبذول شده است.

تلفیق طرح‌های حفاظت از طریق انجماد و موجود زنده می‌تواند در راهکارهای حفظ و نگهداری خیلی مؤثر باشد. دلایل این امر به‌صورت زیر است:

- این امر می‌تواند تمام اهداف حفظ و نگهداری را محقق نماید؛ یعنی تمامی مواردی از قبیل تقاضاهای آینده بازارها، بیمه در مقابل تغییرات آتی شرایط تولید، بیمه در مقابل از دست رفتن منابعی که ارزش استراتژیک بالایی دارند، فرصت تحقیق، ارزش اقتصادی- اجتماعی فعلی، دلایل فرهنگی و تاریخی و ارزش اکولوژیکی را در نظر بگیرید (فصل ۱).
- این طرح می‌تواند رانش ژنتیکی را به‌طور اساسی کاهش دهد، و این شبیه برنامه‌هایی است که کاملاً مبتنی برحفاظت از طریق انجماد هستند و در آن‌ها مقدار رانش ژنتیکی بسیار کم است.

• در تلفیق طرح‌های حفاظت از طریق انجماد و موجودات زنده به‌صورت *in situ*، جمعیت باید هنوز باز باشد و با شرایط محیطی خود را انطباق دهد.

در تلفیق طرح حفاظت از طریق انجماد و موجودات زنده به روش *in situ*، ما باید بین دو مورد آخر تعادل ایجاد کنیم: کاهش رانش ژنتیکی با استفاده از ذخایر حفاظت شده‌ی ژنتیکی قدیمی و گاهی خیلی قدیمی و ارتقای سازگاری ژنتیکی با استفاده از تعداد کمی از مواد ژنتیکی حفاظت شده منجمد.

چگونه باید این تعادل را ایجاد کرد؟ در ادامه به بررسی این مطلب هم می‌پردازیم.

۲- طرح‌های حفظ موجود زنده

موفقیت طرح‌های حفظ و نگهداری زنده موجودات، به اندازه مؤثر جمعیت و مدیریت واریانس ژنتیکی بستگی دارد. این کار از طریق انتخاب مؤثر و آمیزش حیوانات امکان‌پذیر است.

۲-۱- اندازه جمعیت مؤثر

به‌واسطه فرضیه‌ی زیستی حفاظت، اندازه جمعیت مؤثر باید به پانصد حیوان برسد. در غیراین‌صورت، به نظر می‌رسد که با جهش‌های مضر به‌تدریج جمعیت به انقراض نزدیک شود. اما فرضیه‌های دیگری نیز درباره میزان جهش وجود دارد. لینچ[1] و همکاران (۱۹۹۵) فرض را بر این قرار دادند که میزان جهش به ازای هر نسل و برای هر ژنوم ۰/۵۰ باشد (جهش مدل A) در حالی‌که روش‌های جدید ارزیابی، منتج به براوردهای کوچک‌تر و جهش ۰/۰۳ برای هر ژنوم در هر نسل شده‌اند (گاتیکا-دورادو و همکاران، ۱۹۹۸؛ کابالرو و گاتیکا-دورادو، ۲۰۰۳) (جهش مدل B).

در مگس سرکه میانگین پیشرفت انتخابی جهش در بین مدل‌های جهش A و B متفاوت و به‌ترتیب و طبق براورد بین ۰/۰۲ و ۰/۲ بوده است (کابالرو و گارسیادورادو، ۲۰۰۳)؛ به‌ویژه در مدل‌های دروسوفیلا[2]. بنابراین تحت مدل B، گرچه جهش‌ها، نادر هستند، اما مؤثرتر از جهش‌های تحت مدل A هستند. توجه داشته باشید که برای آلل‌های با فراوانی بالا، جهش‌های

[1] Linch
[2] Drosophila

مضر با اثرات عمده مثل رانش ژنی اثر کمی دارند. زیرا انتخاب طبیعی مانع افزایش فراوانی آلل‌های مضر خواهد شد.

بنابراین، هر دوی این تغییرات در جهش مدل B، در جمعیتی که دارای تعداد مؤثر کم‌تری است دیده می‌شود و لازم است که از ایجاد بارهای جهشی[1] جلوگیری شود. میزان بحرانی اندازه جمعیت مؤثر، می‌تواند گاهی در مدل B تا پنجاه مورد کاهش یابد (گراسیا- دورادو[2]، ۲۰۰۳).

موویسین و ویلیام (۱۹۹۴) به موازنه‌ی رانش جهش‌های مضر فعلی در مقابل انتخاب طبیعی پرداختند که به حذف جهیده(موتانت)های مضر منتهی می‌شود. ازاین رو آن‌ها از براوردهای ناصحیح برای نرخ جهش خودداری به‌عمل می‌آوردند. در نتیجه، این نتایج می‌تواند در تکامل کوتاه مدت کاربرد داشته باشد (تا بیست نسل)، که این مدت جهت اثرگذاری جهش هنوز هم اندک و جزیی است. درعمل، این نتایج ممکن است برای اغلب گونه‌ها مؤثرتر از تکامل دراز مدت نیز باشد. چون دراین گونه‌ها بیست نسل و حدوداً ۱۰۰-۲۰ سال طول می‌کشد و ممکن است در برنامه حفظ و نگهداری موجود زنده، بیش‌تر هم طول بکشد. اگردر برخی نقاط در این فاصله‌ی زمانی درآینده بار جهشی قابل توجهی انباشته شود، هنوز هم اجرای برنامه‌های عملی برای نقشه‌یابی ژن‌های مضر و استفاده از انتخاب به‌کمک نشان‌گرها برای خلاص شدن از آلل‌های مضر، لازم است. ازآن‌جایی‌که اندازه‌ها در فرضیه‌های مربوط به مدل‌ها متفاوت است، صاحب‌نظران به این نتیجه رسیده‌اند وقتی که اندازه مؤثر بحرانی پایین است (بین ۵۰ تا ۱۰۰ حیوان)، یعنی جمعیتی که شایستگی آن به‌طور ثابت در حال کاهش است، برای صفاتی که همبستگی منفی با شایستگی‌ها دارند انتخابی صورت نمی‌گیرد.

اگرچه تحقیقات بیش‌تری در رابطه با این موضوع نیاز است که باید در آن حداقل اندازه مؤثر جمعیت زنده برای هر نسل را پنجاه حیوان که همخونی به میزان یک درصد در نسل می‌شود در نظر گرفت. یادآور می‌شویم که اندازه واقعی جمعیت ممکن است به‌واسطه عدم تساوی موجودات نر و ماده و یا انجام انتخاب، بزرگ‌تر از پنجاه حیوان باشد (جدول ۲-۷ برای مقایسه‌ی اندازه واقعی و اندازه مؤثر در یک انتخاب توده‌ای ملاحظه شود). این جمعیت بزرگ‌تر، هم‌چنین می‌تواند جهش‌های مضرتر را حفظ کند. زیرا رانش ژنتیکی در این جمعیت‌ها کم‌تر است. بنابراین جمعیتی که در بالاتر از اندازه مؤثر یعنی بالاتر از پنجاه قرار

[1] Mutation load
[2] Garcia and Dorado

دارد هنوز می‌تواند حفظ شود و نباید به‌طور ناگهانی این اندازه به کم‌تر از پنجاه مورد تقلیل یابد. کاهش اندازه مؤثر جمعیت باعث افزایش رانش می‌شود و فراوانی بسیاری از آلل‌های مضر ممکن است افزایش یابند. علت توصیه برای داشتن اندازه مؤثر پنجاه، بر اساس این فرض بوده که این اندازه می‌تواند کنترل و مدیریت شود و برنامه‌های عملی آن باید به گونه‌ای باشد که جمعیت کم‌تر از این میزان نشود.

۱-۱-۲- تعداد جمعیت مؤثر در زمان انباشتگی نسل‌ها

اغلب جمعیت‌های دامی نسل‌های هم‌پوشان دارند. یعنی والدین حیوانات تازه به‌دنیا آمده، هم‌سن نیستند. به‌عنوان مثال برخی ممکن است دو و برخی دیگر سه ساله باشند. ما فرض را بر این قرار می‌دهیم که رانش و اندازه و تعداد مؤثر باید برای هر نسل کنترل شود.

یک راهکار جایگزین این است که رانش برای هر سال کنترل شود. تفاوت میان رانش تحت کنترل در هر نسل یا در هر سال، زمانی مشخص می‌گردد که ما بخواهیم به طرح حفظ مواد ژنتیکی بپردازیم، در این‌جا تعداد جمعیت پنجاه حیوان است که در برای یک دوره صد ساله از ذخیره جنین جمعیت تجدید می‌شود. در این طرح، رانش در هر سال کوچک است؛ اما میزان آن برای هرنسل معادل رانش با تعداد جمعیت پنجاه خواهد بود. هم‌چنین جمعیتی که جنین آن حفظ و نگهداری شده، ممکن است در طول صد سال گذشته به سازگاری ژنتیکی نرسیده باشد. بنابراین به حداقل رساندن رانش در هر سال، نمی‌تواند در سازگاری ژنتیکی اثر خود را نشان دهد و این حداقل‌سازی رانش در هر نسل اجازه می‌دهد که در این طرح جمعیت سازگاری بیش‌تری داشته باشد. به دلیل این که سازگاری ژنتیکی یکی از اهداف اصلی در موقعیت برنامه حفظ موجودات زنده‌ی *in situ* به شمار می‌آید، رانش ژنتیکی برای هر نسل به حداقل می‌رسد. یعنی، اندازه مؤثر باید در هر نسل افزایش پیدا کند. برای برنامه‌های حفاظت و نگهداری موجودات زنده به صورت *ex situ* نیز در بسیاری از موارد سازگاری ژنتیکی مطلوبی دیده شده است و بحث‌های مشابهی را می‌توان برای آن انجام داد.

با توجه به این که در هر جمعیت، تعداد و اندازه مؤثر برای هر نسل، با هم‌پوشانی نسل‌ها مرتبط است، تعداد موجودات نر و ماده انتخاب شده را باید برای هر نسل بیان شود. تعداد موجودات نر و ماده انتخاب شده در هر نسل، با تعداد موجودات نر تازه معرفی‌شده در هر فاصله نسلی

یکی است (میانگین فاصله نسلی براساس سن پدران و مادران). همین‌طور، تعداد موجودات ماده‌ی مورد استفاده برای هر نسل را می‌توان محاسبه نمود.

۲-۱-۲- طولانی شدن فاصله نسل‌ها

همان‌طور که در قسمت قبل متوجه شدیم، اگر تعداد موجودات نر و ماده که هرساله انتخاب می‌شوند به‌طور نسبی ثابت باشند، با افزایش تعداد موجودات نر و ماده در هر نسل فاصله نسلی نیز افزایش خواهد یافت. بنابراین طولانی شدن این فاصله نسلی می‌تواند یک روش بسیار مهم برای افزایش اندازه جمعیت مؤثر و کاهش رانش ژنتیکی به شمار آید. اما، همان‌گونه که در بالا گفته شد، ما در عین حال می‌خواهیم به نسل‌های بیش‌تری مراجعه کنیم تا بتوانیم پاسخ انتخاب مصنوعی و طبیعی مطلوبی را به‌دست آوریم. بنابراین استفاده از فاصله نسلی طولانی همواره توصیه می‌شود.

۳-۱-۲- کنترل اندازه جمعیت مؤثر

وقتی شجره به ثبت رسیده باشد، ضریب همخونی هر حیوان را می‌توان محاسبه کرد (فالکونر[1] و مکی[2]، ۱۹۹۶). بنابراین افزایش متوسط ضریب همخونی هر سال را می‌توان محاسبه نمود. اما افزایش این همخونی بستگی به افزایش میزان خویشاوندی در هر جمعیت دارد. خویشاوندی افراد در جمعیت باعث می‌شود که احتمال آمیزش افراد غیر خویشاوند خیلی کم شود. بنابراین، میانگین همخونی آینده، با استفاده از ضریب خویشاوندی فعلی آن‌ها مشخص می‌شود. از این رو نتایجی که تا این تاریخ به‌دست آمده‌اند، با میزان متوسط خویشاوندی تمام جفت حیوانات محاسبه می‌شوند. این محاسبه با معادله زیر انجام می‌شود:

$$K_a = ¼K_a(m)+¼K_a(f)+½K_a(mf)$$

در این معادله $K_a(m)$، $K_a(f)$، و $K_a(mf)$ به ترتیب میانگین خویشاوندی بین تمام جفت نرها، ماده‌ها و جفت نر- ماده‌ها را نشان می‌دهد (به‌جز خویشاوندی هر فرد با خودش). بنابراین افزایش سالانه ضریب خویشاوندی را می‌توان با $\Delta F(yr)$ محاسبه نمود، و انتظار می‌رود که با نرخ ضریب همخونی آینده برابر باشد. دوباره تأکید می‌شود که فرض بر این است که با یک جمعیت سر و کار داریم؛ نه با چند جمعیت که با هم مخلوط نمی‌شوند. میزان متوسط سن

[1] Flconer
[2] Mackay

موجودات نر و مادر در هنگام تولد نسل‌های بعدی به ثبت می‌رسد. یعنی فاصله نسلی (L) باید ثبت شود و ما می‌توانیم افزایش این خویشاوندی را برای هر نسل ($\Delta F(gen)=L\Delta K(yr)$) مورد محاسبه قرار دهیم. تعداد جمعیت مؤثر هم اکنون ($Ne=1/(2\Delta K(gen))$) حیوان برای هر نسل است. این ΔK با ΔF آینده مساوی خواهد بود.

مهم است که به کنترل تعداد جمعیت مؤثر بپردازیم، زیرا تعداد جمعیت می‌تواند کم‌تر از تعداد مورد انتظار باشد. این کاهش تعداد جمعیت می‌تواند به‌واسطه هر عاملی که واریانس اندازه خانواده حیوانات را تحت تأثیر قرار می‌دهد، ایجاد شود (انتخاب، شانس نامساوی زنده‌ماندن). بنابراین، خیلی مهم است که در یک برنامه اصلاحی به ثبت این شجره‌ها در جمعیت زنده پرداخته شود. یعنی شماره هر حیوان نر و ماده با اطلاعات مربوطه در بانک داده‌ها ثبت شود. اگر این شجره به ثبت برسد، میزان همخونی و خویشاوندی می‌تواند با توجه به افزایش این ضریب در هر نسل یا هر سال محاسبه شود.

۲-۲- اصول مدیریت تنوع ژنتیکی

مدیریت همخونی (و بنابراین تنوع ژنتیکی) در یک طرح اصلاح نژادی می‌تواند براساس کنترل متوسط خویشاوندی والدین انتخاب شده باشد. در یک جمعیت، میانگین خویشاوندی والدین شامل رابطه خویشاوندی هر فرد با خودش[1] برابر با متوسط خویشاوندی نتاج آن‌ها بدون در نظر گرفتن رابطه خویشاوندی هر فرد با خودش است، زیرا:

$$A_{ij}= ¼[A_{SiSj}+A_{SiDj}+A_{DiSj}+A_{DiDj}] \qquad \text{معادله (۱-۸)}$$

در این‌جا A_{ij} رابطه خویشاوندی ژنتیکی افزایشی بین نتاج j و i ($i\#j$) است. (S_i) S_i والد نر i (j)، و (D_i) D_i هم والد ماده(j) i است.

معادله ۱-۸ نشان می‌دهد که:

۱- خویشاوندی میان دو فرد تصادفی i و j با متوسط خویشاوندی میان والدین آن دو برابر است. این می‌تواند این‌گونه تعمیم یابد که میانگین خویشاوندی نتاج مساوی با میانگین خویشاوندی والدین آن‌ها است که لا توجه به فرزندان به‌ازای والدین وزن داده‌شده‌اند.

۲- چون والد نر i ممکن است هم‌چنین والد نر باشد($S_i=S_j$)j، هنگام محاسبه خویشاوندی والدین باید خویشاوندی هر فرد با خودش نیز لحاظ شود. بنابراین، متوسط خویشاوندی والدین

[1] Self-relationship

می‌تواند شامل رابطه فرد با خودش باشد. در صورتی‌که متوسط خویشاوندی نتاج شامل خویشاوندی فرد با خود نیست.

نتاج j و i می‌توانند آمیزش یابند (اگر آمیزش به صورت تصادفی باشد) و می‌توانند خودشان نیز، نتاج بعدی را تشکیل دهند، که به آن x گفته می‌شود. بنابراین ضریب همخونی x این است:

$$F=½A_{ij}=K_{ij}$$

در این‌جا K_{ij}= ضریب خویشاوندی j و i است.

این فرضیه نشان می‌دهد که اگرچه مفاهیم خویشاوندی و رابطه همخونی تا حدودی متفاوت هستند، اما آن‌ها به‌سادگی به‌صورت $K_{ij}=½A_{ij}$ با هم مرتبط هستند. معادله $F_x=K_{ij}$ حاکی از آن است که اگر آمیزش تصادفی باشد، متوسط همخونی در F_x مساوی با میانگین رابطه همخونی والدین K_{ij} می‌شود که ما در حال حاضر آن‌ها را انتخاب نموده‌ایم. اگر آمیزش به صورت تصادفی صورت نگیرد، به‌عنوان مثال افرادی که حداقل خویشاوندی را دارند با هم آمیزش دهیم، میانگین همخونی در نوه‌ها کم‌تر از میانگین رابطه همخونی والدین فعلی خواهد بود. البته با توجه به معادله ۱-۸ که در هر نسل اتفاق می‌افتد، تفاوت میانگین روابط خویشاوندی در والدین کنونی به‌سرعت از بین می‌رود و پس از چند نسل میانگین رابطه خویشاوندی که به‌واسطه والدین کنونی ایجاد شده است در کل جمعیت یکسان می‌شود. هم‌چنین هر آمیزش می‌تواند منجر به همخونی شود.

بنابراین حداکثر اجتناب از آمیزش همخونی می‌تواند باعث ایجاد تأخیر در همخونی (که به‌واسطه میانگین رابطه همخونی والدین کنونی ایجاد شده است) شود. اما پس از چند نسل، در هر صورت این همخونی اتفاق خواهد افتاد. به‌عنوان مثال، اگر نسل صفر شامل حیوانات غیر خویشاوند باشند، نسل یک، شامل برخی روابط تنی و ناتنی[1] است، پس انتظار می‌رود که در نسل دو اولین همخون‌ها تولید شوند. اگر در نسل دو ما از آمیزش این حیوانات تنی و ناتنی که هنوز همخون نیستند جلوگیری کنیم، نسل سه، اولین حیوانات همخون را نشان خواهد دهد. اما میزان افزایش همخونی از نسل سه به بعد تقریباً معادل زمانی خواهد بود که از آمیزش تنی‌ها و ناتنی‌ها جلوگیری به‌عمل نیامده باشد (جایی که این نرخ از همخونی در نسل دو شروع شده است).

[1] Full-sib and Half-sib

یک استثنا وجود دارد که اگر ما جمعیت را به لاین‌های جداگانه تقسیم کنیم، رابطه خویشاوندی که بین لاین‌ها وجود دارد منجر به همخونی نمی‌شود. زیرا آمیزش حیوانات منحصر به لاین خود است و حیوانات لاین‌های مختلف با هم آمیزش ندارند.

البته باید توجه کرد که هرچه تعداد افراد یک لاین کم‌تر باشد، همخونی درون هر لاین افزایش خواهد یافت. برای جمعیت تحت آمیخته‌گری، این بدین معنی است که نرخ همخونی معادل با افزایش متوسط رابطه خویشاوندی والدین است و سیستم‌های آمیزشی مختلف می‌توانند همخونی را به تأخیر بیاندازند؛ اما بر نرخ همخونی مربوطه تأثیر چندانی نخواهند داشت.

در بسیاری از روش‌های انتخاب، استراتژی آمیزش می‌تواند آمیزش‌ها را تنظیم کند که این به نوبه‌خود بر نسبت خویشاوندی والدین انتخاب شده نیز تأثیر می‌گذارد، بنابراین به‌طور غیرمستقیم بر نرخ همخونی اثر می‌گذارد.

اما به نظر می‌رسد که کنترل مستقیم میانگین رابطه خویشاوندی والدین انتخاب شده در مرحله انتخاب آسان‌تر و مؤثرتر باشد. انتخاب سهم بهینه[1] (OC) نیز چنین روشی است (میوویسن، ۱۹۹۷؛ گروندی[2] و همکاران، ۱۹۹۸). روش‌های آمیزش که برای انتخاب OC تنظیم شده‌اند شامل روش‌های مبتنی بر حداقل آمیزش هم‌تبارها (که بیش‌ترین اجتناب از آمیزش همخون‌ها در آن‌ها انجام می‌شود)، آمیزش فاکتوریل[3] (در که آن هر نر باهر ماده می‌تواند آمیزش کند) (ویلیامز، ۱۹۸۹) برای هر موجود نر و ماده نیز به‌کار می‌رود و تلفیق این دو روش آمیزش است (سونسون و میوویسن، ۲۰۰۰).

[1] Optimum Contribution
[2] Grundy
[3] Factorial

۱-۲-۲- انتخاب جفت

یک راهکار که انتخاب و آمیزش را در یک مرحله بهینه‌سازی می‌کند، «انتخاب جفت» نامیده می‌شود (کینگ هورن، ۲۰۰۲ ؛ فرناندز و همکاران، ۲۰۰۱). انتخاب جفت معمولاً در پی این است که معیار انتخاب را افزایش و ارتقا دهد. این رابطه شامل بهره ژنتیکی، میانگین رابطه خویشاوندی والدین انتخاب شده و میانگین همخونی نتاج است. لازم است که این سه جز توسط کاربر تعریف شود. با توجه به این‌که وزن‌دهی به این سه عامل و داشتن یک معیار برای آن‌ها مشکل است و در طرح‌های اصلاحی بیش‌تر به‌دنبال کنترل نرخ همخونی هستیم تا بهینه‌سازی مراحل و تکمیل این معیارها، لذا در این‌جا بر انتخاب OC متمرکز می‌شویم که مستقیماً نرخ همخونی را کنترل می‌کند.

۲-۲-۲- انتخاب سهم بهینه و آمیزش هم‌تباری فاکتوریل- حداقل

به‌طورکلی ما راهکار انتخاب و آمیزش زیر را توصیه می‌کنیم:

- مرحله ۱- برای تعیین تعداد نتاج برای هر حیوان، از انتخاب سهم بهینه (OC) استفاده کنید. معیار انتخاب مبتنی بر کاهش میزان رابطه خویشاوندی والدین انتخاب شده و یا حداکثرسازی اصلاح ژنتیکی باتوجه به محدودیت میانگین رابطه خویشاوندی والدین انتخاب شده است.
- مرحله ۲- جهت تصمیم‌گیری درباره این مسأله که کدام افراد با هم آمیزش نمایند، از روش آمیزش هم‌تباری فاکتوریل- حداقل استفاده کنید. فاکتوریل بر این امر دلالت می‌کند که هر جفت آمیزش فقط یک فرزند تولید کند (یا حداقل نتاج ممکن را) (پی‌نوشت ۱-۸).

مرحله ۱ نرخ همخونی را تعیین می‌کند. مرحله ۲ به‌دنبال این است تا آمیزش‌ها را تنظیم کند تا انتخاب OC را در نسل آینده ساده‌تر و آسان‌تر نماید. مرحله ۲ هم‌چنین از آمیزش خویشاوندان نزدیک جلوگیری می‌کند. بسیار مهم است که از تولید نتاج خیلی همخون که گاهی اتفاق می‌افتد جلوگیری شود. با توجه به این‌که مرحله ۱ اندازه و تعداد جمعیت مؤثر آینده را تعیین می‌کند. لذا مهم‌تر از مرحله ۲ است که تنوع ژنتیکی را مدیریت می‌کند.

۳-۲-۲- آمیزش تصادفی- غیرخویشاوندی

مستقیم‌ترین روش برای آمیزش افراد، آمیزش‌های تصادفی است. یعنی وقتی یک نر باید ده نتاج از ده ماده داشته باشد، موجودات ماده باید به صورت تصادفی به‌آن نر اختصاص یابند. البته برخی از آمیزش‌ها بین خویشاوندان نزدیک رخ می‌دهد. از این امر باید اجتناب شود، زیرا نتاج حاصل از این آمیزش، بسیار همخون خواهند بود و بنابراین، افت ناشی از همخونی افزایش خواهد یافت.

پی‌نوشت ۱-۸- آمیزش هم‌تباری فاکتوریل- حداقل

تصور کنید که انتخاب OC در بخش قبل منجر به سهم C_i برای حیوان i شود:

$i= m_i =2Nc_i$ تعداد نتاج مطلوب حاصل از موجود نر

$j= f_j =2Nc_i$ تعداد نتاج مطلوب حاصل از موجود ماده

در اینجا مجموع m_i (مانند f_i) مساوی با N = تعداد کل نتاج است.

یک آمیزش (طبیعی) بین یک نر و ماده، n نتاج تولید می‌کند. ما برای رسیدن به «آمیزش فاکتوریل» (تا حد ممکن)، در عمل n را باید تا آن‌جا که ممکن است کوچک کنیم . بنابراین تعداد آمیزش مورد نیاز برای نر i معادل $M_i=m_i/n$ و برای موجود ماده j هم معادل $F_j=f_j/n$ است که این ارقام را می‌توان گرد کرد و به کل تعداد آمیزش، یعنی $N_{mat}=N/n$ رسید.

مراحل زیر ممکن است برای تعیین «آمیزش هم‌تباری حداقل» مورد استفاده قرار گیرد:

مرحله ۱- یک جدول برای آمیزش (به صورت تصادفی) تهیه کنید که در آن Mat (i,1) حاکی از موجود نر در iامین آمیزش ($i=1,\ldots N_{mat}$) و Mat (i,2) موجود ماده iامین آمیزش باشد.

مرحله ۲- از الگوریتم زیر برای اجرای آمیزش هم‌تباری حداقل استفاده کنید. در این‌جا K[x,y] میزان هم‌تباری (رابطه خویشاوندی) حیوانات y و x است:

برای $K= 1,2,3,\ldots$ داریم:

اوج آمیزش تصادفی $x[1\leq x\leq N_{mat}]$

اوج آمیزش تصادفی دیگر $y[1\leq y\leq N_{mat}; x\#y]$

تنظیم

$K[Mat(x,1), Mat(x,2)]+ K[Mat(y,1), Mat(y,2)]$

تنظیم

$K[Mat(x,1), Mat(y,2)]+ K[Mat(y,1), Mat(x,2)]$

تعداد جایگزین‌های موفق را محاسبه کنید: $S_k \Leftarrow S_{k-1}$

اگر

$REL_{test}<REL_{current}$

در این‌صورت، موجودات ماده در این آمیزش را جایگزین کنید:

$Mat(x,2) <== Mat(y,2)\& Mat(y,2) <== Mat(x,2)$

تنظیم $S_k \Leftarrow S_{k-1}$

اگر $S_k = = S_{k-100}$: پایان (ماده‌های مفید بیش‌تری وجود ندارند).

زمانی که الگوریتم به پایان می‌رسد، جدول Mat حاوی حداقل آمیزش هم‌تباری است.

به‌عنوان مثال اگر $m_i/N=$ ۴/۴۵۹ باشد، این رقم را به $M_i=$۴ گرد می‌کنیم.

اما پس از این گرد کردن، مجموع $M_i=(\sum M_i)$ ممکن است با تعداد مطلوب آمیزش، N_{mat}، مساوی نباشد. اگر $\sum M_i < N_{mat}$ باشد، ما یک آمیزش اضافی را برای موجودات نر در نظر می‌گیریم که برای بیش‌تر آن‌ها گرد شده است. همین‌طور اگر $\sum M_i > N_{mat}$ باشد، ما یک آمیزش را از موجود نر باید کم کنیم تا به عدد گرد برسیم.

۳-۲- انتخاب و آمیزش برای رسیدن به حداقل همخونی

۱-۳-۲- انتخاب سهم بهینه برای حداقل کردن میزان همخونی

در برنامه‌های خاص حفاظت و نگهداری، به‌طور اکید توصیه می‌شود که میانگین هم‌تباری و رابطه همخونی حداقل شود؛ زیرا در این صورت همخونی حداقل و تنوع آللی به حداکثر می‌رسد (فصل ۷). اگرچه در راهکارهای موجود در فصل ۷، مجموع مربعات سهم‌های ژنتیکی حداقل شده‌اند که در نتیجه، همخونی نیز به حداقل خواهد رسید. اما در عمل ممکن است به‌واسطه محدودیت‌های تولیدمثلی استفاده از آن‌ها دشوار باشد. در چنین مواقعی و هم‌چنین وقتی جمعیت زنده در موقعیت خطیر قرار می‌گیرد، ساختار خانواده می‌تواند (خیلی) از حالت تعادل خارج شود. انتخاب خویشاوندی حداقل، در تلاش است که به اصلاح این عدم تعادل سهم‌های ژنتیکی و سوابق خانواده بپردازد و رانش ژنتیکی را به حداقل برساند. اما تا آن‌جا که امکان دارد، راهکارهای حفاظت و نگهداری بلند مدت در فصل ۷ باید جایگزین شود. با انتخاب خویشاوندی حداقل، یک گروه از والدین انتخاب می‌شوند که رابطه زیر را حداقل می‌کنند:

$$K_a=\sum_i\sum_j c_i c_j K_{ij}$$

در اینجا $\sum_i$ ($\sum_j$)، مجموع تمام نامزدهای انتخاب هستند. K_a، متوسط رابطه خویشاوندی حیوانات انتخاب شده، K_{ij}، ضریب رابطه خویشاوندی (هم‌تباری) حیوانات j و i، c_i، سهم حیوان i در نسل بعدی (یعنی $c_i=\frac{1}{2}n_i/N$ و n_i تعداد نتاج حیوان i) و N کل تعداد نتاج هستند (ضریب $\frac{1}{2}$ به این دلیل است که یک نر یا ماده نیمی از ژن‌هایش را به فرزند می‌دهد). هم‌چنین $n_i=2Nc_i$ است که تعداد نتاج یک والد برای رسیدن سهم بهینه c_i، چه تعداد باید باشد.

سهم مطلوب c_i که مقدار K_a را به حداقل می‌رساند در پی‌نوشت ۲-۸ به نمایش در آمده است. وقتی ساختار خانواده متعادل می‌شود، حداقل انتخاب خویشاوندی را در خانواده به‌دنبال خواهد داشت.

رانش ژنتیکی می‌تواند در سطح DNA کنترل شود. این کار با محاسبه رابطه خویشاوندی براساس اطلاعات نشان‌گرهای ژنتیکی صورت می‌گیرد. نشان‌گرها، برای بهبود ضریب هم‌تباری بین حیوانات استفاده می‌شوند. البته این خویشاوندی در سطح DNA ارزیابی شده است. درصورتی‌که درخویشاوندی که تنها از طریق شجره‌ها محاسبه شده است، انتظار می‌رود تعادل ضریب خویشاوندی آن‌ها در سطح قطعات DNA باشد. اما فرناندز (۲۰۰۵) اثبات کرد که این روش در مقایسه با استفاده تنها از شجره حیوانات مزیتی ندارد.

۲-۳-۲- آمیزش

آمیزش به‌روش آمیزش هم‌تباری حداقل- فاکتوریل (پی‌نوشت ۱-۸)، در تصمیم‌گیری برای این‌که چه افرادی با هم آمیزش نمایند کمک می‌کند. فاکتوریل مشخص می‌کند که هر جفت والد یک جفت فرزند داشته باشند (یا حداقل نتاج ممکن). این راهکار آمیزش می‌تواند تا حدود زیادی رابطه میان نتاج را متعادل کند، به‌طوری‌که در انتخاب OC بعدی، انتخاب یک نتاج مانع از انتخاب خویشاوند نزدیک آن شود.

پی‌نوشت ۲-۸- انتخاب سهم بهینه برای حداقل کردن همخونی

لازم است تا مشکل انتخاب خویشاوندی حداقل (که در متن به آن اشاره شد) را به صورت عبارت ماتریسی بنویسیم:

$K_a=c'Kc$

در اینجا K در واقع ماتریس ضریب خویشاوندی (q^*q) به شمار می‌آید (q تعداد نامزدهای انتخاب است) . c نیز بردار سهم‌های ژنتیکی است. می‌توان نشان داد که وقتی که سهم‌های ژنتیکی به‌صورت زیر باشند، K_a حداقل خواهد شد.

$$c = \frac{۱}{۲} K^{-۱}Q(Q'K^{-۱}Q)^{-۱}\,۱$$

در این‌جا ۱، یک بردار ستونی از یک است، Q یک ماتریس صفر و یک جنسیتی است، به‌طوری‌که در آن ستون اول برای نر نامزد عدد یک و برای ماده‌های نامزد صفر و در ستون دوم، برای هر ماده نامزد عدد یک و برای نرهای نامزد عدد صفر جاگذاری شده است. سهم‌های ژنتیکی نر و ماده‌های نامزد به‌صورت $\frac{۱}{۲}$ ظاهر می‌شود.

٤-۲- انتخاب و آمیزش در جمعیت‌های کوچک

اندازه جمعیت تحت حفاظت زنده ممکن است حداقل اندازه مؤثر از ۵۰ حیوان مذکور را داشته باشد و برخی از اصلاحات برای سازگاری ژنتیکی در نژاد لازم باشد که در فصل ۲ نیز توضیح داده شد. در چنین مواردی سه روش انتخاب مطرح شده است:

- انتخاب فنوتیپی، یعنی انتخاب براساس عملکرد خود حیوانات.
- انتخاب سهم بهینه (میوویسن، ۱۹۹۷؛ گراندی ۱۹۹۸).
- برخی از اشکال انتخاب به کمک نشان‌گر (MAS)[1].

اولین روش انتخاب، اجرای بسیار ساده و آسانی دارد. در حالی‌که انتخاب سهم مطلوب یک روش با فناوری نوین نیاز دارد. یادآور می‌شویم که اگر از BLUP (بهترین پیش بینی نااریب خطی) استفاده شود و از آن برای براورد ارزش ارثی بهره گرفته شود، روش سهم مطلوب باید همیشه مورد استفاده قرار گیرد. در غیر این صورت، اندازه جمعیت مؤثر می‌تواند به شدت به

[1] Marker Assisted Selection

زیر اندازه واقعی برسد و بنابراین رانش ژنتیکی افزایش خواهد یافت (بدون این‌که کابر از آن آگاهی داشته باشد).

۱-٤-۲- انتخاب فنوتیپی

انتخاب به‌روش قطع برای ارزش فنوتیپی، ساده‌ترین روش انتخاب است، اما در نرخ‌های مساوی همخونی، این می‌تواند حاصل انتخاب BLUP باشد (کوینتون[1] و همکاران، ۱۹۹۱). زمانی که صفات برای هر دو جنس قابل اندازه‌گیری باشند، اجرای این روش بسیار آسان است. به‌عنوان مثال، انتخاب ساده حیوانات که دارای بالاترین ضریب رشد هستند. اکثر حیوانات در گله‌های مختلف نگهداری می‌شوند، و مقایسه مستقیم حیوانات در گله‌های مختلف صحیح نیست. برای استفاده از این انتخاب باید رکوردها برای میانگین گله (یا میانگین گله- سال- فصل) تصحیح شوند.

وقتی چنین صفتی در یک جنس اندازه‌گیری شده باشد (به عنوان مثال، تعداد فرزندان به دنیا آمده) در جنس دیگر که رکوردی ندارد، انتخاب می‌تواند به صورت تصادفی صورت گیرد. در روش دیگر انتخاب براساس تعداد فرزندان متولد شده از نرهای نامزد به‌ازای هر گاو ماده و یا میانگین فرزندان متولد شده مادران نرهای نامزد است. در روش آخر لازم است که اندازه جمعیت کاملاً بزرگ باشد.

اغلب، انتخاب برای بیش از یک صفت انجام می‌شود، یعنی لازم است که چندین صفت اصلاح شوند. مانند قبل، انتخاب فنوتیپی فقط برای عملکردهای فردی حیوانات استفاده می‌شوند. اما عملکرد صفات مختلف هر فرد باید با هم تلفیق و با روش شاخص انتخاب، انتخاب صورت گیرد. این خود شامل سه مرحله است:

۱- شناسایی جهت انتخاب بهینه یعنی تصویر حیوانی که با محیط سازگاری مطلوبی داشته باشد (و شرایط بازار). تصویر این حیوان نباید خیلی پیچیده باشد و باید بتوان در یک افق زمانی مطلوب و منطقی به آن دست یافت.

۲- تهیه شاخص انتخاب مطلوب جهت انتخاب حیوانات با استفاده از عملکرد آن‌ها (به کامرون[2]، ۱۹۹۷ مراجعه شود). جهت توضیح مختصر درباره شاخص انتخاب مطلوب به پی‌نوشت ۳-۸ مراجعه شود.

---

[1] Quinton
[2] Cameron

۳- محاسبه پاسخ انتخاب به‌دست آمده در یک افق زمانی، با استفاده از مطالب کامرون (۱۹۹۷). اگر پاسخ انتخاب از هدف اولیه در مرحله ۱ انحراف داشته باشد، هدف موجود در مرحله یک باید واقعی‌تر شود و مرحله دو و سه باید دوباره تکرار گردد.

با توجه به مرحله دو، شاخص انتخاب می‌تواند با وزن دادن به صفات هر حیوان تشکیل شود. در این‌جا انتخاب مثل انتخاب تک صفتی پیش می‌رود، اما شاخص انتخاب جایگزین رکورد انفرادی شده است.

در شاخص مذکور ارزش اقتصادی صفات دخالت ندارد و آن‌ها تلویحاً به‌وسیله‌ی بهره ژنتیکی به‌دست آمده مشخص می‌شوند (کامرون، ۱۹۹۷). این روش به‌نظر می‌رسد مفیدتر باشد؛ زیرا ارزش‌های اقتصادی صفات در نژادهای بومی پیچیدگی خاص خود را دارد و خصوصیاتی مثل باروری، مقاومت در برابر بیماری، طول عمر وکیفیت تولیدات آن‌ها منحصر به فرد است. انتخاب برای کسب اهداف اصلاحی می‌تواند صفات نژادهای بومی را معادل صفات نژادهای وارداتی قرار دهد. درصورتی‌که نژادهای وارداتی معمولاً برای یک هدف اصلاحی خاص شدیداً انتخاب شده‌اند. در مواردی که محاسبه ارزش اقتصادی ساده نیست، شاخص انتخاب بهینه معمولی باید استفاده شود. هم شاخص بهره ژنتیکی مطلوب و هم شاخص انتخاب بهینه، نیاز به اطلاعات مربوط به واریانس‌ها وکوواریانس‌های ژنتیکی بین صفات دارند. این اطلاعات برای نژادهای با جمعیت کوچک همیشه در دسترس نیست؛ اما شاید بتوان از اطلاعات نژادهای مشابه برای آن‌ها استفاده کرد.

در صورتی که اطلاعات نژادهای مشابه هم وجود نداشته باشد، از «ارزیابی‌های تخمینی» استفاده می‌شود. باید به خاطر داشت که انتخاب فنوتیپی، اندازه جمعیت مؤثر را نسبت به انتخاب تصادفی کاهش می‌دهد. یعنی اندازه مؤثر کوچک‌تر خواهد شد (جدول ۲-۷ را ببینید). کاهش اندازه جمعیت همراه با توارث‌پذیری صفت و شدت انتخاب بیش‌تر می‌شود، و کاهشی بیش از سی درصد مورد انتظار خواهد بود.

۲-٤-۲- انتخاب سهم بهینه

انتخاب سهم بهینه، سطح ژنتیکی والدین انتخاب شده را حداکثر می‌کند. درحالی‌که افزایش روابط خویشاوندی در جمعیت را نیز کنترل می‌کند. از آن‌جایی‌که میانگین روابط

خویشاوندی والدین مساوی با ضریب خویشاوندی نوه‌ها است، لذا کنترل این روابط خویشاوندی به‌منزله کنترل نرخ همخونی در جمعیت نیز هست.

پی‌نوشت ۳-۸- شاخص انتخاب بهره ژنتیکی مطلوب

میزان تغییر لازم در صفت i برای این‌که میانگین فعلی جمعیت به میانگین بهینه و مطلوب برسد را با x_i نشان می‌دهیم. x بردار این تغییرات است. ماتریس واریانس- کوواریانس ژنتیکی صفات با G نشان داده می‌شود. هم‌چنین فرض بر این است که تمام صفاتی که در حال اصلاح هستند اندازه‌گیری شده‌اند. در غیر این‌صورت محاسبه عناصر شاخص پیچیده‌تر می‌شود. براورد شاخص انتخاب بهره‌گیری مطلوب و بهینه از طریق معادله زیر قابل محاسبه خواهد بود:

$$b=G^{-1}\mathbf{x}$$

بردار پاسخ‌های انتخاب صفات در طول افق زمانی T (برحسب سال) به‌شرح زیر محاسبه می‌گردد:

$$\Delta\mathbf{G_T}=\boldsymbol{x}iT/L[(\boldsymbol{b'Pb})^{1/2}]$$

در اینجا *i*، شدت انتخاب (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶)، L فاصله نسل، و **P**، ماتریس واریانس- کوواریانس فنوتیپی صفات است.

در این‌جا سهم بهینه به زبان بسیار ساده توضیح داده می‌شود. شایستگی ژنتیکی والدین که با سهم آن‌ها وزن داده شده‌اند، با رابطه زیر محاسبه می‌شود:

$$G=\sum_i c_i EBV_i$$

$\sum_i$ بیان‌گر مجموع تمام نامزدهای انتخاب شده، EBV_i براورد ارزش ارثی به‌روش BLUP، و c_i سهم iامین نامزد انتخاب است. یادآور می‌شویم که c_i برای نامزدهایی که انتخاب نشده‌اند صفر است. میانگین روابط خویشاوندی والدین منتخب به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$K_a=\sum_i\sum_j c_i c_j K_{ij}$$

این مقدار نباید از میزان ΔF در هر نسل بیش‌تر شود. در این‌جا ΔF نرخ مطلوب همخونی است. بنابراین میانگین خویشاوندی به معادله زیر محدود می‌گردد:

$$K_r=1-(1-\Delta F_d)^t$$

t تعداد نسل و ΔF_d نرخ مطلوب همخونی است.

میوویسن (۱۹۹۷) الگوریتمی را توضیح داد که در آن سهم هر نامزد (c_i) و در نتیجه تعداد نتاجی که هر نامزد باید داشته باشد بهینه شده است. این کار به‌صورتی انجام شده است که شایستگی ژنتیکی والدین (G) حداکثر گردیده و میانگین خویشاوندی از K_r بیش‌تر نمی‌شود. این روش انتخاب در حالت شبیه‌سازی، سطوح مطلوبی از همخونی را دربرگرفته و پیشرفت ژنتیکی آن نسبت به انتخاب برای براورد ارزش‌های اصلاحی BLUP نیز سی درصد بیش‌تر است (با نرخ همخونی مشابه).

انتخاب سهم بهینه می‌تواند به طرح‌های اصلاحی با نسل‌های همپوشان که به‌وسیله میوویسن و سونسون (۱۹۹۸) و گراندی (۲۰۰۰) مطرح شد نیز تعمیم یابد.

اگرچه انتخاب سهم بهینه در اجرا دشواری‌هایی دارد، ولی قطعاً نسبت به براوردهای ارزش ارثی BLUP مطلوب‌تر است. زیرا انتخاب سهم بهینه مذکور نرخ همخونی را کنترل می‌کند، در صورتی‌که انتخاب BLUP بسته به این‌که تعداد نرها و ماده‌های انتخاب شده چه تعداد هستند، می‌تواند نرخ همخونی را افزایش دهد.

۳-٤-۲- آمیزش

آمیزش هم‌تباری حداقل فاکتوریل (پی‌نوشت ۱-۸ را ببینید) مشخص می‌کند که چه افرادی با یکدیگر آمیزش کنند. در این روش، فاکتوریل بیان‌گر این است که هر جفت می‌تواند فقط یک فرزند تولید کند (یا حداقل تعداد ممکن نتاج). این راهکار آمیزش می‌تواند تا حدود زیادی به یکسان شدن خویشاوندی میان نتاج منتهی شود. به‌طوری‌که در دور بعدی انتخاب، انتخاب OC با محدود کردن میانگین روابط خویشاوندی کم‌ترین تأخیر را ایجاد خواهد کرد. یعنی وقتی دو نامزد دارای EBV بالایی هستند، هر دو می‌توانند انتخاب شوند. زیرا رابطه خویشاوندی هریک از آن‌ها با هر جفت نامزد دیگر مشابه است .برای بررسی جزئیات امر به سازوکار ساختار آمیزش که به وسیله سورنسن[1] (۲۰۰۵) ارایه شده مراجعه شود.

[1] Sorensen

۵-۲- انتخاب بین نژادها

در برخی مواقع نمی‌توان نـژادی کـه در یـک جمعیـت بـسته و همخـون تجمـع یافتـه اسـت را نگهداری کرد. زیرا تعـداد آن‌هـا آن‌قـدر کـم اسـت کـه نمـی‌تـوان از همخـونی مفـرط آن‌هـا جلوگیری نمود یا تعداد آن‌ها برای یک طرح اصلاحی رقابتی (بین‌المللی) خیلی کم است و یا لازم است که برخی خصوصیات از نژادهای دیگر را به این نژادها منتقل نماییم.

۱-۵-۲- تعداد بسیار کم برای اجتناب از مقادیر بیش ازحد همخونی

در این گونه مواقع بـه‌صـورت موقـت تعـدادی از والـدین از نـژاد (ترجیحـاً نژادهـای نزدیـک) به‌جمعیت اضافه می‌شوند تا تعداد حیوانات موجود در جمعیت مجدداً بازسازی شود. ایـن کـار از تنگناهای ژنتیکی که به‌واسطه تعداد بسیار کم جمعیـت ایجـاد مـی‌شـود، جلـوگیری خواهـد کرد. در این‌جا استفاده از یک نژاد نزدیک و هم منشأ مطلوب است. زیرا در غیر ایـن صـورت به‌واسطه این‌که در نژاد در حال خطر، تغییرات ژنتیکی زیادی رخ خواهد داد، تنوع ژنتیکی بین نژادها را از دست خواهیم داد. لازم به تذکر اسـت کـه اسـتفاده از والـدینی از نـژاد دیگـر بایـد به‌صورت موقتی باشد. زیرا در غیر این صورت ژن‌های نژاد خارجی به‌تدریج جایگزین ژن‌های نژاد فعلی خواهند شد.

هم‌چنین می‌توان دو جمعیت را در هم ادغام نمود تا زیر جمعیت‌ها را در یک جمعیـت بـزرگ نجات داد. دوباره تأکید می‌شود که نژادها باید از نظر ژنتیکی نزدیک باشند. اگر رابطه بـین دو نژاد با هم زیاد و شبیه به هم باشند، دراین صورت تنوع ژنتیکی خیلـی کمـی از دسـت خواهـد رفت. معیار تنوع MVT (فصل۶) میزان تنـوع از دسـت رفتـه در ادغـام نژادهـا را انـدازه‌گیـری می‌کند. روش احتمال انقراض (فصل ۶) می‌تواند برای تعیین ایـن‌کـه در بلنـد مـدت، بـا ادغـام نژادها یا عدم این ادغام چه میزان تنوع حفظ می‌شود، مورد استفاده قرار گیرد.

پی‌نوشت ٤-٨- انتخاب سهم بهینه برای اصلاح ژنتیکی

در انتخاب سهم بهینه، ما می‌خواهیم سطح ژنتیکی والدین انتخاب شده را حـداکثر کنـیم. ایـن سطح ژنتیکی والدین (G) با EBV_S والدین که با سـهم هـر یـک ازآن‌هـا وزن داده شـده‌انـد و به‌وسیله نسبت‌هایی که دارا هستند محاسبه می‌شوند. **c** نیز سهمی است که باید بهینه شود. البتـه

ما میانگین روابط خویشاوندی والدین انتخاب شده را محدود می‌کنیم تا به یک K_r از قبل تعریف شده برسیم.

حداکثر کردن: $G=c'\times EBV$

تحت شرایط محدودیت: $K_r=c'\times K\times c$

$½=Q'\times c$

برای c نامشخص، Q یک ماتریس (n×۲) و بیان‌گر جنسیت حیوانات است (در صورتی که نامزد i یک نر باشد، آن‌گاه: $Q(i,1)=1$ و در غیر این‌صورت $Q(i,2)=1$ و $Q(i,1)=0$ خواهد بود و آخرین محدودیت مجموع سهم تمام نرها (ماده‌ها) را به ½ می‌رساند. با به‌کارگیری روش لاگرانژ[1] برای بهینه‌سازی محدود شده، راه حل بهینه زیر به‌دست می‌آید:

$C=A^{-1}(EBV-Q\lambda)/(2\lambda_0)$

در این‌جا λ و λ_0 در حال لاگرانژ هستند که این محدودیت ها را اعمال می‌کنند (میوویسن، ۱۹۹۷).

۲-۵-۲- وقتی‌که برای ارایه یک طرح اصلاحی رقابتی تعداد افراد بسیار کم هستند

در موقعیتی که نژاد از لحاظ اندازه به‌دلیل رقابت خارجی/ سایر طرح‌های اصلاح نژادی کاهش می‌یابد، گزینه‌های زیر می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد:

۱- وارد کردن بعضی از ویژگی‌های مطلوب نژادهای خارجی به نژاد بومی

۲- ادغام با برخی نژادهای بومی در معرض خطر قرار گرفته و تنظیم یک طرح اصلاح نژاد رقابتی برای یک جمعیت بزرگ

الف- واردکردن ژن‌ها

وارد کردن ژن‌ها می‌تواند بر مبنای اطلاعات فنوتیپی انجام گیرد. در این حالت بعضی از حیوانات با نژاد خارجی آمیزش می‌نمایند و جمعیت دورگه پیوسته به‌صورت تلاقی برگشتی با نژاد بومی آمیزش می‌کند. با این روش صفات و خصوصیات مطلوب جمعیت از طریق انتخاب حفظ می‌شود. روش دیگر، شناسایی ژن‌های کنترل کننده صفات مطلوب و تهیه نقشه QTL

[1] Lagrangian Method

این صفات کمّی است. در ادامه این کار نواحی حاوی آلل‌های QTL با استفاده از آمیزش برگشتی، به نژادهای بومی وارد می‌شوند. به‌منظور حفظ نواحی مناسب QTL در جمعیت حاصل از تلاقی برگشتی، از نشان‌گرهای ژنتیکی مولکولی استفاده می‌شود (فصل ۴، ویسچر[1]، ۱۹۹۶).

ب- ادغام با سایر نژادهای بومی در معرض خطر

هنگامی که جمعیت‌های خیلی کوچک جهت جلوگیری از همخونی مفرط ادغام می‌شوند، شرایط ایده‌آل این است که جمعیت‌های که ادغام می‌شوند از نظر ژنتیکی خیلی به هم نزدیک باشند. مقدار تنوعی که از دست خواهد رفت را نیز می‌توان با معیار MVT (فصل ۶) و روش احتمالات انقراض (فصل ۶) اندازه‌گیری نمود. یک موضوع حایز اهمیت این است که نژادهای مورد ادغام اهداف اصلاحی مشابهی دارند یا خیر؟ اگر اهداف اصلاحی متفاوتی داشته باشند و همبستگی بین اهداف اصلاحی آن‌ها بین ۰/۸- ۰/۷ باشد، نمی‌توان هیچ‌گونه پیشرفت ژنتیکی در ارزش‌های اقتصادی انتظار داشت. اما اگر جمعیت‌ها جدا نگهداری شوند، هنوز پاسخ ژنتیکی مطلوبی را می‌توان مشاهده کرد. اگر میزان همبستگی کم‌تر از ۰/۷ باشد، با ادغام جمعیت‌ها ممکن است بهبود ژنتیکی را از دست بدهیم.

٦-۲- انتخاب به‌کمک نشان‌گر

طی سال‌های اخیر، استفاده از انتخاب به‌کمک نشان‌گرهای ژنتیکی به‌ویژه در گاوها بسیار مورد توجه قرار گرفته است. از این رو مراحل مربوطه و مزایای حاصل از آن تشریح می‌شود.

۱-٦-۲- تشخیص QTL

QTL ها براساس تجزیه و تحلیل جمعیت‌های F2 یا آمیزش‌ها درجمعیت‌های دورجفتی تشخیص داده می‌شوند. اصول شناسایی QTL بر مبنای آمیزش‌های F2، در فصل ۴ ارایه شد. طرح آمیزش F2 به دلیل وجود فرضیه اصلی طرح نقشه ژنتیکی F2-QTL (والدین باید همخون و خالص باشند) کم‌تر استقبال شده و عمومیت یافته است. البته طرح آمیزشی F2ها به‌دلیل این‌که والدین کاملاً خالص نیستند، توانایی‌اش را به‌طور کامل از دست نمی‌دهد.

[1] Vischer

طرح آمیزش دورجفتی براساس تجزیه و تحلیل پیوستگی (لینکاژ) خانوادههای بزرگ (نا تنیها) استوار است. احتمالاً چنین خانوادههای ناتنی بزرگ در جمعیتهای با تعداد محدود یافت نمیشوند. تجزیه و تحلیل عدم تعادل پیوستگی و پیوستگی مرکب (مدوین و همکاران، ۲۰۰۲) کمتر به اندازه بزرگ خانوادهها متکی است (لی و واندروف[1]، ۲۰۰۴). اما به نقشههای نشانگر اشباعشدهتر نیازمند است. تشریح جزئیات طرحها و روشهای تهیه نقشههای QTL را میتوان در کتاب ولر (۲۰۰۱) ملاحظه کرد.

۲-٦-۲- تجزیه و تحلیل پیوستگی- انتخاب بهکمک نشانگر (LA-MAS)

بعد از شناسایی یک QTL، در صورتیکه بیش از پنج درصد از کل واریانس ژنتیکی توسط آن توصیف شود، میتوان از این QTL در اجرای LA-MAS استفاده کرد. در روش LA-MAS نیازی به عدم تعادل زیاد بین QTL و نشانگرها در جمعیت نیست. از اینرو وقتی نشانگرها در فاصله دورتر از QTL هم قرار دارند (۱۰-۲۰cM) و یا وقتی نقشه QTL خیلی دقیق نباشد، میتوان از آن استفاده کرد. روش LA-MAS با محاسبه ارزشهای ارثی BLUP به کمک نشانگر و با استفاده از روش فرناندو[2] و گروسمن[3] (۱۹۸۹) شروع شد. سپس از براوردهای ارزش ارثی BLUP به کمک نشانگر بهجای ارزشهای BLUP معمولی استفاده شد. انتخاب OC برای کنترل ساختار روابط خویشاوندی و همخونی جمعیت، هنوز مورد نیاز است. البته باید اشاره شود انتخاب OC همانطوریکه در بالا تشریح شد همخونی را در یک جایگاه تصادفی در ژنوم کنترل میکند؛ نه در یک جایگاه خیلی نزدیک QTL (جاییکه اصولاً همخونی بالاتر است). اغلب برنامههای اصلاحی MAS همخونی مجاور QTL را کنترل نمیکنند، زیرا این کار پاسخ QTL را کاهش میدهد.

۳-٦-۲- عدم تعادل پیوستگی- انتخاب به کمک نشانگر (LD-MAS)

در اینجا نشانگری مورد نظر است که به اندازهای به QTL پیوسته است که میتواند بهعنوان یک شاخص مستقیم برای تشخیص QTL مورد استفاده قرار گیرد. روش LA-MAS مبتنی بر

[1] Van Der Werf
[2] Fernando
[3] Grossman

عدم تعادل پیوستگی بین نشان‌گر و QTL است. به‌طوری‌که QTL و نشان‌گر به هم پیوسته‌اند. بسیاری از آزمون‌های ژنتیکی مبتنی بر نشان‌گرهای LD هستند، البته به‌استثنای آن‌هایی که به‌واسطه جهش ایجاد شده‌اند (مثل DGT1 ، گریسارت و همکاران، ۲۰۰۲). همبستگی بین نشان‌گر و QTL از یک جمعیت به جمعیت دیگر متفاوت است و در حقیقت ممکن است به دلیل نوترکیبی گاه و بی‌گاه QTL و نشان‌گر، در جمعیت‌های مختلف متضاد همدیگر باشند. لذا بسیار مهم است که پیوستگی نشان‌گر LD و QTL در جمعیت مورد نظر به‌طور مجدد براورد شود. هم‌چنین پیوستگی بین نشان‌گر و QTL ممکن است در خلال نسل‌ها تغییر کند و لازم است که پس از هر دو تا سه نسل (بسته به شدت MAS و اندازه جمعیت مؤثر) این میزان مجدداً براورد شود.

٤-٦-٢- انتخاب به‌کمک ژن (GAS)

در مورد GAS، جهش سببی[1]، براساس تفاوت ژنتیکی حیوانات قابل تشخیص است (نظیر DGATI، گریس‌آرت و همکاران، ۲۰۰۲) و انتخاب می‌تواند به‌طور مستقیم و برای آلل‌های مثبت صورت گیرد. تفاوت تأثیر یک جهش سببی از یک جمعیت به جمعیت دیگر خیلی کم است و پیش‌بینی می‌شود که در طول زمان به‌نسبت ثابت بماند. البته جهش‌های سببی ممکن است در جمعیت‌های مختلف متفاوت باشند که این امر به‌دلیل واکنش آن‌ها با ژن‌های زمینه‌ای[2] در جمعیت است. یعنی بعضی از ژن‌های زمینه‌ای ممکن است اثر دیگر ژن‌ها را افزایش و یا کاهش دهند.

٥-٦-٢- انتخاب ژنومی

انتخاب ژنومی انتخابی است که برای هزاران نشان‌گر LD به‌طورهمزمان با استفاده از یک نقشه نشان‌گر اشباع اجرا می‌شود (میوویسن، ۲۰۰۱). با انتخاب ژنومی، یک نشان‌گر منفرد اثر کاملاً معنی‌داری ندارد. اما فرض بر این است که مجموع تمام اثرات براورد شده، کل واریانس ژنتیکی در ژنوم را دربردارد. انتظار می‌رود براورد خطاهای همه این هزاران براورد، نزدیک به صفر باشد. پس انتخاب ژنومی، انتخاب را برای کل واریانس ژنتیکی ممکن می‌سازد؛ درصورتی‌که راهکارهای MAS یک یا چند QTL را کنترل می‌کند. لذا MAS بر

[1] Causative Mutation
[2] Background Genes

یک بخش محدود از کل واریانس ژنتیکی متمرکز است. کنترل تنوع ژنتیکی از طریق انتخاب OC یا ارزیابی میزان رابطه خویشاوندی با استفاده از نشان‌گرها، شجره و یا هردو ضروری خواهد بود، زیرا درغیر این صورت انتخاب شدید برای یک ناحیه خاص کروموزوم می‌تواند موجب کاهش تنوع ژنتیکی در بخش‌های عمده‌ی ژنوم شود.

٦-٦-۲- حفاظت با کمک نشان‌گر

در شرایط وجود نشان‌گرهای بسیار متراکم و اندازه ژنوم کوچک، رانش درون خانوادگی (رانش به‌واسطه نمونه‌گیری مندلی) می‌تواند متوقف شود. این توقف به‌واسطه انتخاب به‌کمک نشان‌گر در گروهی از حیوانات صورت می‌گیرد که سهم تعادل آلل‌های پدری و مادری برای هر والد و هر جایگاه ژنومی یکسان است (وانگ و هیل، ۲۰۰۰). این کنترل نهایی و با فناوری پیشرفته رانش ژنتیکی در برخی مواقع که تعداد افراد جمعیت خیلی کم شده‌اند نیز می‌تواند مفید باشد (یعنی جمعیتی بالغ بر یک جفت نر و ده ماده).

۳- طرح‌های حفاظت از طریق انجماد

مصرف‌کنندگان ذخایر ژنتیکی حفاظت شده از طریق انجماد، تا جای امکان باید مواد ژنتیکی خود را تجدید کنند. زمان مورد نیاز برای تجدید این مواد ژنتیکی به نوع کاربرد آن بستگی دارد. (فائو، ۱۹۹۸):

- جنین‌های استفاده شده در تجدید دوباره نژاد، می‌توانند با جنین‌های به‌دست آمده از نژادهای تجدیدشده جدید در بانک ژنومی جایگزین شوند. به‌منظور کنترل تغییرات ژنتیکی نیاز به مراقبت‌های ویژه داریم: حداقل خویشاوندی یا انتخاب درون فامیلی باید انجام شود تا جمعیتی که از جنین‌های خارج‌شده از انجماد تشکیل می‌شود، مشکلی نداشته باشد و برای انتخاب جنین‌هایی که در بانک انجماد جایگزین می‌شوند نیز باید همین ضابطه اعمال شود.
- منی استفاده شده در تجدید نژاد باید با منی که از نژاد تجدید شده تولید می‌شود جایگزین شود. در اینجا مجدداً به اهمیت حفظ تنوع ژنتیکی اشاره می‌نماییم. در این‌جا مشکل این است که ذخایری که برای تجدید استفاده می‌شوند، صددرصد خالص نیستند؛ حتی پس از تلاقی برگشتی با نژاد حفاظت شده. با این‌همه، ژن‌های منی تجدید شده باید شامل بیش از نود

درصد ژن‌های نژاد تحت حفاظت باشند. این سهم از ژن‌ها در نسل چهارم آمیزش برگشتی به‌طور کامل به‌دست می‌آید.

- بانک ژنومی سلول‌های سوماتیکی به‌سادگی می‌توانند تجدید شوند. بازیابی سلول‌های فعلی نیاز به ذوب و کشت مجدد خط سلولی دارد. سلول‌های کشت‌شده جدید دوباره باید منجمد شوند.
- منی به‌کار رفته در ایجاد یک نژاد سنتز شده (از چندین نژاد پایه) نمی‌تواند با نژاد اولیه اصلی جایگزین شود.
- منی استفاده شده در بررسی‌های تلاقی نژادها (شامل طرح‌های تهیه نقشه ژنتیکی F2 QTL) نیز نمی‌توانند دوباره تجدید شوند.
- منی استفاده شده برای انتقال ژن‌های بانک ژنوم یک نژاد به نژاد دیگر، امکان جایگزین شدن را ندارند.

خوشبختانه سه مورد آخر از کاربردهای بانک ژنومی به مقدار کمی منی احتیاج دارند، اما لازم است که بانک دوباره تجدید شود. بنابراین با توجه به کاربردهای منی، باید ذخایر منی به‌صورت کامل در بانک ژنومی یک نژاد جایگزین شوند. مورد آخر شامل بازسازی مجدد بانک ژنومی نژاد به‌وسیله جنین (یا منی) است. هم‌چنین اطلاعات حاصل از بررسی‌های ژنتیکی، تلاقی نژادها و تجدید نژاد (وهر مقایسه نژادی که درآن صورت می‌گیرد) خیلی ارزشمند بوده و باید در یک بانک اطلاعات ثبت و نگهداری شوند.

٤- ادغام شیوه‌های حفاظت موجودات زنده و حفاظت از طریق انجماد

٤-١- جنبه‌های کلی

طرح‌های ادغام شده حفاظت موجودات زنده و حفاظت از طریق انجماد شباهت بسیاری به طرح‌های موجود زنده دارد. از این رو موضوعات کاربردی آن در این‌جا نیز مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این زمینه دو طرح ادغام شده وجود دارد:

- طرح موجود زنده با پشتیبانی مواد ژنتیکی منجمد[1]. در این طرح موجودات زنده نگهداری می‌شوند و مواد ژنتیکی منجمدشده‌ی قدیمی به‌عنوان پشتیبان در هنگام وقوع مشکل (ژنتیکی) مورد استفاده قرار می‌گیرد.

[1] Cryo-back-up live

- طرح زنده با کمک مواد ژنتیکی منجمد شده. در این روش طرح حفاظت موجودات زنده از طریق ذخیره‌سازی نمونه‌ها به‌صورت منجمد، با افزایش فاصله میان نسل‌ها همراه است.

به نظر می رسد که اجرای طرح حفاظت از موجودات زنده بدون هیچ‌گونه پشتیبانی در شرایط اضطراری مخاطره‌آمیز باشد. از این رو درصورتی‌که تعداد جمعیت مؤثر به پنجاه نمی‌رسد، طرح حفاظت موجودات زنده با پشتیبانی مواد ژنتیکی منجمد توصیه می‌شود. اگرچه اندازه مؤثر پنجاه تقریباً ایمن به‌نظر می‌رسد؛ ولی می‌تواند پیامدهایی نظیر کاهش عملکرد ناشی از همخونی (نظیر ضعف در باروری) و هم‌چنین نقایص ژنتیکی را به‌دنبال داشته باشد. علاوه بر این بیماری‌ها و سایر حوادث ناگهانی نیز منجر به کاهش شدید نمونه‌های جدا شده در مناطق مختلف جغرافیایی می‌شود. این دلایل اهمیت پشتیبانی جمعیت مؤثر با مواد ژنتیکی منجمد را آشکار می‌سازد. از این رو ذخیره‌سازی دایمی منی و جنین‌های منجمد، در به‌حداقل رساندن خطرات مذکور بسیار مفید واقع خواهد شد.

در صورتی‌که منابع (مالی) کافی در رسیدن به حداقل اندازه مؤثر پنجاه در یک جمعیت زنده وجود نداشته باشد، طرح حفاظت موجود زنده با پشتیبانی مواد ژنتیکی منجمد مؤثر واقع می‌گردد. با ذخیره‌سازی مواد ژنتیکی منجمد فاصله میان نسلی می‌تواند افزایش یابد تا جمعیت به‌اندازه مؤثر پنجاه برسد. افزایش فاصله نسل‌ها، کاهش میزان سازگاری (و پیشرفت) ژنتیکی نژاد را با خود به همراه دارد. لذا باید به حداقل میزان ممکن تقلیل یابد.

۲-٤- طرح‌های حفاظت موجودات زنده با پشتیبانی مواد ژنتیکی منجمد

۱-۲-٤- پشتیبانی در بلایای طبیعی

در هنگام وقوع یک حادثه (بیماری، آتش‌سوزی و نظایر آن) احتمالاً نیاز به تجدید دوباره جمعیت یا قسمتی از جمعیت داریم. ریسک خطرات ناشی از بلایای طبیعی را می‌توان با حفظ جمعیت در چندین گله (خصوصاً نرها) به‌طورقابل توجهی کاهش داد. در صورت از بین رفتن بخش بزرگی از جمعیت، بازمانده‌ی آن درمعرض تنگنای ژنتیکی قرار می‌گیرد. انتخاب حداقل رابطه خویشاوندی، ممکن است برای خروج جمعیت از این تنگنا مورد استفاده قرار گیرد. چنان‌چه استفاده از والد نر در گله‌های مختلف محدودیت داشته باشد، ذخیره‌سازی منی نرهای نسل گذشته، می‌تواند روش جایگزینی برای تنگنای موجود باشد و فاصله بین ماده‌ی ذخیره شده و جمعیت ازدست رفته را کم کند.

بلایای طبیعی یک ناحیه بزرگ (سیل‌ها، بیماری‌ها، گردبادها) احتمالاً منجر به از میان رفتن کل جمعیت می‌شود. در این موارد باید به تولید مجدد نژاد پرداخت. تولید مجدد یک نژاد با استفاده از جنین‌های ذخیره شده، آسان‌تر از منی ذخیره شده است. به نظر می‌رسد بعضی از جنین‌های ذخیره شده منجمد برای این روش کاملاً مناسب باشند. راهکارهای زیر در دستیابی به شیوه‌های حمایتی مؤثر علی‌الخصوص در تولید مجدد نژاد، فوق‌العاده مؤثر واقع شده‌اند:

۱- در ابتدای طرح حفاظت، جنین‌هایی از جمعیت پایه منجمد و حفظ می‌شوند. تعداد مورد نیاز جنین‌ها مشابه طرح‌های حفاظت مواد ژنتیکی از طریق انجماد است که هدف آن‌ها نیز تجدید دوباره نژاد است (فصل ۲).

۲- منی هر فردی که در هر نسل در هر طرح استفاده می‌شود، باید منجمد و نگهداری شود. هزینه این کار به دلیل نیاز به طرح‌های مبتنی بر AI کمی بیش‌تر است. در این‌جا می‌توان در هر نسل منی پنجاه نر که حداقل رابطه خویشاوندی را دارند ذخیره نمود. این برای نگهداری تعداد جمعیت مؤثر پنجاه در جمعیت نرهای ذخیره شده کافی است.

۳- هر ۵ تا ۲۰ نسل مرحله یک را تکرار کنید. درصورتی‌که انتخابی انجام نشود، به نظر می‌رسد که ۲۰ نسل منطقی باشد. یعنی ما می‌خواهیم سازگاری ژنتیکی جدید چند نژاد را کنترل کنیم. در طرح‌هایی که انتخاب شدیدی اعمال می‌شود (جهت جلوگیری از کاهش پیشرفت ژنتیکی)، به‌نظر می‌رسد پنجاه نسل منطقی باشد. باتوجه به این‌که هزینه‌های ذخیره‌سازی از طریق انجماد عمدتاً شامل تهیه و هم‌چنین انجماد مواد ژنتیکی است، به‌نظر می‌رسد نگهداری مواد ذخیره‌شده منجمد اولیه مقرون به‌صرفه و هم‌چنین روش ایمنی باشد.

در موارد اضطراری، جدیدترین جنین‌های ذخیره شده را در دایه جاگذاری می‌کنیم و نتاج به‌دست آمده را با منی ذخیره شده در مرحله‌ی دو بارور می‌سازیم. ما می‌توانیم فقط جنین‌های ماده را نگهداری کنیم. زیرا این کار می‌تواند هزینه‌ها را کاهش دهد. ما جنین‌ها را هر پنج یا بیست نسل ذخیره می‌کنیم که دراین‌صورت جمعیت تجدید شده تأخیر ژنتیکی به‌ترتیب ۳ و ۱۰/۵ نسل خواهد داشت؛ زیرا ۳=(۱+۵)۰/۵ و ۱۰/۵=(۱+۲۰)۰/۵. هرگاه بلایای طبیعی اتفاق افتاد، باید به‌این صورت عمل کرد. چون هر وقتی امکان وقوع بلایای طبیعی وجود دارد، جمع‌آوری ذخایر، به ترتیب به‌طور متوسط ۱/۷۵ یا ۵/۵ نسل تأخیر ایجاد خواهد کرد.

به‌منظور پیشگیری از مشکلات ناشی از بلایای طبیعی، باید بانک ذخایر ژنتیکی منجمد در جایی جدا از محل نگهداری موجودات زنده (و ترجیحاً در دو محل جداگانه) نگهداری

شوند. به‌طوری‌که ذخایر ژنتیکی منجمد درمحل اول به‌طور دقیق شبیه به همین مواد در محل دوم باشد.

۲-۲-٤- پشتیبانی در هنگام وجود مشکلات ژنتیکی

به‌رغم وجود اندازه مؤثر پنج‌تایی، یک جهش زیان‌بخش می‌تواند رانشی با فراوانی بالا را در جمعیت به‌وجود آورد. در حالت وجود ژن نامطلوب مغلوب، فراوانی این ژن در جمعیت بالا خواهد رفت. زیرا قبل از این‌که به‌صورت هموزیگوت و تولید حیوانات با نقص ژنتیکی خود را نشان دهد، مدت زیادی در هتروزیگوت‌ها نهفته می‌ماند.

البته در صورت مشاهده یک نقص ژنتیکی، ما نمی‌توانیم بلافاصله نحوه‌ی توارث آن را شناسایی کنیم (تک ژنی یا چند ژنی، غالب یا مغلوب). نقص ژنتیکی مانند هر خصوصیت ژنتیکی دیگر می‌تواند درمان شود یا با استفاده از انتخاب OC همراه با براوردهای BLUP از ارزش‌های ارثی، یا شناسایی این‌که یک تک‌ژن باعث نقص ژنتیکی است، همراه با براوردهای ارزشی ارثی محاسبه شده برای آن تک‌ژن، فراوانی این نقص ژنتیکی کاهش یابد (سوونسون[1] و همکاران، ۲۰۰۳).

هنگامی که می‌خواهیم نقص ژنتیکی را در جمعیت کاهش دهیم، با حذف افراد حامل، تعداد افراد باقیمانده جمعیت کم خواهد شد. در این‌حالت کنترل همخونی در جمعیت بسیار مهم است. در چنین موقعیتی انتخاب قاطعی انجام شده و فقط افرادی که ژن مغلوب را ندارند انتخاب می‌شوند که این‌کار ممکن است جمعیت را به سوی یک تنگنای ژنتیکی (از نظر تعداد جمعیت) ببرد. در این‌گونه مواقع ذخیره منی و جنین که قبلاً شرح داده شده، جهت افزایش اندازه مؤثر جمعیت می‌تواند استفاده شود. البته شناسایی حاملان ژن جهیده (موتانت) می‌تواند از بروز خصوصیت در جمعیت جلوگیری کند. توجه داشته باشید که با توجه به این‌که جمعیت در تمام مدت نزول کرده، لذا حیوانات مسن‌تر بالاترین براوردهای ارزشی ارثی را خواهند داشت.

در پاراگراف قبلی، انتخاب OC را در مقابله با نقص ژنتیکی به‌کار بردیم. انتخاب OC هم‌چنین می‌تواند برای علاج و اصلاح بسیاری از مشکلاتی که به‌واسطه برخی ژن‌ها به‌وجود می‌آیند، مورد استفاده قرار گیرد. به‌عنوان مثال، عملکرد ضعیف تولیدمثل حیوانات می‌تواند با انتخاب

[1] Sonesson

حیوانات دارای تولیدمثل بالا اصلاح شود. بخش ۳-۲ چگونگی انتخاب برای یک صفت را تشریح می‌کند. اگر تولید مثل ضعیف به‌واسطه همخونی بالا در جمعیت به‌وجود آمده باشد، استفاده از ذخایر ژنتیکی منجمد شده قدیمی برای کاهش همخونی سطح جمعیت می‌تواند مفید واقع شود. بخش ۲-۲ نحوه‌ی حداقل‌سازی روابط خویشاوندی حیوانات و در نتیجه همخونی جمعیت را تشریح می‌کند.

دوباره متذکر می‌شویم که راهکارهای ذخیره‌سازی که در بخش قبلی تشریح شد، می‌تواند ذخایر منجمد شده کافی را تأمین نماید. برای کاهش روابط خویشاوندی در جمعیت مهم است که ما مواد ژنتیکی منجمد شده قدیمی را نگهداری کنیم؛ زیرا مواد ژنتیکی قدیمی‌تر به معنی ضریب خویشاوندی پایین‌تر در جمیت خواهد بود.

۳-٤- طرح‌های حفاظت موجودات زنده به‌کمک مواد ژنتیکی منجمد

۱-۳-٤- ذخیره‌سازی جنین‌ها

به‌منظور ارایه اصول کار، ابتدا طرح حفاظت موجودات زنده به کمک سرما را در نظر می‌گیریم که فاصله نسلی بالایی (مثلاً ۲۵/۵ سال) دارند. زمان تولد تا تولید جنین برای والدهای نر و ماده به ترتیب یک و دو سال است. جنین‌ها به مدت ۲۳ سال منجمد می‌شوند و یک سال به‌منظور تولید فرزند و یا نسل‌های جدید پرورش می‌یابند (درکل با میانگین سنی ۲۵/۵ سال). این طرح شامل t سال است:

۱- جنین‌هایی که طی ۲۳ سال در شرایط انجماد قرار داشتند را از انجماد درآورده و آن‌ها را در یک ماده دایه قرار دهید.

۲- با آمیزش نرهای یک‌ساله و ماده‌های دو ساله، جنین تولید نموده و سپس جنین‌ها را منجمد کنید.

مهم است که نرها و ماده‌های مورد استفاده در مرحله دو، سنین متفاوتی داشته باشند تا نسل‌ها هم‌پوشان شوند. هم‌پوشانی نسل‌ها با استفاده از پنجاه درصد از نرهای یک‌ساله و پنجاه درصد از نرهای دو ساله و به‌طور مشابه پنجاه درصد از ماده‌های یک‌ساله و پنجاه درصد از ماده‌های دو ساله امکان‌پذیر می‌گردد. در عمل باید مناسب‌ترین و ساده‌ترین راه را برای رسیدن به هم‌پوشانی نسل‌ها انتخاب کنیم. این روش زمان زیادی نیاز دارد؛ زیرا در آغاز جنین‌های ۲۳ ساله وجود ندارد. برای تنظیم این طرح‌ها می‌توان از جمعیت پایه جنین‌هایی را منجمد کرد.

به‌طوری‌که این جنین‌ها بتواند در مرحله یک مورد استفاده قرار گیرند تا زمانی‌که واقعاً ۲۳ ساله شوند.

اگر در مرحله دو یک جنین نر و ماده وجود داشته باشد، یعنی هرسال یک الگوی نر و ماده پرورش یابند، طرح حاوی ۲۵ نر و ۲۶ ماده در هر نسل است. زیرا فاصله نسل نر و ماده به‌ترتیب ۲۵ و ۲۶ سال است. بنابراین اندازه مؤثر در هر نسل تقریباً ۵۱ حیوان است. لذا در این طرح حفاظت به کمک مواد ژنتیکی منجمد، یک جمعیت با اندازه مناسب برای باغ‌وحش به‌تعداد مؤثر پنجاه باید برسد.

۲-۳-٤- ذخیره‌سازی منی

یک طرح به‌نسبت تئوری مبتنی بر استفاده از منی منجمد شده، طرحی است که در آن مقدار زیادی منی N نر از جمعیت پایه ذخیره و منجمد می‌شود. این اسپرم‌ها برای باروری ماده‌های زنده نسل‌های متوالی مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این طرح ژن‌های N نر نسل G0 جایگزین سایر ژن‌ها در جمعیت خواهد شد و همخونی به 1/(2N) میل خواهد کرد. این بدین معنی است که میزان رشد همخونی به سمت صفر میل می‌کند. سوونسون و همکاران (۲۰۰۲) در این طرح اصلاحاتی به‌عمل آوردند؛ به طوری‌که منی N نر از نسل اول (G1) نیز در آن نگهداری می‌شود. منی نرهای G1 برای ماده‌های نسل G1 استفاده می‌شود، ولی منی نرهای نسل G0 برای ماده‌های نسل‌های زوج مورد استفاده قرار خواهد گرفت. در این صورت همخونی به سمت 1/(3N) میل خواهد کرد و هم‌چنین نیمی از ژن‌های ماده‌های جمعیت پایه نیز حفظ خواهد شد. در این‌جا هم رشد همخونی صفر خواهد بود. اصلاحیه بعدی که در طرح به‌وجود آمد استفاده از طرح «تلاقی چرخشی بهینه نرها» بود که میزان همخونی را به ½ تقلیل می‌داد (شفرد[1] و ویلیانر، ۲۰۰۴). از آن‌جایی که این طرح‌ها تکامل جمعیت را متوقف می‌کنند، لذا تنها در شرایط خیلی محدود شده نظیر باغ‌وحش یا پارک‌های طبیعی قابل اجرا هستند.

طرح‌های مبتنی بر استفاده از منی با تغییراتی در نسل‌ها می‌توانند تکاملی مشابه با طرح‌های موجودات زنده با ذخایر جنین منجمد ایجاد کند. به‌عنوان مثال در طرح زیر ماده‌های یک و دو ساله که با منی نرهای یک ساله‌ای که ۲۳ سال منجمد شده‌اند بارور می‌شوند. هنگام تولد

[1] Shepherd

فرزندان نیمی از مادران دو ساله و نیمی دیگر سه ساله خواهند بود. در این صورت میانگین فاصله نسلی معادل ۱۳/۲۵ سال خواهد بود.

$$[\frac{۱}{۲}(\frac{۱}{۲}\times۱+\frac{۱}{۲}\times۲۳)+\frac{۱}{۲}(\frac{۱}{۲}\times۲+\frac{۱}{۲}\times۲۳)]$$

در این طرح t بر حسب سال محاسبه می شود:

۱- تلقیح مصنوعی ماده‌های یک ساله (۵۰ درصد) و دو ساله (۵۰ درصد) با منی‌های ۲۳ سال ذخیره شده.

۲- تهیه منی از نرهای یک ساله و منجمد کردن آن‌ها .

استفاده از ماده‌های با سنین مختلف به دلیل اطمینان از هم‌پوشانی نسل‌ها است. در این طرح اگر ما در هر سال شش نر و شش ماده نگهداری کنیم و آن‌ها را در مرحله دو استفاده کنیم، آن‌گاه در هر نسل تعداد نرها و ماده‌ها به‌ترتیب ۱۴۴=۲۴×۶ و ۱۵=۲/۵×۶ ماده خواهد بود. با فرض تصادفی بودن انتخاب‌ها و آمیزش‌ها، اندازه مؤثری معادل ۵۴ در جمعیت ایجاد خواهد شد (فالکونر و مک‌کی، ۱۹۹۶).

لازم به ذکر است که افزایش فاصله نسلی نرها به‌تنهایی، در افزایش تعداد مؤثر جمعیت، نسبت به افزایش فاصله نسلی هر دو جنس، اثر کم‌تری دارد (بخش ذخیره‌سازی جنین را نگاه کنید). وقتی چند بار تعداد سال‌های فاصله نسلی نرها افزایش یافت، این کار دیگر جهت افزایش فاصله نسلی کمک زیادی به ما نخواهد کرد. با مشاهده نمودار تعداد سال‌های ذخیره منی و اندازه مؤثر جمعیت، خواهیم دید که با افزایش تعداد ذخیره‌سازی، اندازه مؤثر جمعیت تا اندازه خاصی افزایش یافته و سپس ثابت می‌شود. بیش از این افزایش فاصله نسلی در نرها به طرح آسیب خواهند رساند؛ زیرا افزایش بیش از حد فاصله نسلی نرها میزان سازگاری ژنتیکی جمعیت را کاهش خواهد داد.

در طرح‌های حفاظتی مواد ژنتیکی مبتنی بر انجماد منی باید خیلی مراقب بود. وقتی منی نرهای اولیه جمعیت پایه را ذخیره می‌کنیم و در ۲۳ سال اول ذخیره‌سازی از آن استفاده می‌کنیم (مشابه ذخیره‌سازی جنین منجمد شده) و این کار به طور فزاینده ای ادامه می‌یابد، در واقع سهم ژنتیکی نرهای پایه نسبت به ماده‌های پایه در جمعیت افزایش می‌یابد. جهت حل این شکل سه روش پیشنهاد می‌شود:

۱- اطمینان حاصل کنید که تعداد نرهای جمعیت پایه دو برابر تعداد اولیه مورد نیاز است.
۲- یک طرح حفاظتی به کمک اسپرم منجمد را با استفاده از جنین‌ها (همان‌گونه که در بخش جنین تشریح شد) تنظیم کنید و در مثال فوق وقتی جمعیت پایه ۲۳ ساله شد، آن‌گاه طرح حفاظتی به کمک منی را شروع کنید. درعمل ممکن است تعداد سال‌ها کم‌تر باشد.
۳- با به‌کارگیری انتخاب حداقل روابط خویشاوندی (بخش ۲-۲) اصلاح جمعیت پایه را شروع کنید و منی نرها را ذخیره نمایید. توجه داشته باشید در روش انتخاب حداقل روابط خویشاوندی، نرهایی که اسپرم آن‌ها ذخیره شده است نیز می‌توانند برای انتخاب نامزد باشند. به این معنی که حتی نرهایی که مرده‌اند نیز می‌توانند انتخاب شوند و از اسپرم منجمد شده آن‌ها در آمیزش‌ها استفاده شود. دوباره به محض این‌که جمعیت ۲۳ ساله شد، طرح حفاظتی به‌کمک منی منجمد اولیه می‌تواند به اجرا درآید. البته اغلب در شرایط عملی ممکن است تعداد سال‌ها کم‌تر از ۲۳ سال باشد. در اجرای طرح‌های انتخاب حداقل خویشاوندی، ادامه این روش مفید نخواهد بود. زیرا در این صورت با پیر و پیرتر شدن اجدادی که اسپرم آن‌ها ذخیره شده، از رانش ژنتیکی و هم‌چنین تکامل جمعیت ممانعت به عمل می‌آید.

با توجه به این‌که در روش سه از انتخاب با فناوری بالا استفاده می‌شود، احتمالاً روش‌های یک و دو عملی‌تر هستند. البته در روش‌های یک و دو، جمعیت پایه و جنین بیش‌تری مورد نیاز است که ممکن است هزینه های آن بیش‌تر از روش سه باشد.

همان‌گونه که اشاره شد، طرح‌های حفاظتی به‌کمک مواد ژنتیکی منجمد می‌تواند برای افزایش اندازه مؤثر جمعیت‌های کوچک مفید واقع شود. اما در ادامه آن طی نسل‌های آتی باید بسیار مراقب بود. اندازه واقعی جمعیت اغلب با منابع مالی و یا تعداد حیوان قابل دسترسی تعیین می‌شود و فاصله نسلی از اندازه واقعی جمعیت یا اندازه مؤثر جمعیتی که باید به آن برسیم تبعیت می‌کند. مواد ژنتیکی منجمدی که در طرح‌های حفاظتی استفاده می‌شوند، به‌عنوان یک پشتیبان ژنتیکی عمل می‌کنند (همان‌گونه که در بخش ۲-۴ تشریح شد).

منابع

Cameron, N.D., 1997. Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. AB International. Oxon. UK.

Caballero, A., and A. Garcia-Dorado. 2006. Genetic architecture of fitness traits: lessons from Drosophila Melanogaster. Proceedings 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. CD-ROM Communication No. 29-0l.

Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. Longman. Harlow. Essex, UK.

FAO, 1998., Management of Small Populations at Risk. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. FAO. Rome. Italy.

Fernandez, j. M.A., Toro and A. Caballero. 2001. Practical implementation of optimal management strategies in conservation programmes: a mate selection method. Animal Biodiversity and Conservation 24: 17.24.

Fernandez, J., B. Villaneuva. R. Pong-Wongand M.A. Toro. 2005. Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programmes. Genetics 170: 1313-1321.

Fernando, R.L., and M. Grossman. 1989. Marker-assisted selection using best linear unbiased prediction. Genetics Selection Evolution 21: 467-477.

Garcia-Dorado, A., J.L. Monedero and C. Lopez-Fanjul. 1998. The mutation rate and the distribution of mutational effects of viability and fitness in Drosophila Melanogaster. Genetica 103: 255-265.

garcia-Dorado. A., 2003.1olerant versus sensitive genomes: the impact of deleterious mutation on fitness and conservation. Conservation Genetics 4: 311-324.

Grisart, B., W. Coppieters, F. Farnir, L. Karim. C. Ford. P. Berzi, N. Cambisano,

M. Mni, S. Reid, P. Simon, R. Spelman, M. Georges and R. Snell, 2002. Positional Candidate Cloning of a QTL in Dairy Cattle: Identification of a Missense Mutation in the Bovine DGATl Gene with Major Effect on Milk Yield and Composition. Genome Research 12: 222-231.

Grundy, B., B. Villanueva and J.A. Woolliams, 1998. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. Genetical Research 72: 159-168.

Grundy, B., B. Villanueva and J.A. Woolliams, 2000. Dynamic selection for maximising response with constrained inbreeding with overlapping generations. Animal Science 70: 373-382.

Kinghorn, B.P., S.A. Mesaros and R.D. Vagg, 2002. Dynamic tactical decision systems for animal breeding. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 33: 179-186.

Lee, S.H., and J.H.J. van der Werf, 2004. The efficiency of designs for fine-mapping of quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage. Genetics Selection Evolution 36:145-61.

Lynch, M., J. Conery and R. Burger, 1995. Mutation accumulation and the extinction of small populations. American Naturalist 146: 489-518.

Meuwissen, T.H.E., and J.A. Woo1liams, 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theoretical and Applied Genetics 89: 1019-1026.

Meuwissen, T.H.E., 1997. Maximising the response of selection with a pre-defined rate of inbreeding. Journal of Animal Science 75: 934-940.

Meuwissen, T.H.E., and A.K. Sonesson., 1998. Maximising the response of selection with a pre-defined rate of inbreeding II Overlapping generations. Journal of Animal Science 76: 2575-2583.

Meuwissen, T.H.E., B.J. Hayes and M.E. Goddard., 2001. Prediction of total

genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics 157: 1819-1829.

Meuwissen, T.H.E., A. Karlsen, S. Lien, I. Olsaker and M.E. Goddard, 2002. Fine mapping of a Quantitative Trait Locus for twinning rate using combined Linkage and Linkage Disequilibrium mapping. Genetics 161: 373-379.

Quinton, M., C. Smith and M.E. Goddard, 1991. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. Journal of Animal Science 70: 1060-1067.

Shepherd, R.K., and J.A. Woolliarns, 2004. Minimising inbreeding in small populations by rotational mating with frozen semen. Genetical Research 84: 87-93.

Sonesson, A.K., and T.H.E. Meuwissen, 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. Genetics Selection Evolution 32: 231-248.

Sonesson, A.K., M.E. Goddard and T.H.E. Meuwissen, 2002. The use of frozen semen to minimise inbreeding in small populations. Genetical Research 80: 27-30.

Sonesson, A.K., L.J. Janss and T.H.E. Meuwissen, 2003. Selection against genetic defects in conservation schemes while controlling inbreeding. Genetics Selection Evolution 35: 353-68.

Sorensen, AC., P. Berg and J.A. Woolliams, 2005. The advantage of factorial mating under selection is uncoveredm by deterministically predicted rates of inbreeding. Genetics Selection Evolution 37: 57-81.

Visscher, P.M., C.S. Haley and R. Thompson, 1996. Marker-Assisted Introgression in Backcross Breeding Programs. Genetics 144: 1923-1932.

فصل نهم: مفاهیم عملی برای بهره‌برداری و مدیریت

ارلینگ فیملاند[1] و کور اولدنبروک[2]

[1]بانک ژن حیوانات اهلی نوردیک، نروژ

[2]مرکز ذخایر ژنتیکی، هلند

سؤالاتی که در این فصل به آن‌ها پاسخ داده می‌شود:
مقررات بین‌المللی موجود کدامند؟
در مدیریت منابع ژنتیکی حیوانات مزرعه در سطح ملی چه عواملی باید سازمان‌دهی شوند؟
چرا ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی ارزشمند هستند؟
چگونه می‌توان منابع ژنتیکی حیوانات مزرعه را به‌طور پایدار مدیریت کرد؟
در زمینه‌ی مدیریت پایدار چه شاخص‌هایی وجود دارد؟
در عرصه‌ی مدیریت و بهره‌برداری، چه خط‌مشی برای آینده مورد نیاز است؟

خلاصه

درآغاز این فصل باید اشاره‌کنیم برخی کشورها پیمان تنوع زیستی[3] (CBD) را به تصویب رسانده‌اند و این پیمان را به‌عنوان یک قانون بین‌المللی پذیرفته‌اند. مرحله اجرای پیمان تنوع زیستی طبق مقررات ملی در میان گروه‌های شرکت‌کننده در قرارداد (کشورها) متفاوت است. ارایه یک طرح اجرایی استراتژیک برای استفاده و مدیریت منابع ژنتیکی حیوانات اهلی، نخستین مرحله است. در پیمان تنوع زیستی، استفاده پایدار از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی به‌این شکل تعریف شده است: «استفاده از عوامل عناصر تنوع زیستی به‌طوری‌که در بلند مدت این تنوع کاهش نیابد و به‌موجب آن پتانسیل این منابع جهت پاسخگویی به نیازهای نسل فعلی و آینده حفظ شود». ارزش منابع ژنتیکی حیوانات اهلی براساس ارزش کاربردهای مستقیم و هم‌چنین غیرمستقیم آن‌ها برای حفظ تنوع ژنتیکی به‌عنوان منابعی برای محیط‌های تولیدات آتی

---

[1] Erling Fimland; Nordic Gene Bank Farm Animals, P.O. Box 5003, N-1432 As, Norway
[2] Kor Oldenbroek; Center for Genetic Resources, The Netherlands, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands
[3] Convention on Biological Diversity (CBD)

و سایر پتانسیل‌های ارزشمند نژادهایی محلی و بومی محاسبه می‌شود. این منابع در ارتباط مستقیم با تأمین غذای مطمئن آینده جامعه هستند. این بدین معنی است که دولت‌ها باید با ارایه و اجرای طرح‌های اصلاح نژادی که اثرات بلند مدت آن‌ها در سطح ملی متضمن بهره‌برداری پایدار از منابع ژنتیکی حیوانات اهلی است، به‌طور بهینه از این منابع استفاده و محافظت کنند.

۱- مقررات جهانی موجود

پیمان تنوع زیستی سازمان ملل (CBD) در قالب برنامه محیط زیستی UN (UNEP) مطرح گردید و در سال ۱۹۹۲ به تصویب رسید (پی‌نوشت ۱-۹). امروزه این کنوانسیون مورد تأیید بیش از ۱۸۰ کشور قرار گرفته است. هدف از اجرای آن دستیابی به مدیریت پایدار در تنوع زیستی است. بهره‌برداری پایدار در پیمان تنوع زیستی به‌صورت زیر تعریف می‌گردد:

«استفاده از بخشی از تنوع بیولوژیکی موجود، به‌طوری‌که در بلند مدت این ذخایر بیولوژیکی کاهش نیابد و پتانسیل نیازهای نسل‌های فعلی و آتی را حفظ نماید». کشورهایی که پیمان تنوع زیستی را به رسمیت می‌شناسند آن را به‌عنوان یک قانون بین‌المللی پذیرفته‌اند. این امر بیان‌گر این است که آن‌ها در استفاده و حفاظت از منابع ژنتیکی ملی، مسئولیت دارند. برای هر کشور نخستین مرحله، ارایه یک راهکار ملی و طرح ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی است.

مقامات کشاورزی هر کشور نیز باید با مشارکت و همکاری سایر پرورش‌دهندگان ذخایر ژنتیکی حیوانی، راهکارها و طرح‌های اجرایی را ارایه و هدایت نمایند. گروه‌های ذی‌ربط حداقل باید در سازمان‌های اصلاح نژادی و جمعیت‌های حمایت از نژادها مشارکت نمایند تا با همکاری دیگر سازمان‌های مسئول حفاظت از نژادهای در معرض خطر، قانون رسمی را برای سازماندهی مدیریت طرح‌های اصلاح نژادی در کشور هدایت نمایند. در بعضی از کشورها، سازمانی به نام «کمیته ملّی ذخایر ژنتیکی» وجود دارد. برخی دیگر یک اداره ملی کشاورزی یا مرکز ذخایر ژنتیکی دارند که وابسته به وزارت کشاورزی است. این نهادها در اجرای راهکارها و طرح‌های محوری نقش اساسی دارند.

پیمان تنوع زیستی تنها قانون بین‌المللی است که در آن به حفاظت از تنوع ژنتیکی حیوانات اهلی برای استفاده‌های آتی اشاره شده است. در سطح بین‌المللی، موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری» درخصوص حقوق دارایی‌های فکری (TRIPs)[1] و حقوق انحصاری یا سایر

[1] Trade-Related Intellectual Property Rights (TRIPR)

حقوق مالکیت فکری موجودات زنده، هم‌چنین حیوانات اهلی را تنظیم می‌کند (پی‌نوشت ۲-۹). موافقت‌نامه حقوق مالکیت فکری تجاری برمبنای قانون سازمان تجارت جهانی (WTO)[۲] تنظیم شده است. این یک موافقت‌نامه جامع در قالب یک قانون بین‌المللی است که انواع حقوق مالکیت فکری را دربرمی‌گیرد. البته تعداد قابل توجهی از کشورهای عضو سازمان تجارت جهانی باید ضوابط موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری» را در سیاست‌ها و قوانین ملی اعمال کنند. این در شرایطی است که ممکن است در این کشورها حقوق انحصاری متفاوتی وجود داشته باشد که با این ضوابط هماهنگ نباشند. لازم است تا تمامی کشورهای عضو برای حقوق انحصاری (مشتمل بر موجودات زنده، سلول و ژن) در تمامی زمینه‌های مختلف فناوری، قوانینی را وضع نمایند (بند ۱-۲۷ موافقت‌نامه حقوق مالکیت فکری تجاری (NCM، ۲۰۰۳). در رابطه با قوانین فوق، موافقت‌نامه حقوق مالکیت فکری تجاری، در برخی موارد دست کشورهای عضو را باز می‌گذاردکه در بند ۱-۲۷ می‌توان آن را مشاهده نمود: «اعضا می‌توانند از حقوق انحصاری مستثنی شوند... (ب) گیاهان و حیوانات به‌جز ریزسازواره‌ها، هم‌چنین فرایندهای زیستی ضروری برای تولیدات گیاهان و حیوانات به‌غیراز فرایندهای غیرزیستی و غیرمیکروبیولوژیکی. البته اعضا باید با وضع حقوق انحصاری یا سیستم انحصاری یا تلفیقی از آن‌ها، از واریته‌های گیاهی حفاظت کنند».

پی‌نوشت ۱-۹- پیمان تنوع زیستی (فائو، ۲۰۰٤)

پیمان تنوع زیستی تنها منحصر به ذخایر ژنتیکی حیوانی نیست و انواع ذخایر ژنتیکی را پوشش می‌دهد. بند دوم پیمان تنوع زیستی ذخایر ژنتیکی را این‌گونه تعریف می‌کند: «مواد ژنتیکی که به‌واقع (و یا بالقوه) ارزشمند هستند». سپس مواد ژنتیکی را این‌گونه معرفی می‌نماید: «هر نوع ماده‌گیاهی ، حیوانی، میکروبی یا هر منشأ دیگری که دارای واحدهای فعال وراثتی هستند».

اهداف سه‌گانه پیمان تنوع زیستی که در بند یک تنظیم شده‌اند عبارتند از: حفظ تنوع زیستی، بهره‌برداری پایدار از اجزای تنوع زیستی و مشارکت منصفانه و عادلانه در بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی.

اگرچه به‌طور مستقیم در پیمان تنوع زیستی بیان نشده، اما حفظ تنوع بیولوژیکی لزوماً شامل حفظ ذخایر ژنتیکی گیاهی و حیوانی است که لازمه‌ی امنیت غذایی و بهبود تولیدات

[2] World Trade Organization (WTO)

کشاورزی است. پیمان تنوع زیستی بیان می‌دارد همان‌گونه که کشورها حق بهره‌برداری از ذخایر را دارند (بند ۳)، وظیفه حفاظت از این ذخایر را نیز عهده‌دار هستند. در پیمان تنوع زیستی، لزوم توسعه سیاست‌گذاری و وحدت رویه تصدیق شده و از دولت‌ها خواسته شده است تا استراتژی تنوع زیستی را توسعه دهند (بند ۶- الف). هم‌چنین در برنامه‌ها و سیاستگذاری‌ها به حفظ و بهره‌برداری پایدار از تنوع زیستی پایبند باشند (بند ۶- ب).

سومین بُعد از اهداف سه‌گانه پیمان تنوع زیستی، «مشارکت منصفانه و عادلانه در بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی» که در بالا به آن اشاره شد، شامل دسترسی مناسب به ذخایر ژنتیکی و انتقال مناسب فناوری با در نظر گرفتن کلیه قوانین مربوط به ذخایر فناوری‌ها و بودجه و سرمایه‌گذاری‌های مربوطه است.

در رابطه با دسترسی به ذخایر ژنتیکی، بند ۱۵ پیمان تنوع زیستی حق بهره‌برداری کشورها از منابع خود را به رسمیت شناخته و بیان می‌دارد که دسترسی براساس وضع قوانین ملی کشورها انجام می‌گیرد (بند ۱-۱۵). دسترسی بر مبنای توافق طرفین تعریف می‌شود (بند ۴-۱۵). بنابراین براساس قراردادهای دو جانبه امکان‌پذیر است. این بدین معنی است که هم عرضه‌کنندگان و هم دریافت‌کنندگان مواد ژنتیکی باید با شرایط و ضوابط این انتقال موافقت داشته باشند و یا این‌که طرفین بر روی مفاد بخش قراردادهای کاربردهای ذخایر ژنتیکی (بند ۵-۱۵) توافق حاصل کنند. مفاد قانونی چنین قراردادهای دو جانبه‌ای بیان‌گر این امر است که تأمین‌کنندگان ذخایر ژنتیکی باید نسبت به اهداف دسترسی و نیز مفاهیم اقتصادی و شرایط محیطی این دسترسی به ذخایر کاملاً آگاهی داشته باشند. پیمان تنوع زیستی نیاز به معیارهای قانونی، اداری، اجرایی یا سیاست‌گذاری جهت تأمین مشارکت عادلانه و منصفانه در تحقیقات و توسعه و بهره‌برداری‌های اقتصادی از منابع و ذخایر ژنتیکی را در بخش قراردادهای این ذخایر پیش‌بینی نموده است (بند ۷-۱۵). نحوه مشارکت در مزایای به‌دست آمده هم در بند ۸ قرار دارد. این بند مشارکت عادلانه از مزایای به‌دست آمده از کاربرد دانش، نوآوری‌ها و فعالیت‌های بومی و ارتباطات منطقه‌ای که در برگیرنده شیوه زندگی متداول در حفاظت و بهره‌برداری پایدار از تنوع زیستی است را تقویت می‌کند.

پی‌نوشت ۲-۹- پیمان حقوق مالکیت فکری مربوط به فعالیت‌های تجاری سازمان تجارت جهانی (TRIPs) (فائو، ۲۰۰٤)

موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری» از ژانویه سال ۱۹۹۵ منعقد شده است. این پیمان جامع‌ترین توافق چندجانبه درخصوص مالکیت فکری است که در موارد زیر مورد اجرا قرار می‌گیرد: حق انحصاری و حقوق مربوط به آن، علامت‌ها یا مشخصه‌های تجاری مثل نشانه‌های خدمات‌رسانی، علایم جغرافیایی نظیر نام‌گذاری مبدأ، طرح صنعتی، حق امتیاز انحصاری، شامل حفاظت از گونه‌های جدید گیاهی، طرح‌های ساختاری قضایی یک‌پارچه و اطلاعات افشا نشده و محرمانه شامل مسایل محرمانه تجاری و اطلاعات مربوط به آزمون‌ها.

بر اساس بند ۳-۲۷ موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری»، اعضای سازمان تجارت جهانی باید از اشکال متفاوت مالکیت حقوق فکری، الگوهای مرتبط با (AnGR) نظیر نشانه‌های مبدأ جغرافیایی محصولات، علایم تجاری، موارد محرمانه تجاری و حقوق انحصاری حمایت و حفاظت کنند. موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری» از اعضا می‌خواهد که برای هر نوع ابداع و اختراع تولیدات یا فرایندها در کلیه‌ی حوزه‌های فناوری، نوآوری‌ها، اختراعات و کاربردهای صنعتی (بدون هیچ گونه تبعیض) شرایط ثبت و حقوق انحصاری را فراهم نمایند.

در خصوص موارد اساسی حق انحصاری سه استثنا وجود دارد. این استثنا در ارتباط با (AnGR) است که در بند ۳-۲۷ به آن اشاره شده است. براساس مفاد این بند افراد می‌توانند گیاهان و حیواناتی غیر از ریزسازواره‌ها و فرایندهای زیستی ضروری برای تولید گیاهان یا حیوانات غیر از فرایندهای میکروبیولوژیکی و نیز غیرزیستی مستثنا کنند. اکثر کشورها در سرتاسر جهان حقوق انحصاری ویژه‌ای درخصوص حیوانات دارند. سال‌ها طول کشید تا در سیستم حقوق انحصاری، حیوانات نیز نظیر دیگر موارد دیده شوند.

حقوق انحصاری مربوط به حیوانات یکی از موضوعاتی است که در زمینه تولیدات حیوانی تراریخته مدنظر قرار گرفته می‌شود. برطبق ماده ۲-۲۷ موافقت‌نامه «حقوق مالکیت فکری تجاری»، حیوانات یا مواد مربوط به‌آن‌ها اصولاً قابلیت انحصاری شدن دارند؛ ولی برخی کاربردهای حقوق انحصاری می‌تواند براساس اصول اخلاقی رد شود. با این وجود، نظام اخلاقی و برنامه‌های عمومی ملت‌ها کاملاً مبهم و در حال تغییر است و مفاد آن‌ها بستگی به دیدگاه‌های ملی دارد که توسط ادارات و قوانین مربوط به هر کشور اعلام می‌شود. اجرای چنین ضوابط بنیادی در یک جامعه به‌عنوان یکی از عمده‌ترین موضوعات در عرصه‌ی خط‌مشی عمومی ملی مطرح بوده و ممکن است در کشورهای مختلف متفاوت باشد.

واریته‌های گیاهی جدیدی از طریق فعالیت‌های اصلاح نژادی به‌دست می‌آیند. برای حمایت از این فعالیت‌ها پیمانی در «اتحادیه حفاظت از واریته‌های جدید گیاهی (UPOV)[1]» وجود دارد. این یک نمونه سیستم انحصاری است که حقوق مالکیت فکری اصلاح‌گران را تضمین می‌کند. البته این پیمان کمی ضعیف‌تر از «حق انحصاری» است. اما در بخش اصلاح نژاد حیوانات، سیستم مشابهی جهت حمایت از سازمان‌های اصلاح نژاد مربوطه وجود ندارد.

اتحادیه حفاظت از واریته‌های جدید گیاهی یک سازمان رسمی است که طبق قوانین مدرن وظیفه‌ی ارزیابی و تأیید واریته‌های جدید را به عهده دارد. برطبق قوانین این اتحادیه، واریته‌های جدید هم‌شکل و پایدار هستند و در مقایسه با واریته‌های اولیه از ویژگی‌های پیشرفته‌ای برخوردارند. چنین سیستمی (به‌جز موارد استثنایی) درخصوص نژادهای حیوانات اهلی چندان مناسب نیست. زیرا وجود مقادیر قابل توجهی از تنوع ژنتیکی در یک نژاد (به‌منظور تناسب و انتخاب بهتر نژادها) ضروری است (پی‌نوشت ۳-۹). پیمان تنوع زیستی معتقد به اصل زیر است:

«کشورها قوانین پایداری دارند که با توجه به سیاست‌های محیطی، امکان بهره‌برداری از ذخایر را به آن‌ها می‌دهد». این اصل، خود موضوعات حایز اهمیتی در زمینه‌ی اصلاح نژاد حیوانات و حفاظت از آن‌ها ایجاد می‌نماید که باید در آینده نزدیک آن‌ها را حل نمود:

- مالکیت حقوق ذخایر ژنتیکی و قوانین مربوطه به‌منظور دسترسی به این ذخایر.
- وضع قوانین (حقوق انحصاری) در خصوص فناوری‌هایی مورد نیاز جهت بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی دارند.
- مسئولیت‌های حفاظت و استفاده پایدار.
- سهم منصفانه و عادلانه مزایایی که در اثر استفاده از ذخایر ژنتیکی به‌دست می‌آید، خصوصاً آن‌هایی که توسط جوامع محلی نگهداری می‌شوند.

در چهارچوب فعالیت‌های مرتبط با پیمان تنوع زیستی وقتی مشکل به‌وجود می‌آید که منابع ژنتیکی اصلاح نژاد حیوانات از سوی شرکت‌های اصلاح نژاد بین‌المللی تولید، عرضه و نگهداری شده باشند (همان‌گونه که در مورد حیواناتی نظیر خوک و ماکیان به‌وجود آمده‌است). توسعه و بهبود در این زمینه مستلزم وجود یک دیدگاه بین‌المللی از حفاظت ذخایر

[1] Union for the Protection of New Varieties (UPOV)

ژنتیکی است. به‌منظور رفع چنین مشکلی، به توجه بیش‌تر سازمان‌های بین‌المللی ذی‌ربط نیاز است (پیمان تنوع زیستی، فائو و گروه‌های وابسته به سازمان تجارت جهانی).

۲- یک نمونه از طرح اجرایی ملی جهت بهره‌برداری و مدیریت

این بخش، خطوط کلی لازم در امر سازماندهی مدیریت ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی در یک کشور را ارایه می‌کند. کاملاً واضح است که قوانین و آیین‌نامه‌های ملی نیز باید در نظر گرفته شوند. نخستین مرحله در این فرایند، شناسایی کلیه نقش‌آفرینان احتمالی نظیر موارد زیر است:

- وزارت‌خانه‌های مربوط به کشاورزی، محیط زیست و صنایع غذایی.
- شرکت‌های اصلاح نژادی و پرورش ملی و انجمن‌های مربوط به فناوری تولیدمثلی (تلقیح مصنوعی و فناوری انتقال جنین).
- مرکز ملی ذخایر ژنتیکی یا یک واحد مشارکت‌کننده درخصوص ذخایر ژنتیکی.
- انجمن‌های مسئول نژادهای عمده و نژادهای در معرض خطر.
- مؤسسات پژوهشی که در زمینه ژنتیک و اصلاح نژاد حیوانات فعالیت دارند.

در بعضی از کشورها، نمایندگانی از بخش‌های مردمی یا سازمان‌های مصرف‌کننده در تدوین طرح اجرایی ملی مشارکت داده می‌شوند.

پی‌نوشت ۳-۹- سازمان جهانی حقوق مالکیت فکری (WIPO) (فائو، ۲۰۰٤)

سازمان جهانی حقوق مالکیت فکری (WIPO) یک سازمان بین‌المللی است که به‌منظور تضمین حقوق مالکان و ایجادکنندگان سرمایه‌های فکری و معنوی در سرتاسر جهان، پایه‌ریزی شده است. این سازمان هم‌چنین با تأیید مؤلفان و مخترعان، خلاقیت آن‌ها را به رسمیت می‌شناسد. کمیته بین دولتی سازمان جهانی حقوق مالکیت فکری (IGC) در سال ۲۰۰۰ میلادی در خصوص مالکیت فکری و ذخایر ژنتیکی اطلاعات و فرهنگ عامه حاکم در جوامع تأسیس شد. این کمیته عرصه‌ای را برای مذاکرات بین‌المللی و تبادل نظر درخصوص اثرات متقابل و فعل و انفعالات مالکیت حقوق فکری، عقاید و آگاهی‌های مرسوم، ذخایر ژنتیکی و فرهنگ‌های عامه (فولکلور) ایجاد می‌کند. این کمیته طی سال‌های ۲۰۰۳ و ۲۰۰۴ میلادی، پنج جلسه برگزار نمود. در حال حاضر سؤالات کلیدی، امکان رسیدن به یک توافق احتمالی بین‌المللی درباره حقوق مالکیت فکری برای ذخایر ژنتیکی و هم‌چنین حفاظت از باورها و فرهنگ عامه و نیز التزام به این است که استفاده از حقوق انحصاری، متضمن امکان استفاده از منبع ماده ژنتیکی مورد نظر باشد.

فیملاند (۲۰۰۶) مثالی از یک سازمان ملی (که در بسیاری از کشورها می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد) و همکاری بین سهام‌داران اصلی آن را تشریح کرد (شکل ۱-۹). این طرح عناصر لازم جهت ایجاد یک سازمان مناسب با شرایط خاص را معرفی می‌کند. در شکل ۱-۹ شماره فلش‌ها به موارد زیر اشاره دارد:

۱- فرض شده است که وزارت کشاورزی با یک بودجه سالیانه معین، مسئول امور حفاظت ذخایر ژنتیکی و هماهنگ‌کننده در موارد مربوطه است. این واحد/ مرکز سالیانه، در خصوص فعالیت‌ها و هزینه‌های مرتبط با فعالیت‌های انجام‌شده به‌ویژه در عرصه منابع ژنتیکی جانوری گزارشاتی را ارایه می‌کند.

۲- فرض شده است که وزارت کشاورزی دستورعمل‌هایی را برای اجرای یک طرح اصلاح نژادی و فعالیت‌های فناوری تولیدمثلی ارایه می‌دهد. در اتحادیه اروپا این دستورالعمل‌ها توسط چندین نهاد تنظیم می‌گردد.

۳- شیوه حفاظت از طریق سرما، زمانی ارزان‌تر و مقرون به‌صرفه است که همکاری نزدیکی میان اعضای یک سازمان اصلاح نژاد یا مرکز فناوری تولیدمثلی وجود داشته باشد. هزینه‌های جانبی این سازمان‌ها در همکاری‌های فوق، کم‌تر از کل هزینه صرف شده در یک مرکز حفاظت مجزا است. فعالیت مرکز ذخایر ژنتیکی باید در ارتباط با موضوعات زیر باشد:

الف. حقوق مالکیت مواد حفاظت شده باید از مزرعه ارایه‌کننده، به مرکز ذخایر ژنتیکی انتقال داده شود. مرکز ذخایر ژنتیکی به‌طور مستقیم مالک مواد حفاظت شده حاصل از نژادهای در معرض خطر است.

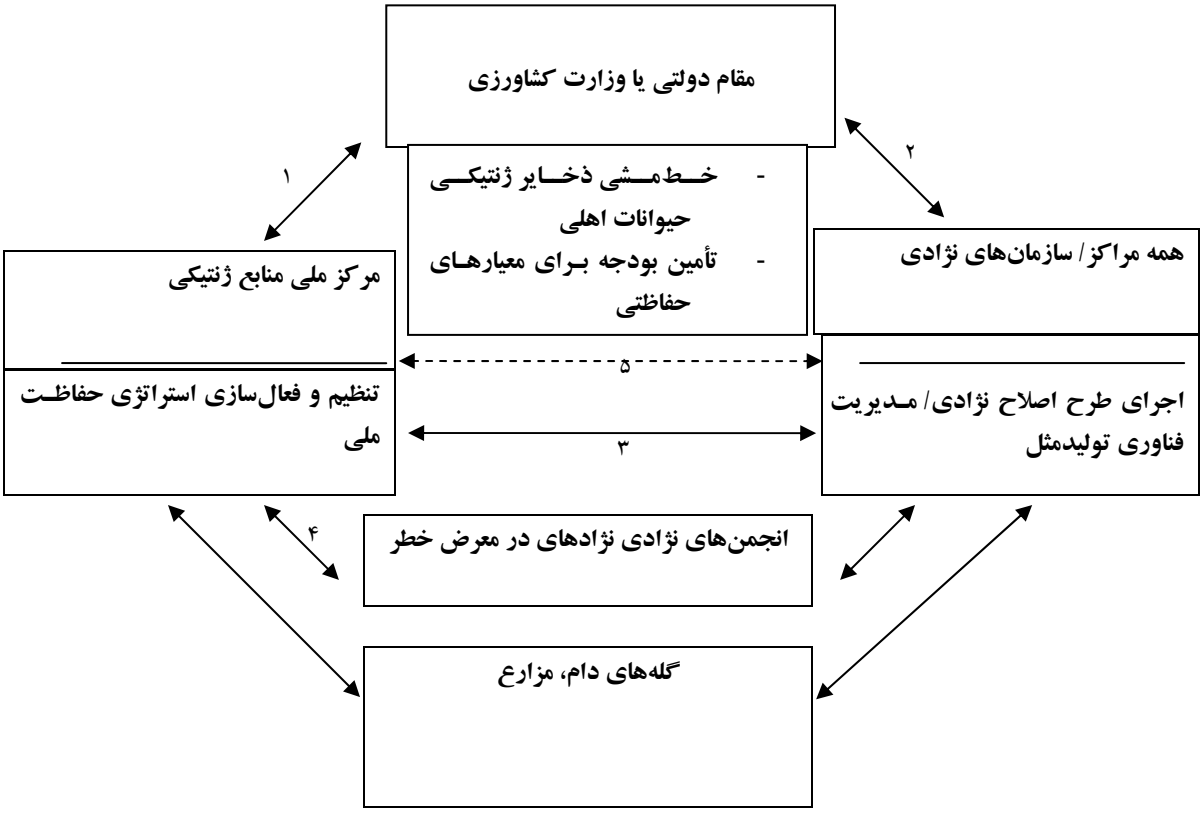
ب. مرکز ذخایر ژنتیکی باید با واحدهای فناوری تولیدمثلی در تعامل و مذاکره باشند. این تعامل عمدتاً درخصوص میزان منی (فصل۲) هر نژاد در معرض خطر که باید در بلند مدت ذخیره شود است: تقریباً ده دوز منی از هر گاو نر. علاوه بر این یک طرح باید نشان‌دهنده‌ی نحوه استفاده از گاوهای در دسترس برای حداقل‌سازی همخونی در نژادهای در معرض خطر باشد.

ج- مرکز منابع ژنتیکی باید اطمینان حاصل کنند که شرکت‌های اصلاح نژاد نژادهای تجاری تقریباً ده دوز منی از هر گاو نر را برای بلند مدت ذخیره می‌کنند.

ح- جمع‌آوری و انتقال مواد باید همراه مطابق با اصول دامپزشکی روز باشد.

۴- مرکز ذخایر ژنتیکی و انجمن‌های محافظت‌کننده از نژادهای در معرض خطر باید درخصوص انتخاب حیوانات مورد استفاده در برنامه حفاظت همکاری داشته باشند. در این‌جا باید مسئولیت هر یک از نهادها در بخش‌های مختلف یک طرح حفاظتی به‌طور کامل شفاف و مشخص باشد.

۵- مرکز ذخایر ژنتیکی به‌منظور بررسی عملکرد شرکت‌های اصلاح نژاد تجاری برطبق ضوابط تعریف شده از مجوز لازم برخوردار است.



شکل۱-۹ یک نمونه طرح سازمان ملی جهت ذخایر ژنتیکی حیوان مزرعه (فیملاند، ۲۰۰۶)

علاوه بر این ممکن است موارد زیر ضروری باشند:

- مرکز ذخایر ژنتیکی باید نحوه ثبت شجره، آزمون‌های عملکرد، آزمایش‌های دامپزشکی و خصوصیات داده‌ها را زیر نظر داشته باشد. هم‌چنین اطلاعات لازم برای گروه وسیعی از کاربران احتمالی را فراهم نماید.
- روال منطقی این است که واحد هماهنگ کننده‌ی ملی فائو در مرکز ذخایر ژنتیکی یا وزارت کشاورزی قرار داشته باشد.
- مرکز ذخایر ژنتیکی برای اطمینان از انتقال دانش روز جهت مدیریت پایدار مدیریت ذخایر ژنتیکی حیوانی و پژوهش‌های مورد نیاز باید با مؤسسات تحقیقاتی همکاری بسیار نزدیکی داشته باشد.

گذشته از این فعالیت‌های اجرایی، اهداف مرکز ذخایر ژنتیکی باید به‌صورت زیر باشد:

- اطمینان از مشارکت کلیه سهام‌داران در تعیین خط‌مشی توسعه و برانگیختن آن‌ها در قبول مسئولیت‌ها.
- مشخص نمودن وظایف و مسئولیت‌های هر یک از شرکا، مذاکره و تنظیم موافقت‌نامه‌های ضروری با آن‌ها.
- تشریح روش‌های مربوط به حفظ ذخایر ژنتیکی حیوانی.
- ارایه یک گزارش سالانه در زمینه نحوه بهره‌برداری و مدیریت پایدار مشتمل بر حفاظت.
- گزارش درآمد و مخارج سالیانه برای فعالیت‌های اجرایی اصلی.

۳- ملاحظات اقتصادی

همه نژادها و لاین‌ها به‌طور پیوسته در زنجیره تولیدات غذایی قرار ندارند، لذا نمی‌توانند در بلند مدت عملکرد اقتصادی داشته باشند. همان‌گونه که در فصل قبل گفته شد، اهداف مختلفی برای حفاظت از آن‌ها وجود دارد. اما در دنیای واقعی تنها وقتی بودجه‌ای برای حفظ آن‌ها اختصاص داده می‌شود که مباحث اقتصادی مطرح باشد و نژادها و لاین‌هایی که باید حفاظت شوند از نظر ارثی و اقتصادی توجیه داشته باشند. دروکر[1] (۲۰۰۱) مطالعه جامعی را در خصوص

[1] Drucker

ارزش‌های اقتصادی متفاوت انجام داد. وی معتقد بود که کل ارزش اقتصادی (TEV[۲]) ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی به شکل زیر قابل بیان است:

$$TEV = DUV + IUV + OV + NUV$$

در این فرمول:

- (DUV)[۱] ارزش کاربردی مستقیم است و اشاره به مزیت به‌دست آمده از مصارف حقیقی نظیر غذا، پشم، ورزش، کود، پوست و غیره دارد. این نوع ارزش‌ها مرتبط با هدف نگهداری نژادها در مناطق روستایی به‌عنوان یک فعالیت اقتصادی- اجتماعی است.

- (IUV)[۲] ارزش کاربردی غیرمستقیم است و مزایای حاصل از وظایف اکولوژیکی یا فرهنگی را نشان می‌دهد. هدف این عامل نگهداری اکوسیستم‌های کشاورزی در مناطق روستایی است.

- (OV)[۳] بیان‌گر ارزش انتخاب است. این عامل برگرفته از ارزشی است که به حفاظت از کالایی داده می‌شود که در آینده مورد استفاده خواهد بود. از این رو به‌عنوان یک الگوی بیمه در برابر حوادث به شمار می‌آید (مثل یک بیماری جدید یا تغییر شرایط جوی). این ارزش مرتبط با کلیه اهداف انعطاف‌پذیر است و نوعی حفاظت در برابر بلایا و فرصت‌هایی که برای تحقیق ایجاد می‌شود است.

- (NUV)[۴] ارزش غیر مصرفی است که شامل موارد زیر است:

- ارزش‌های میراث گذشتگان (BU)[۵]. این بخش بیان‌گر بهره از دانش وآگاهی‌هایی است که به هر فرد تعلق دارد و دیگران در آینده ممکن است به‌عنوان منبع از آن بهره‌مند شوند. این ارزش در ارتباط با اهداف اجتماعی ـ اقتصادی جوامع بوده و برای نسل‌های آینده هم مهم خواهد بود.

- ارزش وجود (XV)[۶]، که برگرفته از رضایت افراد از یک دارایی خاص است (مثلاً ارزش موزه‌ای نژاد) اشاره کرد. این ارزش در ارتباط با اهداف تاریخی ـ فرهنگیِ حفاظت است.

---

[2] Total economic value
[1] Direct use value
[2] Indirect use value
[3] Option value
[4] Non-use value
[5] Bequest value
[6] Existence value

نکته مهمی که باید اشاره کنیم این است که تصمیمات اقتصادی فعلی عموماً برمبنای ارزش کاربردی مستقیم اتخاذ می‌شوند. سایر مقوله‌ها نیز در زمینه حفاظت و بهره‌برداری پایدار از ذخایر ژنتیکی از اهمیتی برابر و حتی بیش‌تر برخوردارند. لذا نباید تأثیرات مثبت آن‌ها را نادیده گرفت (دروگر، ۲۰۰۱). با تمرکز انحصاری بر ارزش‌های کاربردی مستقیم، تنوع زیستی و تنوع ذخایر ژنتیکی کم‌تر از حد معمول ارزیابی می‌شوند. با بیان منطقی تصمیم‌گیری‌ها و خط‌مشی‌ها در زمینه ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی، باید طوری عمل کرد که کاربری این ذخایر ژنتیکی حداکثر باشد. اما برای تبیین ارزش‌های پولی عناصری که ارزش‌های بالا را تشکیل می‌دهند، چالش‌های فراوانی وجود خواهد داشت.

واضح است که رایج‌ترین ارزش‌های اقتصادی لحاظ شده، در ارتباط با ارزش کاربردی مستقیم است. این نوع رویکرد ناشی ار آن است که کشاورزان نسبت به جامعه به طور مستقیم از مزایای آن بهره‌مند می‌شوند.

یک برنامه اصلاح نژاد با تولید حداکثر به‌ازای هر حیوان (همان‌گونه که هدف اصلی اصلاح نژاد است)، ممکن است ارزش ذخایر ژنتیکی را که برای عموم مردم و مصرف‌کنندگان مهم است کاهش دهد. موارد زیر ممکن است از علل این موضوع به‌شمار آیند:

- وجود یک رابطه منفی ژنتیکی بین صفات تولیدی از یک سو و از سوی دیگر خصوصیات رفاهی حیوان و صفاتی که از این نژاد خاص انتظار داریم.
- احتمال این که شدت بالای انتخاب به همخونی فزاینده، کاهش تنوع ژنتیکی، تجمع ژن‌های مضر و در نهایت به کاهش شایستگی حیوان منتهی شود.
- شیوه‌های تولید متراکم ممکن است بر روی محیط اثر منفی داشته باشد.

کلیه دلایل و اثرات ذکر شده در قسمت بالا می‌تواند خطر و ریسک ایجاد مشکل در سیستم تولید و کاهش کاربری و ارایه خدمات به جامعه را دربر داشته باشد. بنابراین دولت باید به‌منظور پاسخگویی به نیازهای واقعی جامعه و مصرف‌کنندگان، طرح‌های اصلاح نژادی را به‌اجرا درآورد.

مشخصه اصلی در ارزیابی یک برنامه اصلاح نژاد، واکنش اقتصادی است. در واقع این عامل به‌عنوان معیاری برای تعیین میزان کارایی برنامه اصلاح نژاد مطرح است. ارزش اقتصادی کارایی، مبتنی بر بهبود فرایند تولیدات یک نژاد به بیان مالی و اقتصادی است. بازده اقتصادی در سرمایه‌گذاری‌های برنامه‌های اصلاح نژادی بالاست. نسبت سود به هزینه در برنامه‌های

اصلاح نژاد حیوانات اهلی بین پنج به یک تا پنجاه به یک ارزیابی شده است (بارلو، ۱۹۸۳؛ میت چل، ۱۹۸۲). این ارقام تنها زمانی صحت دارد که تمامی اثرات بلند مدت و نقش آن‌ها در امنیت غذایی در نظر گرفته شده باشند. مزایای محاسبه شده از برنامه اصلاح نژاد تنها درصورتی دقیق و قابل اعتماد است که نیاز مستقیم تمامی ذخایر مربوطه در آن‌ها دیده شده باشند (کونینگرام[1]، ۲۰۰۳).

استفاده از نژادها یا ویژگی‌های آن‌ها به‌عنوان بخشی از یک ارزش تجاری در تولیدات آن نژاد به‌این معنی است که سود به‌دست آمده از سرمایه‌گذاری‌ها در این عرصه وقتی زیاد خواهد بود که ارزش محصولات حاصل از برنامه‌های اصلاح نژادی از هزینه‌های فرایندهای اصلاح نژادی بیش‌تر باشد. خصوصاً بازدهی فرایند تولید با هزینه کم‌تر محاسبه می‌شود. ارزش یک محصول به‌طور معمول برحسب تقاضای آن در بازار و سازوکارهای قیمت‌گذاران مشخص می‌گردد. این امر محاسبه بازدهی حاصل از سرمایه‌گذاری‌ها را در برنامه‌های اصلاح نژاد با مشکل مواجه می‌سازد.

٤- شاخص‌هایی برای مدیریت پایدار

مدیریت پایدار یک نژاد با استفاده از عوامل زیر توصیف می‌شود:

- بهره‌برداری و حفاظت از تنوع ژنتیکی.
- وجود یک هدف اصلاح نژادی پایدار.
- واکنش‌های متقابل میان ژنوتیپ و سیستم‌های تولید در نظر قرار گرفته است. مثلاً سازگاری نژاد با شرایط محیطی تسهیل شده است.
- امنیت و سلامت غذایی در سطح استانداردهای مورد نیاز حفظ شده است.
- به شرایط محیطی هیچ‌گونه فشاری تحمیل نشده است.

٤-١- بهره‌برداری و حفاظت از تنوع ژنتیکی

یک طرح اصلاح نژادی، مجموعه‌ای از روش‌ها و دستورعمل‌ها است که فناوری فعلی اصلاح نژاد را (در قالب یک ابزار تصمیم‌گیری) جهت انتخاب بهینه سازماندهی می‌کند. ولیماز[1] و

[1] Cunningham
[1] Woolliams

تامسون[2] (۱۹۹۴) اصولی را جهت ایجاد تعادل بین شدت انتخاب و همخونی در قالب یک تئوری ارایه کردند. موویسین[3] (۱۹۹۷) و گراندی[4] (۱۹۹۸)، چگونگی حداکثر کردن پیشرفت ژنتیکی با همخونی محدود را مورد بررسی قرار دادند. اثر مستقیم این روش می‌تواند این باشد که با ایجاد محدودیت در نرخ همخونی، اندازه‌ی مؤثر جمعیت ثابت حفظ شود. تأثیرغیرمستقیم شیوه محدود کردن میزان همخونی، حداکثر کردن احتمال انتخاب والدینی است که در شکل‌دهی ساختار ژنی فرزندان و نسل بعدی مشارکت می‌نمایند؛ به‌طوری‌که در نمونه‌های تصادفی نسل فرزندان، سهم و ترکیب ژنتیکی وجود دارد که در نسل قبل یا اجداد آن‌ها وجود نداشته‌است.

این بدین معنی است که هر فرد به‌طور تصادفی یک ترکیب و اثر ژنتیکی منحصر به خود را در جمعیت دارد. بنابراین والدین جدید در تجدید تنوع ژنتیکی افراد نسل بعد بیش‌ترین سهم را دارند. نشان داده شده است که یک برنامه اصلاح نژاد با یک محدودسازی مناسب همخونی، در سطح خاصی از نرخ همخونی می‌تواند به‌میزان ۲۰ تا ۲۵ درصد بازده انتخاب ژنتیکی را افزایش دهد (آوندانو[5]، ۲۰۰۴). این نتایج، سازمان‌های اصلاح نژادی را در استفاده از چنین روشی متقاعد می‌سازد (به دلیل افزایش بازدهی و اطمینان حاصل نمودن از پیشرفت‌های ژنتیکی در بلند مدت).

به رغم استفاده از شیوه‌های مذکور ممکن است افراد پایه و اولیه در نسل‌های آتی حضور نداشته باشند. بنابراین پیشنهاد شده است که مواد ژنتیکی افراد اولیه و پایه در بانک انجماد ذخیره شود. علاوه بر این باید توجه داشت که پیشرفت ژنتیکی مستمر، سطح ژنتیکی یک جمعیت واقعی را ارتقا می‌دهد که ممکن است از افراد اولیه و پایه کاملاً متمایز باشد. لذا پیشنهاد می‌شود که یک نمونه از مواد ژنتیکی نسل‌های متوالی هم ذخیره شود.

وجود تنوع ژنتیکی غالباً به‌واسطه تفاوت بین نژادی است. به‌منظور حفظ این تنوع برای استفاده در آینده، باید طرح‌های حفاظتی مناسبی را در سطوح جهانی و ملی به اجرا درآورد. با توجه به مبانی تئوری اصلاح نژاد حیوانات، می‌توان به اثر مهاجرت و نقش مؤثر آن در ایجاد تنوع بیولوژیکی پی برد. در حال حاضر این عامل نقش به سزایی در پیشگیری از همخونی و دستیابی

---

[2] Thompson
[3] Meuwissen
[4] Grundey
[5] Avendano

به اندازه مؤثر جمعیت مناسب ایفا می‌نمایند. مادامی‌که نژادهای جایگزینی وجود داشته باشند که بتوان ژن‌های آن‌ها را وارد کرد و مورد استفاده قرار داد، این روش قابل اجرا است. البته با این فرض که انجمن مربوطه این روش اصلاحی را پذیرفته باشد. لازمه این امر، نگهداری جمعیت‌های مختلف نژادی (حداقل در سطح جهانی) است تا از حفظ و دسترسی به تنوع نژادها اطمینان حاصل نمود.

سال‌هاست که روش مهاجرت متمادی در مورد گاوهای قرمز نروژی[1] استفاده شده است. براساس استفاده از نژادهای جایگزین و طبق یک برنامه منظم، نژادهای ملی قرمز سوئدی[2]، آیرشایر فنلاندی[3] و قرمز دانمارکی[4] باید به‌عنوان نژادهای مجزا نگهداری شوند. این گونه خط‌مشی‌های مشارکتی در بلند مدت برای سازمان‌های اصلاح نژادی، دامداران، مصرف‌کنندگان و انجمن‌های مربوطه اطمینان‌بخش است.

طی دو تا سه دهه گذشته، جمعیت گاو فریژن بومی با استفاده از نرهای ابلق هلشتاین فریژن آمریکای شمالی اصلاح نژاد شدند. نتیجه این اقدام از دست رفتن تنوع نژادها یا لاین‌های فریژن بومی در کشورهای مختلف بود. با توجه به این‌که نژادهای هلشتاین فریژن بومی مختلف از دست رفته‌اند، باید راهکارهای جدیدی در پیش گرفته شود تا اندازه مؤثر جمعیت‌های درسطح هر منطقه و یا حتی جهانی تضمین و محافظت شود.

انجام انتخاب شدید در یک نژاد ممکن است منجر به حذف آلل‌های به اصطلاح اختصاصی شود (فولی[5] و الیویر[6]، ۲۰۰۶). به نظر می‌رسد نژادهای محلی در مقایسه با نژادهای تجاری، آلل‌های اختصاصی بیش‌تری را حفظ کرده باشند. این ویژگی ممکن است در ارزش نژادهای محلی مؤثر باشد.

این مثال‌ها نشان می‌دهد که هیچ‌گونه خط‌مشی بین‌المللی جهت حفظ تنوع بین نژادی در نژادهای تجاری (به‌عنوان یک منبع جهت استفاده در آینده) وجود ندارد. امروزه حفظ این تنوع، در صورت توافق و همکاری بین سازمان‌های اصلاح نژادی کشورهای متفاوت تحقق می‌یابد. چنین توافقاتی الزاماً همراه با تدوین مجموعه‌ای از قوانینی است که باید در سطح ملی

---

[1] Norwegian Red Cattle
[2] Swedish Red
[3] Finnish Iyrshire
[4] Danish Red
[5] Foulley
[6] Ollivier

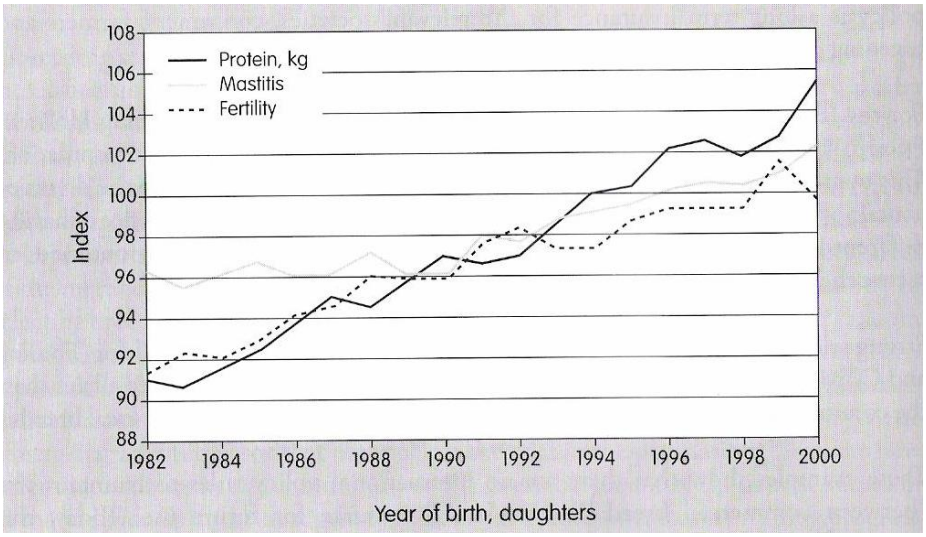
به اجرا در آیند. طرح دولت سوئد درخصوص حفاظت الزامی از تنوع ژنتیکی به‌عنوان بخشی از برنامه تولیدات دامی ممکن است نقطه شروعی برای چنین برنامه‌های ملی باشد.

۲-٤- هدف اصلاح نژاد پایدار به‌عنوان هدف انتخاب

در یک برنامه بلند مدت انتخاب، صفات مختلف و ارزش‌های اقتصادی آن‌ها در هدف اصلاح نژادی، بسیار مهم هستند. علاوه بر این صفات مختلف احتمالاً پیوستگی‌هایی دارند که شاید جز اهداف اصلاح نژادی نباشند. این اثرات ممکن است در تضاد با هم باشند و در طول زمان ممکن است انباشته شوند. تعادل بین تولید و صفات عملکردی[1] در اصلاح نژاد با گذشت زمان به‌طور فزاینده‌ای از اهمیت برخوردار شده است که دلایل اصلی آن عبارتند از:

- به‌طورکلی همبستگی ژنتیکی بین صفات تولیدی و عملکردی منفی است. ازاین‌رو انتخاب صفات تولیدی منجر به اثرات منفی روی صفات عملکردی در یک نژاد خاص خواهد شد.
- اثرات مثبت و منفی برنامه‌های اصلاح نژادی طی نسل‌های مختلف انباشته می‌شوند. به‌طورمثال تغییرات منفی کوچک در هر سال انباشته می‌شوند و ممکن است پس از چند دهه در برخی از صفات مرتبط با رفاه و راحتی حیوان نظیر باروری، مقاومت در برابر بیماری‌ها و قدرت زنده ماندن تعیین‌کننده شوند. البته در نظر گرفتن صفات عملکردی در یک برنامه انتخاب، می‌تواند نتایج مثبتی را همراه داشته باشد. شکل ۲-۹ نمونه‌ای از این مسأله را درخصوص روند ژنتیکی مقاومت به بیماری ورم پستان نشان می‌دهد.

[1] Functional Traits



شکل ۲-۹ بهبود ژنتیکی ورم پستان در گاوهای قرمز نروژی

منبع: http://www.geno.no/genonett/presentasjonsdel/default.asp?menyvelg_id=418

بها و اهمیت دادن به صفت ورم پستان در شاخص شایستگی کل، از سال ۱۹۹۰ میلادی به بعد به‌طور معنی‌داری افزایش یافته است و روند ژنتیکی مثبت و قابل توجهی در این خصوص مشاهده می‌شود. افزایش مقاومت ژنتیکی در برابر ورم پستان، در واقع پیامدی نویدبخش برای دامدارانی است که بدون استفاده از درمان‌های آنتی‌بیوتیکی تمایل به تولید شیر بیش‌تر دارند. این امر موجب افزایش سلامت تولیدات شیر و مزایای جانبی (نظیر تولید شیر ارگانیک) نیز خواهد شد . تصویر۲-۹ پاسخ به انتخاب برگشت‌ناپذیر و تولید پروتئین را هم نشان می‌دهد. در این شکل غیر از ورم پستان، بیماری دیگری که چنین روندی را به دنبال داشته باشد نشان داده نشده است. در رسیدن به هدف اصلاح نژادی پایدار، تعادل بین صفات تولیدی با صفات شایستگی، راهکار مناسبی جهت انتخاب مؤثر در بلند مدت محسوب می‌شوند.

۳-٤- در نظر گرفتن واکنش متقابل ژنتیک و سیستم‌های تولیدی

وقتی حیوانات مورد آزمون در یک طرح اصلاح نژاد و نتاج آن‌ها در محیط‌ها یا سیستم‌های مشابه تولیدی قرار می‌گیرند، از واکنش بین ژنوتیپ و محیط یا سیستم تولیدی می‌توان

چشم‌پوشی کرد. اما اگر نتاج جمعیت اولیه به کشور دیگری صادر شوند، شرایط محیطی جدید ممکن است با کشور صادر کننده کاملاً متفاوت باشد.

علاوه بر این عدم سازگاری نژادها درکشورهای مقصد ممکن است روی صفات شایستگی هم اثر منفی داشته باشد و باعث کاهش عملکرد تولیدی شود. قوانین بین‌المللی تبادل ذخایر ژنتیکی حیوانی، احتمال وجود این واکنش را مد نظرقرار داده است. این واکنش می‌تواند در بلند مدت پیامدهای اقتصادی و اجتماعی زیادی برای کشورهای واردکننده دربر داشته باشد. چنین وارداتی ممکن است سیستم‌های تولیدی دامی را در کشورهای وارد کننده دچار اختلال نماید و زندگی گروه‌هایی از مردم بومی را در این سیستم تحت‌الشعاع قرار دهد. هفتاد درصد مردم فقیر جهان در نواحی روستایی، به‌منظور تأمین نیازهای غذایی روزمره‌ی خانواده‌هایشان از حیوانات اهلی نگهداری می‌کنند (تقریباً دو میلیارد نفر از کل افراد جهان). ازاین‌رو تنوع دام‌ها در بقا و رفاه این جوامع و افراد موجود در آن‌ها بسیار مؤثر است (دراکر، ۲۰۰۱).

٤-٤- سلامت و امنیت غذایی

ولیامز[1] (۲۰۰۵) اهمیت اساسی ذخایر ژنتیکی حیوانی را در سلامت و امنیت غذایی مورد بحث قرار داد. زمانی اصلاح نژاد دام‌های اهلی بهترین عملکرد را خواهد داشت که تمام راهکارها در جهت خاصی هماهنگ شده باشند. برای مثال درصد باروری در گاوهای شیرده، همزمان با افزایش تولیدات شیر کاهش می‌یابد. افزایش انتشار گازهای گلخانه‌ای از سیستم‌های تولیدکننده (به‌ازای هر لیتر شیر تولید شده) یکی از دلایل اصلی ناباروری گاوها است. وقتی انتخاب در جهت افزایش تولید شیر انجام می‌شود (بدون در نظر گرفتن شایستگی باروری)، راه‌حل‌های مدیریتی موقعی اثر بخش خواهد بود که با این شرایط سازگار باشد. در این مثال کارایی کل سیستم بهینه نخواهد بود (ولیامز، ۲۰۰۵). انتخاب ژنتیکی می‌تواند نقش مهمی را در پویایی جمعیت‌های تحت انتخاب ایفا نماید. لذا باید از راه‌حل‌های ژنتیکی (به‌عنوان قسمتی از راه‌حل) در بهبود و امنیت و سلامت محصولات استفاده کرد.

بنابراین باید گفت در مواجهه با چالش‌های مربوط به امنیت غذایی و (با توجه به افزایش تقاضای جهانی غذا) اصلاح نژاد حیوانات اهلی می‌تواند بخشی از یک راه حل کلی را تشکیل دهد.

[1] Woolliams

۵-٤- تأثیر بر محیط

تولیدات حیوانی می‌تواند اثرات مثبت یا منفی بر محیط داشته باشد. به‌طور معمول در شرایط تولید فوق‌العاده زیاد، ارزش محیطی برای جمعیت کاهش خواهد یافت.

افزایش حجم تولید هم‌چنین منجر به افزایش فضولات حیوانی می‌گردد. مقادیر قابل ملاحظه فضولات تولید شده از حیوانات اهلی (در مقیاس وسیع) منجر به آلودگی شدید آب، خاک و هوا می‌گردد (کونینگهام[1]، ۲۰۰۳). در این انتشار آلودگی، بیش‌تر عناصری نظیر نیتروژن، فسفر، فلزات سنگین متفاوت و گازهای گلخانه‌ای مثل متان و اکسید نیتروژن دخیل هستند. چنان‌چه استفاده از کود حیوانی و اوره در چرخه تولیدات کشاورزی به‌طور مستمر و صحیح انجام نشود، صدمات جبران‌ناپذیری به محیط وارد خواهد شد. تمرکز شدید روی موضوعات محیط زیستی در چند کشور جهان، تصویب قوانینی را در خصوص الزام به کاهش تولید فضولات از دام‌های اهلی به همراه داشته است. چنین قوانینی ممکن است موجب جایگزینی برخی ژنوتیپ‌های دیگر به‌جای نژادهای فعلی (با توجه به اهداف اصلاح نژادی) شود. این موضوع به این معنی است که برنامه‌های اصلاح نژادی که حداکثر تولیدات را به‌ازای هر حیوان دنبال می‌کنند، ممکن است منجر به کاهش کیفیت شرایط محیطی برای جامعه شود.

۵- نقش نظارتی مدیران ملی

نظارت بر ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی، فعالیتی ضروری در زمینه‌ی حفاظت و بهره‌برداری پایدار از آن‌ها است. در این عرصه، خط‌مشی‌های منسجمی ارایه شده است. اجرای این خط‌مشی‌ها برعهده‌ی یک مدیر یا هماهنگ کننده ملی است. این مدیر در هنگام بروز بحران در صنایع دامی (نظیر شیوع یک بیماری مهم و فوری) مسئولیت اصلی را به عهده خواهد داشت. این مدیر به‌طور منظم بررسی‌های لازم را انجام می‌دهد و هر مشکل اضطراری نوظهور را در مراحل ابتدایی شناسایی و گزارش می‌نماید. مسئولیت‌های مربوطه در این خط‌مشی‌ها کاملاً بررسی و تعریف شده هستند. در کتاب مدیریت پایدار ذخایر ژنتیکی حیوانی (ولیامز، ۲۰۰۵)، شرح این نوع وظایف نظارتی مطرح شده است. شرکت‌های اصلاح نژادی و یک مرکز ذخایر ژنتیکی به‌راحتی به اجرای فعالیت‌های نظارتی در خصوص ذخایر ژنتیکی جانوری می‌پردازند. یک مرکز ملی ذخایر ژنتیکی حیوانی باید سالیانه نتایج فعالیت‌های نظارتی را به

[1] - Cunningham

مقام مسئول گزارش دهد. موارد کلیدی در کنترل بهره‌برداری پایدار و براورد اندازه مؤثر ذخایر ژنتیکی حیوانات اهلی عبارتند از:

- مقدار براورد شده اندازه مؤثر جمعیت‌های اصلاح نژادی (نژادها) با نرخ واقعی همخونی مرتبط است.
- روند ژنتیکی براورد شده صفات تولیدی و کلیه صفات شایستگی مهم.
- روند تعداد ماده‌ها در نژادهای در معرض انقراض.
- اولویت نژادهای درمعرض انقراض براساس نژادهای در معرض خطر.

٦- طرح‌های اصلاح نژادی پایدار

طی سال‌های اخیر سازمان‌های اصلاح نژادی در حوزه‌ی فعالیت خود از حساسیت‌ها و علاقه‌مندی‌های اجتماعی اطلاع حاصل کرده‌اند. تولیدکنندگان، دامداران، سازمان‌ها، سازمان‌های غیردولتی و سیاست‌گذاران در اروپا با بحث و تبادل‌نظر با متخصصان اصلاح نژاد حیوانات اهلی، آیین‌نامه فعالیت صحیح برای پرورش، اصلاح نژاد و تولیدمثل حیوانات اهلی را تصویب کردند (EFFAB [1]، ۲۰۰۵) این آیین‌نامه، اصولی را برای هدایت اصلاح‌گران ارایه می‌کند.

متخصصان اصلاح نژاد اولین حلقه زنجیره غذایی هستند و بنابراین به‌طور مستقیم مسئولیت تأمین ژنوتیپ‌های مناسب برای دامداران را به‌عهده دارند. این اصلاح‌گران در عرصه‌های رقابت‌های جهانی به‌طور فعال شرکت دارند. بنابراین یک راه‌حل مناسب و پایدار در ایجاد تعادل واقعیات اقتصادی و فنی، تأمین امکانات لازم برای راحتی حیوان، تنوع ژنتیکی و دیدگاه‌های عمومی است. برای رقابتی ماندن این راه‌حل، در نظر گرفتن عوامل فوق‌الذکر الزامی است. این آیین‌نامه‌ها دربرگیرنده امنیت غذایی و سلامت عمومی، کیفیت تولید، تنوع ژنتیکی، میزان بازدهی، محیط، سلامتی و راحتی حیوانات است. فهرست ارزیابی طرح‌های اصلاح نژادی پایدار در پی‌نوشت ۳-۹ به‌صورت کامل ارایه شده است. واژه تنوع زیستی غالباً به این شکل مطرح می‌شود: «برنامه‌های اصلاح نژاد به‌منظور استفاده‌ی بهینه ازتنوع ژنتیکی موجود در بین و داخل جمعیت‌ها و هم‌چنین با هدف کنترل همخونی طراحی می‌شوند».

[1] European Forum of Farm Animal Breeders

۷- خط‌مشی‌های آینده‌ی ذخایر ژنتیکی حیوانی

همان‌طور که در فصل یک بیان شد، افزایش فعالیت‌های تجاری در زمینه تولیدات حیوانی و منابع ژنتیکی در سرزمین‌ها، کشورها و قاره‌ها، ایمنی و سلامت مواد غذایی را به خطر می‌اندازد. علت هشدار در زمینه امنیت موادغذایی اصولاً به‌دلیل از دست رفتن نژادهای محلی یا منطقه‌ای و افزایش همخونی درون جمعیت‌های اصلاح نژادی خالص است.

درگذشته بخش عمده‌ی مواد ژنتیکی حیوانات اهلی در اختیار سازمان‌های کشاورزان (در سطح ملی) بوده است. طی پانزده سال گذشته، تغییرات چشمگیری در مالکیت این مواد به‌ویژه در بخش تولید طیور و خوک به‌وقوع پیوسته است. در حال حاضر تعداد محدودی از شرکت‌های چندملیتی اصلاح نژاد طیور که مالک گله‌های پایه اصلاح نژاد هم هستند، مواد ژنتیکی لازم برای سیستم‌های تولیدی جوجه‌های گوشتی و تخم مرغ را در سراسر دنیا تأمین می‌کنند.

پی‌نوشت ٤-۹- فهرست ارزیابی طرح‌های اصلاح نژادی پایدار (ولیامز و همکاران، ۲۰۰۵)

آیا بازار و تولیدات به‌طور کامل مشخص شده‌اند؟ این موارد عبارتند از:

- یک تعریف از سیستم(های) تولیدی شامل محدود کردن هزینه‌ها و ضایعات در نژادهای آمیخته یا خالص.
- انتظارات در حوزه‌های اجتماعی، اقتصادی و سیاسی.
- ارزیابی نیازها در بازاریابی.

• آیا هدف اصلاح نژاد به‌طور کامل تعریف شده است؟ این تعریف در برگیرنده موارد زیراست:

- درآمد و هزینه‌های تولید درون سیستم‌ها.
- سلامت، راحتی و آسایش حیوان.
- روش‌های بررسی و مستندسازی سیستم تولیدی.
- تأیید از سوی مصرف‌کنندگان، تولیدکنندگان و اصلاح‌گران.

• آیا حساسیت به عوامل محیطی شناسایی شده‌اند؟ این امر شامل موارد زیر است:

- نوسانات و گرایش‌ها در بازار.

- در نظر گرفتن یک پشتیبان برای موقعیت‌های پیش‌بینی نشده مثل بیماری‌ها و حوادث (از جمله این موارد می‌توان به حفظ خزانه ژنی از طریق انجماد جمعیت‌های ممتاز اشاره کرد).
- سلامت غذایی.
- اثر متقابل محیط- ژنوتیپ.
- تأیید شاخص‌ها و روش‌های تولیدمثلی به‌کار گرفته شده، از سوی تولیدکننده و مصرف کننده.

• آیا منابع انسانی، فنی و اقتصادی (شامل تحقیق و توسعه) کافی وجود دارد؟
• آیا منابع حیوانی و راهکارهای انتخاب می‌توانند اندازه جمعیت مؤثر لازم را برای کنترل ΔF زیر یک درصد برای هر نسل تضمین نمایند؟
• آیا رکوردگیری کافی است؟
- برای به‌دست آوردن پاسخ مناسب در تمامی اجزای هدف اصلاح نژاد.
- شناسایی تغییرات نامطلوب در سلامتی و راحتی حیوان.
• آیا اثرات مورد انتظار انتخاب براورد شده‌اند؟ این موارد عبارتند از:
- روند ژنتیکی برای کلیه صفات موجود در هدف اصلاح نژاد یا صفاتی که بالقوه مهم هستند، ولی در هدف اصلاح نژاد قرار ندارند.
- تغییرات پیش‌بینی شده در رکوردگیری.
• آیا پیشرفت ژنتیکی ارزیابی و نظارت شده است؟
• آیا محدوده‌ها و افق‌ها و مراحل مهم زمانی شناسایی شده‌اند؟ این موارد عبارتند از:
- پیشرفت ژنتیکی پیش‌بینی شده و مشاهده شده
- بررسی بازارها و هدف اصلاح نژادی.
- هزینه‌ها و مزایای طرح اصلاح نژادی برای اصلاح‌گران، تولیدکنندگان و مصرف‌کنندگان
• آیا میزان سودمندی طرح اصلاح نژادی ارزیابی شده است؟

چنین روندی موجب خواهد شد که تأمین غذا با خطر بیش‌تری مواجه شود و لذا جامعه جهانی به ایجاد یک «سیستم قانونمند نظارت» برای تبادل مواد ژنتیکی ملزم سازد. سیستم فوق باید برمبنای اصول زیر تدوین شده باشد:

• تبادل یا دادوستد مواد ژنتیکی باید افزایش مزایا را برای فروشندگان و خریداران به همراه داشته باشد و در توسعه پایدار جمعیت حیوانی در یک محیط تولید جدید، مؤثر واقع گردد.
• سیستم قانونی باید برای اطمینان از این‌که مواد ژنتیکی انتقال یافته، سازگاری‌های لازم را محیط تولید جدید به دست آورده‌اند، وظایفی را برای هر دو گروه خریدار و فروشنده مشخص نماید. زمانی که مواد ژنتیکی قبلاً در محیط جدید قرار نگرفته باشد، فروشنده باید به‌منظور پیشگیری از نقایصی که احتمالاً مشکلات زیادی را در سیستم‌های تولید محلی و بومی ایجاد نماید، یک برنامه‌آزمایشی در کشور وارد کننده طراحی و اجرا نماید.
• این سیستم قانونی در مدیریت انتقال مواد ژنتیکی نباید نیازی به هزینه‌های اجرایی بالایی داشته باشد.
• سیستم قانونی باید برمبنای موافقت‌نامه انتقال استاندارد تنظیم شده و با قوانین ملی کشور گیرنده و توافقات چند جانبه امضا شده از سوی عضو منطبق باشد.
• سیستم قانونی می‌تواند مشابه پیمان رسمی فائو در زمینه ذخایر ژنتیکی گیاهی مورد استفاده در کشاورزی باشد. البته لازم نیست که پیمان مربوط به ذخایر ژنتیکی حیوانی به‌طور دقیق مشابه پیمان مربوط به ذخایر گیاهی باشد، زیرا تفاوت‌های زیادی در مالکیت، مسایل فنی و شرایط نگهداری *in situ* و *ex situ*، بین گیاهان و جانوران وجود دارد.

در یک موافقت‌نامه انتقال، باید کاملاً مشخص شده باشد که مورد استفاده مواد انتقال یافته فقط در تولیدات کشاورزی و غذایی است و یا این‌که در اصلاح نژاد نیز به‌کارگیری خواهد شد. اگر از این مواد برای اصلاح نژاد استفاده شود، با توجه به این‌که این مواد در نوآوری‌های بعدی هم کاربرد خواهند داشت، لذا ممکن است مشکلاتی را درخصوص مالکیت حقوق فکری (در سیستم حقوق انحصاری) ایجاد نماید.

حوزه استفاده مواد ژنتیکی منتقل شده باید در این توافق‌نامه با وضوح کامل مشخص شده باشد. در این‌جا لازم است که اعضای سهیم در موافقت‌نامه در خصوص بهره‌مندی مشترک از ارزش افزوده حاصل از مواد انتقال یافته، پس از ایجاد یک نوآوری و ابداع، مذاکره نموده و به توافق برسند.

۸- مباحث پایداری برای سهام‌داران متفاوت

درصورتی‌که سهام‌داران دیدگاه‌های متفاوتی داشته باشند، نیاز به درک بهتر موضوع پایداری به‌وضوح احساس می‌گردد. در کوتاه‌مدت سهام‌داران مختلف در اصلاح نژاد حیوانات اهداف کاملاً متمایزی می‌توانند داشته باشند: (۱) نظر تولیدکنندگان و اصلاح‌گران دام به‌طور عمده بر افزایش تولید و کاهش هزینه اولیه تولید متمرکز است؛ (۲) صاحبان صنایع و گروه‌های خرده‌فروشی بر کمّیت، کیفیت و سودمندی فراورده‌های تولید شده و ارزش افزوده‌ی تولید اولیه تکیه دارند؛ (۳) مصرف‌کنندگان و عموم مردم اساساً به موضوعاتی مثل کیفیت تولید، سلامت، قیمت‌ها، مواضع سیاسی و فرهنگی، رفاه و آسایش حیوان ، و اثرات زیست محیطی و آلودگی توجه دارند. در بلند مدت، اولویت‌های جامعه، چهارچوب کاری گسترده‌ای را در حمایت از تولید محصولات حیوانی ایجاد خواهد کرد .همزمان با توسعه جوامع شهری این اولویت‌ها بیش از پیش بر تمایلات مصرف‌کنندگان تأکید خواهد نمود. ازاین‌رو، علی‌رغم تفاوت در اهداف کوتاه مدت، سهام‌داران به‌منظور اطمینان از تولید پایدار محصولات حیوانی، بسیاری از اهداف بلند مدت را نیز مبنای فعالیت خود قرار می‌دهند (ولیامز و همکاران، ۲۰۰۵). پیچیدگی این موضوعات، اهمیت اجرای یک تحلیل موشکافانه و مباحث جدی میان سهام‌داران را در سطوح ملی، منطقه‌ای و جهانی آشکار می‌نماید.

منابع

Avendano, S.J., A. Woolliams and B. Villanueva, 2004. Mendelian sampling terms as a selective advantage in optimum breeding schemes with restrictions on the rate of inbreeding. Genetical Research 83: 55-64.

Barlow, R., 1983. Benefit-cost analyses of genetic improvement program for sheep. beef cattle and pigs in Irland. Ph.D. Thesis. University of Dublin. Ref by E.P. Cunningham, Present and future perspective in breeding research. XV. International Congress of Genetics. New Delhi. India. 12-21 December.

Cunningham, E.P., (ed.), 2003. After BSE - A future for the European livestock sector. EAAP publication No.108. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands.

Drucker, A.G., 2001. The Economic Valuation of AnGR: Importance. Application and Practice. In: Proceedings workshop held in Mbabane, Swaziland, 7-11 May 2001.

EFFAB, 2005. Code. EFABAR. Code of Good Practise for Farm Animal Breeding and Reproduction. www.code-efabar.org

FAO, 2004. the Legal Framework for the Management of Animal Genetic Resources, Background Study Paper No. 24. Itp://ftp.fao.org/ag/cgfra/BSP/ bsp24e.pdf.

Fimland, E., 2006. Institutional issues and frameworks in ex situ conservation of Farm Animal Genetic Resources (FAnCR). J. Gibson, S. Gamage, O., Hanotte, L. Iniguez, J.C. Maillard, B. Rischkowsky, D. Semambo, and J. Toll (eds), 2006. Options and Strategies for the Conservation of Farm Animal Genetic Resources: Report of an International Workshop and Presented Papers (7-10 November 2005, Montpellier, France) [CD- ROM] CGIAR System-wide Genetic Resources Programme (SGRP)/Biodiversity International, Rome, Italy.

Foulley, J.L., and L. Ollivier, 2006. Allele Diversity. Proceedings 81h World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication No. 33-09.

Grundey, L., B. Villanueva and J.A. Woolliams, 1998. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding And their consequences for pedigree development. Genetical Research 72: 159-168.

Mitchell, G.C., M. Smith, P.J. Makower and W.N. Brid, 1982. An economic appraisal of pig Improvement Great Britain. Genetic and production aspect. Animal production 35: 215-224.

Meuwissen, T.H.E., 1997. Maximizing the response of selection with a Predefined rate of inbreeding journal of Animal Science 75: 934-940.

NCM, 2003. Access and Rights to Genetic Resources. A Nordic Approach. Nord 2003: 16. Nordic Council of Ministers, Store Strandstrede 18. DK-Copenhagen, Denmark.

Woolliams, J.A., 2005. Sustainable Livestock Breeding - Food security and Safety. Nordic GENE resources http://www.nordgen.orglpublikasjoner/ nordiskegenressurser.htm

Woolliams, J.A., and R. Thompson. 1994. Proceedings of the 51h World Congress on Genetics applied 10 Livestock Production 19: 127-134.

Woolliams, J.A., P. Berg, A. Maki-Tanila, T.H.E. Meuwissen and E. Fimland, 2005. Sustainable management of Animal Genetic Resources. Nordic Gene Bank Farm Animals.

Utilisation and Conservation of

Farm Animal Genetic Resources

Edited By

Kor Oldenbroek

Translated by

Dr. Shahabodin Gharahveysi
Morteza Salehinezhad
Najmeh Najafi
Dr. Seyed Ziaeddin Mirhoseini
Dr. Alireza Seidavi

2010