



موسسه تحقیقات علوم دامی کشور



سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

دستنامه فنی

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادهای در معرض خطر دام و طیور

نویسنده: حمیدرضا بهمنی

۱۴۰۳

عنوان: تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادهای در معرض خطر دام و طیور

نویسنده: حمیدرضا بهمنی

همکاران: صالح صالحی و بهارک محمدیان

صفحه آرا: رقیه شکری

مدیر داخلی: ویدا همتی

تهیه شده در: مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور- دفتر شبکه دانش و

رسانه‌های ترویجی

ناشر: نشر آموزش کشاورزی

شمارگان: ۱۰۰۰

نوبت چاپ: دوم / ۱۴۰۳

قیمت: رایگان

مسئولیت صحت مطالب با نویسنده است.

شماره ثبت در مرکز فن‌آوری اطلاعات و اطلاع‌رسانی کشاورزی ۶۶۴۰۲ به تاریخ ۱۴۰۳/۰۹/۰۵ است.

نشانی: تهران، بزرگراه شهید چمران، خیابان یمن، پلاک ۱ و ۲، معاونت ترویج،

صندوق پستی: ۱۱۱۳-۱۹۳۹۵، تلفکس: ۲۲۴۱۳۹۲۳-۲۱

مخاطبان

- دانشجویان
- کارشناسان
- مروجان مسئول پهنه تولیدی

اهداف آموزشی

- معرفی روش تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های دام و طیور
- آشنایی با نرم‌افزار شبیه‌سازی ورتکس

فهرست مطالب

۱	مقدمه
۳	کاهش جمعیت‌های دامی
۵	دینامیک جمعیت‌های کوچک
۸	تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت
۱۰	خصوصیات مدل تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت
۱۲	روش‌های تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت
۱۵	سؤالاتی که مدل‌های PVA به آنها پاسخ می‌دهند
۱۷	تردید در فراسنجه‌های زیستی و نتایج حاصله
۱۹	نرم‌افزار شبیه‌سازی Vortex
۲۲	مدل‌سازی تغییر تصادفی در فراسنجه‌های جمعیتی
۲۳	مدل‌سازی تغییرات محیطی
۲۴	مدل‌سازی حوادث نامطلوب
۲۴	مدل‌سازی فرآیندهای ژنتیکی
۲۵	مدل‌سازی سیستم تولیدمثل
۲۶	مدل‌سازی فرآیندهای قطعی
۲۸	مدل‌سازی پس‌روی ناشی از همخونی
۳۱	ورودی‌های اصلی برنامه
۴۱	خروجی‌های اصلی برنامه
۴۶	تجزیه و تحلیل حساسیت
۴۸	استفاده از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت در جمعیت‌های دامی
۵۳	تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های دام بومی کشور
۵۸	ضمائم گزارش
۵۸	۱- اندازه‌گیری پس‌روی ناشی از همخونی
۶۲	۲- وابستگی تولیدمثل به اندازه و تراکم جمعیت
۶۴	۳- ظرفیت حیاتی جمعیت
۶۷	منابع

فهرست تصاویر

تصویر ۱. صفحه ابتدایی نسخه دهم نرم افزار Vortex	۲۱
تصویر ۲. صفحه تنظیم پروژه برای ورود اطلاعات کلی پروژه	۳۲
تصویر ۳. صفحه تعریف سناریو	۳۲
تصویر ۴. صفحه تعریف گونه	۳۳
تصویر ۵. صفحه ورود متغیرهای توصیفی	۳۴
تصویر ۶. صفحه انتقال بین جمعیت‌های مختلف	۳۵
تصویر ۷. صفحه تعریف سیستم تولیدمثل	۳۵
تصویر ۸. صفحه تعریف نرخ‌های تولیدمثلی	۳۶
تصویر ۹. صفحه تعریف نرخ‌های مرگ و میر	۳۷
تصویر ۱۰. صفحه تعریف حوادث ناگوار و نامطلوب	۳۷
تصویر ۱۱. صفحه تعریف استفاده از نرها در جفت‌گیری	۳۷
تصویر ۱۲. صفحه تعریف جمعیت ابتدایی در شروع سناریو	۳۸
تصویر ۱۳. صفحه تعریف ظرفیت حیاتی جمعیت	۳۹
تصویر ۱۴. صفحه تعریف برداشت، حذف یا فروش جمعیت	۴۰
تصویر ۱۵. صفحه تعریف جایگزینی جمعیت	۴۰
تصویر ۱۶. صفحه مدیریت ژنتیکی	۴۰
تصویر ۱۷. نمونه‌ای از خروجی برنامه برای برآورد نرخ رشد قطعی	۴۱
تصویر ۱۸. نمونه‌ای از خروجی نهایی برنامه پس از اجرای یک سناریو ...	۴۳
تصویر ۱۹. نمونه‌ای از خروجی برنامه برای هر سال از اجرای یک سناریو ..	۴۴
تصویر ۲۰. نمونه‌ای از نمودار عنکبوتی استاندارد شده	۴۷
تصویر ۲۱. رابطه‌ی زنده‌مانی حیوانات زیر یکسال با ضریب همخونی	۶۰

مقدمه

جمعیت‌های دام و طیور بومی زیادی به دلیل کاهش انگیزه‌های اقتصادی-اجتماعی پرورش‌دهندگان محلی در معرض خطر انقراض هستند. حفاظت از نژادهای در معرض خطر با توجه به امکان برآورده ساختن نیاز بازار و پاسخگویی به تغییرات سیستم تولید در آینده، می‌تواند ارزشمند باشد. پژوهش‌های زیادی ارزش اقتصادی، اجتماعی و فرهنگی نژادهای دامی برای جوامع روستایی و نقش آن‌ها را در حفظ زیست بوم‌ها متذکر شده‌اند (Gandini *et al.*, 2004). تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت¹ (PVA)، با ارزیابی عوامل مختلف تهدیدکننده بقاء جمعیت، امکان ایجاد چارچوبی برای تلفیق بسیاری از اطلاعات مورد نیاز برای حفاظت از گونه‌های مختلف را فراهم می‌کند (Lindenmayer *et al.*, 1993). در سال‌های اخیر، این

1- Population viability analysis

روش برای ارزیابی جمعیت‌های دامی در معرض خطر بطور فزاینده‌ای مورد استفاده قرار گرفته است. تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت روشی است کمی که برای برآورد احتمال تداوم حیات جمعیت مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این روش از مدلی استفاده می‌شود که نیازمند تعریف دینامیک جمعیت، مجموعه‌ای از فراسنجه‌های محیطی و زیستی و در نظر گرفتن فرضیاتی در مورد فعالیت‌های انسانی و اثرات آن بر جمعیت مورد بررسی است (Lacy, 1993/94). تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت دو خصوصیت دارد: مدلی برای فرآیند انقراض و ارزیابی کمی تهدیدات انقراض است. هرچند نقش اصلی PVA، ارزیابی احتمال انقراض است، اما روش‌های PVA غالباً بر سایر شاخص‌های جمعیت تمرکز می‌کنند. میانگین و واریانس رشد جمعیت، تغییرات در پراکنش و اسکان در زیستگاه، کاهش تنوع ژنتیکی و ... نیز از جمله شاخص‌هایی هستند که در این روش توسط محققین مختلف مورد تجزیه و تحلیل و بررسی قرار گرفته‌اند (Lacy, 1993/94).

تهیه برنامه نرم‌افزاری ورتکس (Lacy et al., 2021) تلاشی است برای به صورت مدل درآوردن عوامل

منقرض کننده که می توانند بقای جمعیت های کوچک را تهدید کنند. این نرم افزار اثرات نیروهای قطعی و عوامل تصادفی جمعیتی، محیطی و ژنتیکی را بر روی جمعیت های حیوانی شبیه سازی می کند. Vortex مدلی بر پایه فرد است. این نرم افزار علاوه بر نوسانات جمعیتی، تغییرات ژنتیکی را هم شبیه سازی می کند. در این دست نامه سعی شده است تا خوانندگان گرامی علاوه بر آشنایی با مبانی تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت های دام و طیور با کاربرد نرم افزار Vortex در این زمینه آشنا شوند.

کاهش جمعیت های دامی

روند کاهش دام های مولد، گله ها و زیستگاه آنها، استفاده از نژادهای دیگر در تولیدمثل، اندازه مؤثر جمعیت پائین و وجود عوامل تهدیدکننده بقاء از نشانه های کاهش تنوع ژنتیکی و در معرض خطر بودن یک نژاد هستند (Scherf, 1995; Simon, 1999). تغییرات ایجاد شده در سیستم های پرورش، شرایط پرورش دام و تقاضای بازار از مهم ترین دلایل کاهش جمعیت بسیاری از گونه های دامی هستند. ایجاد واحدهای صنعتی پرورش دام به طور

قابل ملاحظه‌ای دامداری سنتی را تحت تأثیر قرار داده و نژادهایی که امکان استفاده از آنها در سیستم‌های جدید پرورش وجود نداشته باشد، به تدریج از عرصه تولید حذف خواهند شد. بدین ترتیب با ادامه روند موجود، پرورش بز و گوسفند بصورت سنتی در کشور با خطر جدی روبرو بوده و کاهش تولیدات و به ویژه گوشت قرمز دام‌های سبک و سهم اشتغال مولد آن قابل پیش‌بینی است (کیان‌زاد و قره‌داغی، ۱۳۸۴). عدم توجه به روستاها به ویژه نواحی دورافتاده و مرزی نیز از دلایلی است که می‌تواند پرورش دهندگان نژادهای بومی به ویژه نسل جوان را راهی مناطق و شهرهایی کند که از امکانات و تسهیلات بیشتری برخوردارند. عدم توجه به تولیدات داخلی و حضور تولیدات و مصنوعات با قیمت کمتر در بازار نیز در تداوم این روند بی‌تأثیر نیستند. تمامی این دلایل و دلایل دیگری که معمولاً به صورت محلی و منطقه‌ای مطرح هستند موجب کاهش انگیزه‌های اقتصادی-اجتماعی پرورش‌دهندگان و ایجاد خطر برای جمعیت‌های دامی بومی می‌شوند. این در حالی است که ارزش‌های اقتصادی-اجتماعی نژادهای دامی برای جوامع روستایی، مشارکت آنها در حفاظت از زیست بوم‌ها و بقای تنوع در فرهنگ روستایی به اثبات رسیده (Maijaala et al., 1984; Ostermann, 1998; Gandini &)

(Villa, 2003) و از بین رفتن جمعیت‌های دامی، عواقب ناگواری برای روستاها و روستانشینان دربر خواهد داشت.

دینامیک جمعیت‌های کوچک

صرف‌نظر از دلایل کاهش جمعیت‌ها، جمعیت‌های کوچک حیوانی نسبت به عوامل و نیروهای خارجی، آسیب‌پذیر شده و تحت تأثیر دینامیک جمعیت‌های کوچک قرار می‌گیرند که می‌تواند جمعیت را به سمت انقراض هدایت کنند (Shaffer, 1981; Soule, 1987; Clark & Seebeck, 1990). وقتی جمعیتی کوچک می‌شود و در ناحیه کوچکی مستقر می‌گردد، وقایع تصادفی اهمیت پیدا کرده و سرنوشت جمعیت را تحت تأثیر قرار می‌دهند. فرآیندهای تصادفی مؤثر بر جمعیت به صورت تغییر تصادفی در فراسنجه‌های جمعیتی^۱ (DS)، تغییرات محیطی^۲ (EV)، وقایع ناگوار و نامطلوب^۳ (C) و رانش ژنتیکی (GD) گروه‌بندی شده‌اند (Shaffer, 1981).

1- demographic stochastic

2- environmental variation

3- catastrophic events

تغییر تصادفی در فراسنجه‌های جمعیتی (DS) به مفهوم نوسان تصادفی در نرخ تولد، نرخ مرگ و میر و نسبت جنسیتی نرها و ماده‌های متولد شده در جمعیت است. با فرض اینکه تولدها، مرگ و میرها و تعیین جنسیت فرایندهای نمونه‌گیری تصادفی باشند، تغییرات سالانه تعداد افرادی که متولد می‌شوند، می‌میرند یا به جنس خاصی تعلق می‌گیرند از توزیع بینومیل پیروی می‌کنند. وقتی جمعیت خیلی کوچک شود، فراوانی‌های سالانه این فراسنجه‌ها از میانگین قابل پیش‌بینی منحرف خواهند شد (Goodman, 1987).

تغییرات محیطی (EV) به مفهوم نوسان در احتمالات تولد و مرگ و میر در نتیجه‌ی تغییرات محیطی است. این تغییرات، نوساناتی را که به دلیل عواملی چون شیوع بیماری، تغییرات اقلیمی و... بوجود آمده‌اند، در بر می‌گیرد. نوسانات ایجاد شده در فراسنجه‌های جمعیتی ناشی از تغییرات محیطی (EV) به نوسانات تصادفی در فراسنجه‌های جمعیتی (DS) اضافه می‌شوند. بنابراین، تفاوت بین تنوع مشاهده شده در فراسنجه‌های جمعیتی در طول زمان و توزیعی که تنوع فراسنجه‌های جمعیتی

را توصیف می کند باید به حساب تغییرات محیطی (EV) گذاشته شود.

وقایع ناگوار و نامطلوب (C)، تغییرات محیطی با شدت بالا همچون بیماری های اپیدمی، گردبادهای، طوفان ها و آتش سوزی در مقیاس وسیع و .. هستند که از نظر کمی و حتی کیفی اثرات متفاوتی نسبت به تغییرات محیطی (EV) معمول داشته و جدای از تغییرات سالانه یا فصلی معمول در تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت ها در نظر گرفته می شوند. در مورد دام ها، وقایعی همچون خشکسالی و رقابت نژادهای خارجی با توجه به اثرات قابل توجه بر فراسنجه های جمعیتی در مقطعی که اتفاق افتاده اند، بعنوان وقایع ناگوار و نامطلوب (C) در تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت (PVA) مدنظر قرار گرفته اند (Al-Atiyat, 2009). چنین وقایعی (C) حرکت سریع به سوی انقراض را در جمعیت های کوچک موجب می شوند (Simberloff, 1988).

در جمعیت های کوچک جانوری، فراوانی آلل ها می تواند به صورت تصادفی در هر نسل تحت تأثیر قرار گرفته و خسارات جبران ناپذیری را به جمعیت وارد کند. این پدیده

بعنوان رانش ژنتیکی شناخته می‌شود. همخونی هم بعنوان پدیده‌ای که همزمان با رانش ژنوتیپی در جمعیت‌های کوچک تغییر کرده و بر ساختار ژنتیکی و شایستگی جمعیت تأثیر می‌گذارد، در تعداد زیادی از گونه‌ها بررسی شده‌اند (Wright, 1977; Falconer, 1989; Lacy, 1997). کاهش تنوع ژنتیکی ناشی از همخونی و رانش ژنتیکی، توانایی جمعیت برای سازگاری با تغییرات محیط در آینده را کاهش می‌دهد. رانش ژنتیکی و همخونی و اثر آنها بر کاهش تنوع ژنتیکی در افراد و جمعیت‌ها اثر منفی بر نرخ‌های جمعیتی داشته و حساسیت به آشفتگی‌های محیطی و وقایع ناگوار و نامطلوب (C) را افزایش می‌دهد. کاهش رشد جمعیت و نوسانات بیشتر در تعداد افراد به رانش ژنتیکی شتاب می‌دهد (Crow & Kimura, 1970).

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت (PVA)

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت اصولاً روش‌های تجزیه و تحلیل کمی را دربر می‌گیرد که احتمال انقراض یک جمعیت را تعیین می‌کنند. Shaffer (۱۹۸۱) برای اولین

بار حداقل جمعیت زنده^۱ (MVP) را بعنوان اندازه جمعیتی که به احتمال ۹۹ درصد برای ۱۰۰۰ سال منقرض نمی‌شود، مطرح کرد. اما به مرور زمان این اصطلاح به دلیل مشهور شدن PVA دیگر مدنظر قرار نگرفت (Soule, 1987). در تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت با بررسی تهدیدات قابل اندازه‌گیری حیات، احتمال انقراض و سایر معیارهای عملکردی و حیاتی جمعیت همچون: میانگین زمانی که به انقراض مانده، اندازه جمعیت باقیمانده، رشد تصادفی جمعیت، تنوع ژنتیکی و ... مشخص می‌شوند. در این روش بطور مشخص، احتمال انقراض در طول یک دوره زمانی برای جمعیتی برآورد می‌شود که در معرض سناریوی مشخصی از شرایط محیطی، تهدیدهای بقاء، اقدامات مدیریتی آتی و سایر وقایع قابل پیش‌بینی قرار گرفته است. بنابراین تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت هر نوع آرایه‌ای از روش‌های کمی احتمال انقراض یک جمعیت را در بر می‌گیرد. مناسب‌ترین تعریف برای PVA، استفاده از روش‌های کمی برای برآورد احتمال تداوم حیات جمعیت تحت یک مدل انتخاب شده از دینامیک جمعیت،

1- Minimum viable population

مجموعه تعریف شده‌ای از فراسنجه‌های محیطی و زیستی و برشمردن فرضیاتی در مورد فعالیت‌های انسانی و اثرات آن بر سیستم است (Lacy, 1993/94). تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت با ارزیابی عوامل مختلف تهدیدکننده بقاء جمعیت، امکان ایجاد چارچوبی برای تلفیق بسیاری از اطلاعات مورد نیاز برای حفاظت از گونه‌های مختلف را فراهم می‌کند (Lindenmayer *et al.*, 1993).

خصوصیات مدل تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت

چنانچه گفته شد، PVA مدلی برای فرآیند انقراض و ارزیابی کمی تهدیدات انقراض است که الزاماً با مدل‌سازی فرآیند انقراض شروع می‌کند (Clark *et al.*, 1990).

مدل انقراض PVA دو گروه از عوامل را در نظر می‌گیرد: عوامل قطعی و عوامل تصادفی. عوامل قطعی، شامل تهدیدات شناخته شده‌ای (برداشت بیش از حد معمول، تخریب محیط زیست، آلودگی محیط زیست و...) هستند که جمعیت را از میانگین رشد طولانی مدت به کاهش جمعیت سوق می‌دهند. به محض اینکه جمعیت کوچک شد، دینامیک و سرنوشت آن می‌تواند تحت تأثیر

عوامل تصادفی قرار گیرد. حتی اگر عوامل قطعی متوقف شوند، بی ثباتی ناشی از فرآیندهای تصادفی بر جمعیت‌های کوچک تأثیر گذاشته و انقراض جمعیت ممکن می‌شود. در طبیعت بعضی از فرآیندهای تهدیدکننده می‌توانند به هر دو صورت باشند. بعنوان مثال: کشتار تعداد زیادی حیوان یک عامل قطعی و کشتار تعداد کمی حیوان تصادفی است. در PVA، اگر بخش مشخصی از حیوانات کشتار شوند، کشتار بعنوان عامل قطعی وارد مدل می‌شود. در حالیکه، کشتار حیوانات به صورت تکی در طول زمان به عنوان عامل تصادفی وارد مدل می‌شود. کشتار تعداد زیادی از حیوانات یک جمعیت بزرگ بعنوان یک عامل قطعی و کشتار حیوانات کمی از یک جمعیت کوچک بعنوان یک عامل تصادفی در نظر گرفته می‌شوند (Lacy, 1993/94). اهمیت بیش‌تر عوامل قطعی یا تصادفی در PVA بستگی به زیست‌شناسی گونه، اندازه جمعیت، پراکنش جمعیت و تهدیداتی دارد که موجود با آن مواجه است.

هرچند نقش اصلی PVA، ارزیابی احتمال انقراض است، اما روش‌های PVA غالباً بر سایر شاخص‌های جمعیت تمرکز می‌کنند. میانگین و واریانس رشد جمعیت،

تغییرات در پراکنش و اسکان در زیستگاه، کاهش تنوع ژنتیکی و... نیز از جمله شاخص‌هایی هستند که توسط محققین مختلف مورد تجزیه و تحلیل و بررسی قرار گرفته‌اند (Lacy, 1993/94).

روش‌های تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت

Shaffer (۱۹۸۱) چند روش برای تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت پیشنهاد کرد. شاید مناسب‌ترین آنها که برآوردهایی قابل دفاع داشت، مشاهدات تجربی پایداری طولانی مدت تعدادی جمعیت با اندازه‌های مختلف بود. برگر (۱۹۹۰) مثال خوبی برای این روش ارائه کرد. او مشاهده کرد که جمعیت‌های گوسفند Bighorn در کوه‌های غرب ایالات متحده، فقط با جمعیت بالاتر از ۱۰۰ رأس باثبات و پایدار بودند. برای برقراری ارتباط بین مشاهدات و داده‌های تجربی با اندازه‌های جمعیت، زمان و تعداد جمعیت‌های مورد نیاز به خصوص برای جمعیت‌هایی که با انقراض مواجه هستند، عوامل محدودکننده هستند. توسعه مدل‌های تحلیلی فرآیند انقراض که احتمال انقراض را با استفاده از تعداد کمی پارامتر قابل اندازه‌گیری

محاسبه می‌کنند، روشی مناسب‌تر برای تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت بود. مدل مورد استفاده Goodman (۱۹۸۷) در خصوص تغییرات جمعیتی و مدل کلاسیک ژنتیک جمعیت Lande & Barowclough (۱۹۸۷) در مورد کاهش تنوع ژنتیکی در نتیجه‌ی رانش ژنتیکی، نمونه‌های باارزشی از این نوع مدل‌های تحلیلی بودند. هیچکدام از مدل‌های تحلیلی موجود هر سه عامل تصادفی: تغییرات جمعیتی، محیطی و ژنتیکی را دربر نمی‌گرفتند. به علاوه، دارای فرضیات ساده‌ای بودند. فعالیت‌های زیادی لازم است تا مدل‌های کامل و قابل انعطافی در این زمینه توسعه پیدا کنند (Lacy, 1993/94).

روش سوم برای تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت استفاده از مدل‌های شبیه‌سازی رایانه‌ای برای طرح‌ریزی احتمالات توزیع سرنوشت‌های مختلف یک جمعیت است. مدل‌های شبیه‌سازی تعداد زیادی از فرایندهای تهدیدکننده و اثر متقابل آنها را دربر می‌گیرند در صورتی که این فرایندها به صورت الگوریتم‌های کمی و پارامتریک ارائه شوند. حتی اگر عوامل مؤثر بر جمعیت‌های کوچک ذاتاً معین باشند، متوسط سرنوشت جمعیت در طولانی مدت و

واریانس مورد انتظار با استفاده از مدل‌های شبیه‌سازی یارانه‌ای قابل بررسی هستند. این مدل‌ها از نظر تئوری می‌توانند دربرگیرنده تمام اطلاعات جمع‌آوری شده توسط متخصصان از سیستم مورد بررسی باشند، اما در عمل به دلیل عدم اهمیت برخی از عوامل و عدم دسترسی به تمامی اطلاعات ساده‌تر هستند.

اگرچه مدل‌های شبیه‌سازی کامپیوتری می‌توانند پیچیده و سردرگم‌کننده باشند، اما آنها با دقت تعریف شده و فرضیات و الگوریتم‌های آنها می‌توانند مورد آزمایش قرار گیرند. بنابراین، مدل‌ها عینی، قابل آزمایش، قابل نقد و قابل اصلاح هستند. مدل‌های شبیه‌سازی PVA از تمامی داده‌های زیستی موجود استفاده کرده، امکان آزمایش اثرات داده‌های ناشناخته و غیرقطعی را فراهم کرده و مقایسه نتایج محتمل گزینه‌های مختلف مدیریتی را امکانپذیر می‌کنند (Lacy *et al.*, 2014). البته مدل‌های شبیه‌سازی PVA ضعف‌ها و محدودیت‌هایی دارند. یک مدل دینامیک جمعیت، اهداف برنامه حفاظت را تعریف نمی‌کند. اهداف: رشد جمعیت، احتمال حیات، اندازه جمعیت باقی مانده، تنوع ژنتیکی و... باید توسط متخصصان استفاده‌کننده از

مدل تعریف شوند. چون مدل دربرگیرنده عوامل مختلفی است و این عوامل امکان دارد نامحدود باشند. بدیهی است که تعیین عواملی که بیشترین تأثیر را بر دینامیک جمعیت دارند، سخت خواهد شد. مدل‌های PVA لزوماً کامل نیستند. متخصص تنها می‌تواند عوامل شناخته شده‌ای که بصورت پارامتر و فرضیه، طرح می‌شوند را در مدل لحاظ کند. بنابراین، مدل احتمالاً برآورد کمتر از مقدار واقعی از تهدیدات جمعیت ارائه می‌کند. در نهایت مدل‌ها برای پیش‌بینی اثرات طولانی مدت عوامل مؤثر بر جمعیت بکار می‌روند، در حالیکه بسیاری از جنبه‌های مختلف وضعیت موجود می‌تواند در دوره زمانی مورد نظر تغییر کند. بنابراین ارزیابی مجدد داده‌ها و نتایج مدل به صورت دوره‌ای و با توجه به تغییرات مورد نیاز در برنامه‌های حفاظتی ضروری است (Lacy et al., 2014).

سؤالاتی که مدل‌های PVA به آنها پاسخ می‌دهند

در این مبحث به نمونه‌هایی از سؤالات مدیریتی و حفاظتی اشاره می‌شود که مدل‌های تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت می‌توانند به آنها پاسخ دهند (Lacy et al., 2014).

- پس از بکارگیری کامل‌ترین اطلاعات از جمعیت و محل زیست آن، آیا جمعیت با تداوم شرایط موجود به بقای خود ادامه می‌دهد؟

- شاخص‌های حیاتی جمعیت مذکور: متوسط اندازه جمعیت، دامنه تغییرات اندازه جمعیت، نرخ رشد جمعیت و نرخ کاهش تنوع ژنتیکی به چه صورتی است؟

- اگر جمعیت با خطر انقراض روبرو باشد، انقراض در نتیجه متوسط رشد منفی جمعیت یا نوسانات جمعیتی یا اثرات تجمعی هم‌خونی یا ترکیبی از این عوامل است؟

- اگر در مورد خصوصیات زیستی گونه و زیستگاه آن ابهاماتی وجود دارد، جمعیت ممکن است با در نظر گرفتن دامنه‌ای از خصوصیات قابل قبول به حیات خود ادامه دهد؟
- میزان حساسیت دینامیک جمعیت به برآوردهای مختلف از فراسنجه‌های زیستی چگونه است؟

- میزان حیاتی هریک از این فراسنجه‌ها با توجه به تأثیر آنها بر انقراض جمعیت، چقدر است؟

- چه عواملی بیشترین تأثیر را بر عملکرد جمعیت دارند؟
- اگر عوامل تأثیرگذار شناسایی شده‌اند، برای اطمینان از حیات جمعیت چه اقدامات مدیریتی و به چه میزان برای

رفع عوامل با تأثیر منفی لازم است؟

- اثرات حذف افراد از جمعیت چیست؟

- آیا جایگزینی افراد از جمعیت‌های دیگر سودمند است؟

- آیا ارتباط بین زیستگاه‌های جدای از هم بر حیات طولانی

مدت جمعیت مؤثر است؟

تردید در فراسنجه‌های زیستی و نتایج حاصله

تردید در فراسنجه‌های زیستی و نتایج بدست آمده در سطوح مختلف و به دلایل مختلفی رخ می‌دهد. تردیدها می‌توانند به دلیل ناممکن بودن اندازه‌گیری برخی از فراسنجه‌ها در جمعیت، خطای نمونه‌گیری زیاد به دلیل تعداد کم داده، برآوردهای ناهماهنگ حاصل از مطالعات و بررسی‌های مختلف و جداگانه در مقاطع زمانی مختلف، تغییر در شرایط محیطی و وضعیت جمعیت در طول زمان اندازه‌گیری و بررسی، جمع‌آوری اطلاعات در دوره‌های زمانی کوتاه نامتناسب با میانگین‌های طولانی مدت جمعیت، عدم پیش‌بینی صحیح اطلاعات گذشته از آینده به دلیل تغییر در محیط و... اتفاق بیفتند (Lacy *et al.*, 2014).

تجزیه و تحلیل حساسیت^۱ (ST) فراسنجه‌هایی که در مورد آنها تردید وجود دارد، می‌تواند به محقق کمک کند. اگر استفاده از فراسنجه‌های جایگزین، نتیجه‌ای متفاوت دربر داشت، امکان حل تردید با جمع‌آوری و بکارگیری داده‌های بهتر وجود دارد. تجزیه و تحلیل حساسیت برخی از فراسنجه‌ها همچنین می‌تواند نشان دهد که فراسنجه‌های مورد بررسی، تعیین‌کننده‌های کلیدی بقاء جمعیت هستند یا خیر؟ بدین ترتیب عوامل مرتبط با آن فراسنجه‌ها در عملیات مدیریتی حفاظت می‌توانند مورد توجه قرار گیرند. باید توجه داشت که برخی از تردیدها قابل رفع و برخی دیگر با توجه به ماهیت کار همچنان باقی خواهند ماند. گاهی اوقات لازم است فعالیت‌ها یا مداخله‌هایی بعنوان استراتژی مدیریتی صورت گیرد. امکان اثرگذاری چنین گزینه‌های مدیریتی با بکارگیری سناریوهای مختلف قابل آزمایش و بررسی هستند. تصمیم‌های حفاظتی و مدیریتی باید بر اساس قابل قبول‌ترین فرضیات در خصوص وضعیت جمعیت قبل از جمع‌آوری داده‌های کافی و مناسب برای آزمایش فرضیات انجام بگیرد. یکی از مزیت‌های مدل

1- sensitivity testing

PVA، توجه و توصیف سیستماتیک فرضیاتی است که باید در غیاب داده‌های کافی ساخته شوند. این موضوع امکان ارزیابی مجدد و اصلاح دقیق را به محض دسترسی به داده‌های بهتر میسر می‌کند.

نرم‌افزار شبیه سازی Vortex

برنامه نرم‌افزاری Vortex اثرات نیروهای قطعی و عوامل تصادفی را بر روی جمعیت‌های حیوانی شبیه‌سازی می‌کند. این عوامل می‌توانند همچون گردبادی جمعیت را از بین ببرند به همین دلیل نام نرم‌افزار، Vortex گذاشته شده است (تصویر ۱). این نرم‌افزار دینامیک جمعیت را به صورت وقایعی متوالی و جداگانه منطبق بر فراوانی‌های تعریف شده شبیه‌سازی می‌کند. Vortex جمعیت را مرحله به مرحله در طول یکسری از وقایع که در چرخه سالانه یک موجود دیپلوئید با تولیدمثل جنسی اتفاق می‌افتد: انتخاب جفت، تولیدمثل، مرگ و میر، افزایش سالانه سن، مهاجرت بین جمعیت‌ها، حذف، جایگزینی، کاهش به نسبت ظرفیت حیاتی جمعیت (اگر لازم باشد) شبیه‌سازی می‌کند. اگرچه نرم‌افزار وقایع زندگی را بر اساس چرخه یکساله زندگی

شبیه‌سازی می‌کند، اما کاربر می‌تواند طول دوره تولیدی را کمتر یا بیشتر از ۱۲ ماه در نظر بگیرد. چون کاهش یا افزایش جمعیت شبیه‌سازی شده به مقدار قابل ملاحظه‌ای تحت تأثیر عوامل تصادفی قرار می‌گیرد، اجراهای جداگانه با استفاده از فراسنجه‌های زیستی مشابه نتایج مختلفی را ایجاد می‌کنند. در نتیجه مدل شبیه‌سازی به دفعات تکرار می‌شود تا توزیعی از سرنوشت‌های مختلف جمعیت را بر اساس شرایط تعریف شده نمایش دهد (Lacy & Pollak, 2021).

Vortex مدلی بر پایه فرد است. این برنامه در حافظه خود، فرد را ایجاد کرده و سرنوشت آن را در طول هر سال از دوره‌ی زندگی‌اش پیگیری می‌کند. به هر فرد جنسیت، سن و والدینی اختصاص می‌دهد. وقایع جمعیتی (تولد، تعیین جنسیت، جفت‌گیری، انتقال بین جمعیت‌ها و مرگ و میر) برای هر حیوان در هر سال از شبیه‌سازی در صورت وقوع به صورت مدل درمی‌آیند. نرم‌افزار سه روش برای تعریف معیار انقراض دارد: ۱- حد نهایی انقراض بیولوژیک یعنی باقیماندن یکی از دو جنس یا یک رأس دام در جمعیت ۲- حد بحرانی اندازه‌ی جمعیت که تحت عنوان شبه انقراض معرفی شده است. ۳- هر نوع کاهش تعریف شده اندازه جمعیت.

Vortex 10

A stochastic simulation of the extinction process

Version 10.6.0.0



[Begin a New Project](#)

Open a Project: [Existing](#) | [Recent](#)

[Quit](#)

تصویر ۱- صفحه ابتدایی نسخه دهم نرم افزار Vortex

Vortex به تعداد زیادی داده‌های جمعیتی نیاز دارد. بعنوان مثال فراوانی وقوع هریک از وقایع ناگوار و نامطلوب (C) (شیوع بیماری‌های اپیدمیک، خشکسالی، طوفان و...) در هر سال از شبیه‌سازی و اثرات آنها بر زنده ماندن و تولیدمثل جمعیت در همان سال باید مشخص شوند. میزان مهاجرت بین جمعیت‌هایی که در زیستگاه‌های جداگانه هستند باید مشخص شوند. این نرم‌افزار نیاز دارد تعداد زیادی از فراسنجه‌های زیستی همچون: نرخ‌های زایش و مرگ و میر، طول عمر، نسبت مولدهای نر به ماده و ...

برای آن تعریف شوند. بنابراین مدل خوبی برای ارزیابی دینامیک جمعیتی که اطلاعات کمی از آن در دسترس بوده و ابهاماتی داشته باشد، نیست.

جهت بررسی تغییرات ژنتیکی، نرم افزار Vortex ابتدای شبیه سازی به هر فرد در جمعیت پایه ۲ آلل منحصر بفرد در هر جایگاه ژنی اختصاص می دهد. هر کدام از نتایج بطور تصادفی یکی از دو آلل هریک از والدین در هر جایگاه ژنی را دریافت می کنند. نرم افزار در حالت عادی انتقال آلل را در ۱۰ جایگاه ژنی که ممکن است واجد آللهای کشنده باشند و همچنین یک جایگاه خنثی^۱ (بدون هیچ اثری بر روی نتایج همخون) شبیه سازی می کند (Miller & Lacy, ۲۰۰۵).

مدل سازی تغییر تصادفی در فراسنجه های جمعیتی

Vortex تغییر تصادفی در فراسنجه های جمعیتی (DS) را با تعیین احتمال وقوع: زایش، تعداد نوزادان متولد شده در هر زایش^۲، تعیین جنسیت و مرگ و میر و با تشکیل تعداد تصادفی از مولدها به صورت مدل درمی آورد. برای هر واقعه در زندگی، اگر مقدار تصادفی نمونه گیری شده

1-neutral genetic Locus

2-litter size

از توزیع تعریف شده بیشتر از احتمال تعیین شده باشد،
واقعه اتفاق افتاده و به وسیله‌ی فرآیند بینومیال شبیه‌سازی
می‌شود. بنابراین تغییر تصادفی در فراسنجه‌های جمعیتی
نتیجه‌ی عدم قطعیت در بروز واقعه برای هر حیوان است
(Lacy et al., 2014).

مدل‌سازی تغییرات محیطی

Vortex تغییرات سالانه در نرخ‌های تولد، مرگ و
میر و ظرفیت حیاتی جمعیت را که ممکن است به دلیل
تغییرات محیطی (EV) بوجود بیایند، می‌تواند به صورت
مدل درآورد. برای این کار به هر فراسنجه جمعیتی توزیعی
بر اساس میانگین و انحراف معیار تعیین شده توسط کاربر
اختصاص داده می‌شود. تغییرات سالانه احتمالات تولیدمثل
و مرگ و میر به صورت توزیع‌های بینومیال شبیه‌سازی
می‌شوند. تغییرات محیطی در ظرفیت حیاتی نیز به صورت
توزیع نرمال شبیه‌سازی می‌شوند. تغییرات محیطی در
نرخ‌های جمعیتی ممکن است در بین جمعیت‌ها به صورت
همبسته باشد (Lacy et al., 2014).

مدل سازی حوادث نامطلوب

حوادث ناگوار و نامطلوب (C) در Vortex به صورت وقایع تصادفی با احتمالات تعریف شده به صورت مدل درمی آیند. یک حادثه اتفاق می افتد اگر عدد تصادفی ایجاد شده (بین صفر و یک) کمتر از احتمال وقوع باشد. به دنبال بروز حادثه، شانس زنده مانگی و تولیدمثل موفق در هر سال شبیه سازی در ضرایب شدت^۱ ضرب می شوند. بعنوان مثال: اگر آتش سوزی جنگل در هر ۵۰ سال یکبار اتفاق بیفتد و باعث کشته شدن ۲۵٪ از حیوانات و کاهش ۵۰ درصدی تولیدمثل شود، چنین حادثه ای به صورت واقعه ای تصادفی با فراوانی وقوع ۰/۰۲ در هر سال و ضرایب شدت ۰/۷۵ برای زنده مانگی و ۰/۵ برای تولیدمثل به صورت مدل درمی آید (Lacy et al., 2014).

مدل سازی فرایندهای ژنتیکی

Vortex کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت را از طریق شبیه سازی انتقال آلل ها از والدین به نتاج در یک جایگاه ژنی خنثی^۲ (انتخاب نشده) و فرضی به صورت مدل درمی آورد.

1- severity factors

2- neutral genetic locus

به هر حیوان در آغاز شبیه‌سازی دو آلل منحصر به فرد اختصاص داده می‌شود. هر فرزند ایجاد شده در طی شبیه‌سازی، یکی از آلل‌ها را از هر والد به صورت تصادفی دریافت می‌کند. نرم‌افزار تعداد آلل‌های باقیمانده در جمعیت، متوسط هتروزیگوسیتی مورد انتظار یا تنوع ژنتیکی را نسبت به مقادیر اولیه می‌سنجد. نرم‌افزار ضرایب همخوانی هر حیوان و کاهش تولیدمثل و زنده‌مانی حیوانات در سال اول زندگی آنها را نیز برای طرح ریزی پس روی ناشی از همخوانی^۱ محاسبه می‌کند (Lacy et al., 2014).

مدل‌سازی سیستم تولیدمثل

Vortex سیستم‌های جفت‌گیری تک همسره^۲ و چند همسره^۳ را به صورت مدل درمی‌آورد. در سیستم تک همسره کمیابی نسبی نرهای مولد ممکن است تولیدمثل ماده‌ها را با محدودیت مواجه کند. در مدل‌های تک یا چند همسره کاربر می‌تواند نسبت نرهای بالغ مولد را تعیین کند. نرها در هر سال شبیه‌سازی به صورت تصادفی به گروه نرهای مولّد اختصاص داده می‌شوند و تمامی

1- inbreeding depression

2- monogamous

3- polygamous

آنها شانس مساوی برای تلاقی با ماده‌های مولد دارند (Lacy et al., 2014).

مدل سازی فرایندهای قطعی

قبل از شبیه سازی اثرات عوامل تصادفی، Vortex با استفاده از یک تجزیه و تحلیل حیاتی استاندارد^۱ (Krebs, 1994) میانگین نرخ رشد قطعی جمعیت را محاسبه می کند. در این نوع تجزیه و تحلیل فرض می شود که میزان تولد و مرگ و میر برای هر گروه سنی در طول زمان ثابت و محدودیتی برای تلاقی ها وجود ندارد. Vortex چند عامل قطعی را علاوه بر میانگین نرخ های تولد و مرگ و میر گروه های سنی مختلف دربر می گیرد (Lacy et al., 2014). اثر تراکم جمعیت^۲ بر مرگ و میر با مشخص شدن ظرفیت حیاتی زیستگاه به صورت مدل درمی آید. اگر اندازه جمعیت بیشتر از ظرفیت حیاتی زیستگاه شود، مرگ و میر اضافی گروه های مختلف سنی اعمال شده و اندازه جمعیت به ظرفیت حیاتی زیستگاه می رسد. هر حیوان در جمعیت از بخت یکسانی با سایرین

1- standard life table analysis

2- density dependence

برای حذف به این روش برخورددار است. ظرفیت حیاتی می‌تواند برای طرح ریزی کاهش یا افزایش در مقدار یا کیفیت زیستگاه در طول زمان تعریف شود. اثر تراکم جمعیت بر تولیدمثل با تعریف نسبتی از ماده‌های مولد بالغ در هر سال به صورت تابعی از اندازه جمعیت، به صورت مدل درمی‌آید. پیش فرض رابطه بین تراکم و تولیدمثل امکان دخالت دادن اثرات آلی^۱ و یا کاهش تولیدمثل در تراکم‌های بالا را فراهم می‌کند. توضیحات تکمیلی در خصوص اثر وابستگی تولید مثل به اندازه و تراکم جمعیت در ضمائم گزارش ارائه شده است.

برداشت یا جایگزینی در هر تعداد سال در جمعیت می‌تواند شبیه‌سازی شود. برداشت ممکن است حذف حیوانات برای انتقال به جمعیت‌های دیگر در حیات وحش و یا به قصد فروش در جمعیت‌های دامی باشد. تعداد حیوانات برداشت شده یا جایگزین بر اساس سن و جنس حیوانات می‌تواند تعریف می‌شود.

مدل سازی پس روی ناشی از همخونی

پس روی ناشی از همخونی به صورت کاهش تولیدمثل و زندهمانی حیوانات در طول سال اول زندگی آنها در نسخه جدید نرم افزار به صورت مدل درمی آید (Lacy *et al.*, 2014). نسخه های قبلی برنامه به بررسی پس روی ناشی از همخونی صرفاً به صورت کاهش زندهمانی حیوانات در طول سال اول زندگی آنها می پرداختند. شدت پس روی ناشی از همخونی معمولاً به وسیله تعداد معادل های کشنده^۱ در یک جمعیت اندازه گیری می شود (Morton *et al.*, 1956).

Vortex کل اثر همخونی (کل معادل های کشنده) را به اثر ناشی از آلل های کشنده مغلوب و اثر ناشی از جایگاه های ژنی که دارای مزیت هتروزیگوت^۲ هستند، تقسیم می کند. هر فرد سازنده جمعیت پایه برای طرح ریزی اثرات آلل های کشنده، یک آلل کشنده مغلوب منحصر به فرد و یک آلل غیر کشنده غالب در یک تاده جایگاه ژنی دریافت می کند. افراد هموزیگوس برای آلل های کشنده تدریجاً از طریق انتخاب طبیعی در طول نسل های شبیه سازی کشته شده و از بین

1- lethal equivalents

2- heterozygote advantage

می‌روند. این موضوع احتمال هموزیگوس شدن افراد همخون برای هر آلل کشنده را در نسل‌های بعدی کاهش می‌دهد. مزیت هتروزیگوت با مشخص شدن زنده‌مانی حیواناتی که در سال اول زندگی خود بوده و با هم‌خونی مرتبط هستند بر اساس مدل لگاریتمی زیر طرح‌ریزی می‌شود.

$$\ln(s) = A - BF \quad \text{معادله (۱)}$$

در مدل بالا، S زنده‌مانی، F ضریب همخونی، A لگاریتم زنده‌مانی در غیاب همخونی و B سهم معادل‌های کشنده در ژنوم هاپلوئید است که مربوط به مزیت هتروزیگوت است. برخلاف حالتی که هر دو آلل مغلوب و زیانبار هستند، انتخاب طبیعی نمی‌تواند آلل‌های زیانبار را در جایگاه‌های هتروزیگوت که شایستگی بالاتری از جایگاه‌های هموزیگوت دارند، حذف کند. آلل‌های زیانبار در حالت هموزیگوت زیانبار و در حالت هتروزیگوت در ترکیب با سایر آلل‌ها سودمند هستند. بنابراین با وجود مزیت هتروزیگوت، اثر همخونی بر زنده‌مانی در طی نسل‌های متوالی همخونی، کاهش نمی‌یابد.

با چشم‌پوشی از اثرات ژنتیکی، PVA برآوردی بیشتر از واقعیت از حیات جمعیت‌های کوچک ارائه می‌دهد. بنابراین با کوچک‌تر شدن جمعیت‌ها در نظر گرفتن پس روی ناشی از همخوانی لازم به نظر می‌رسد. برای اینکه نرم‌افزار این پدیده را طرح‌ریزی کند باید معادل‌های کشنده و مقداری از کل پس روی ناشی از همخوانی که مربوط به آلل‌های کشنده است مشخص گردد. در نسخه‌های قبلی Vortex، بر اساس پژوهشی (Ralls et al., 1988) که بر روی ۴۰ جمعیت از پستانداران صورت گرفته بود معادل کشنده‌ی ۳/۱۴ پیش فرض برنامه بود. مقادیر کم‌تر و بیش‌تر از این مقدار در حالات مختلف نیز مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در نسخه جدید (نسخه دهم) نرم‌افزار چون علاوه بر زنده مانی در سال اول زندگی حیوانات، اثر همخوانی بر باروری نیز اهمیت دارد با توجه به پژوهش جدیدتر از معادل کشنده‌ی ۶/۲۹ بعنوان پیش فرض استفاده می‌شود (O Grady et al., ۲۰۰۶). در چند گونه که پس روی ناشی از همخوانی به دقت بررسی شده‌اند، حدود ۵۰٪ از اثرات همخوانی مربوط به آلل‌های کشنده مغلوب و ۵۰٪ دیگر مربوط به مزیت هتروزیگوت و یا سایر ساز و

کارهای ژنتیکی بوده که توسط انتخاب طبیعی در طول نسل‌های متوالی کاهش نمی‌یابد. البته سهم از کل اثرات هم‌خونی اساساً می‌تواند در بین جمعیت‌ها متفاوت باشد (Lacy & Ballou, 1998).

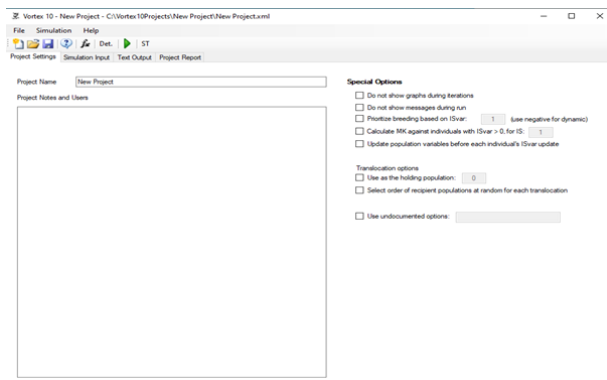
توضیحات بیشتر در مورد نحوه اندازه‌گیری پس روی ناشی از هم‌خونی در بخش ضمایم ارائه شده‌اند.

ورودی‌های اصلی برنامه

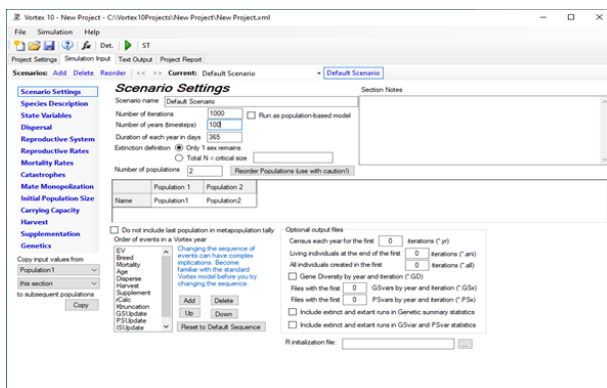
برنامه Vortex شامل دو بخش اصلی ورودی‌ها و خروجی‌های برنامه است. قبل شروع برنامه، اطلاعات کلی پروژه مدنظر در بخش تنظیم پروژه وارد می‌شود (تصویر ۲).
تعریف سناریو: در این بخش عنوان سناریو، تعداد تکرارهای برنامه، تعداد سال‌های اجرای برنامه، طول هر سال (به روز)، تعریف انقراض و ترتیب بروز وقایع در هر سال مشخص می‌شوند (تصویر ۳).

تعریف گونه: در این بخش به سؤالاتی در خصوص جنبه‌هایی از دینامیک جمعیت مورد بررسی از جمله: پس روی ناشی از هم‌خونی، معادل‌های کشنده، سهم معادل‌های کشنده، همبستگی محیطی بین تولیدمثل

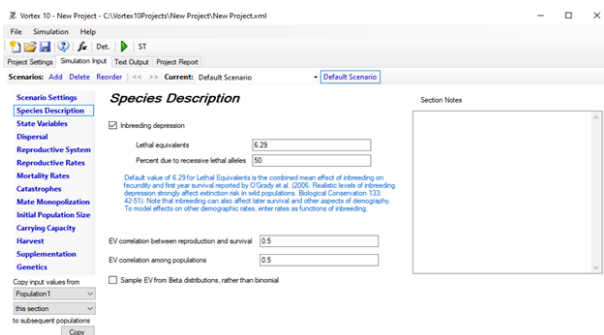
و بقاء و همبستگی محیطی بین جمعیت‌ها پاسخ داده می‌شود (تصویر ۴).



تصویر ۲- صفحه تنظیم پروژه برای ورود اطلاعات کلی پروژه



تصویر ۳- صفحه تعریف سناریو

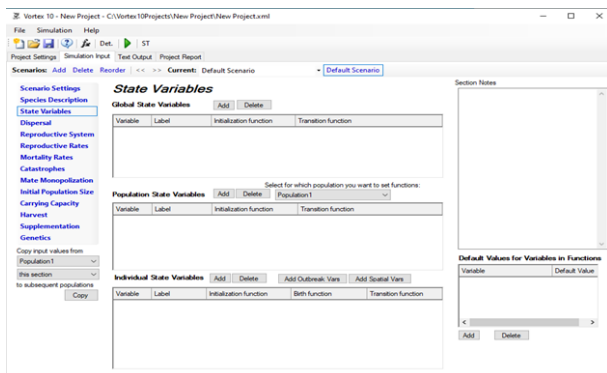


تصویر ۴- صفحه تعریف گونه

متغیرهای توصیفی: در این بخش هر تعداد از متغیرهای توصیف کننده فرد، جمعیت یا کل جامعه که لازم باشد، ایجاد می شود. ایجاد این متغیرها اگر سایر مقادیر ورودی تابعی از متغیرهای توصیف کننده باشند و یا متغیرهای توصیف کننده بر اساس مقادیر ورودی تعریف شوند، مورد استفاده قرار می گیرد. متغیرهای توصیفی انعطاف و قدرت توابع داده های ورودی را افزایش داده و امکان ایجاد خروجی های جدید را در برنامه فراهم می کنند (تصویر ۵).

انتقال بین جمعیت های مختلف: در این بخش دامنه سنی، جنس، زنده ماننی و نرخ جابجایی حیوانات بین جمعیت های مختلف مشخص می گردد (تصویر ۶).

سیستم تولیدمثل: در این بخش سیستم تولیدمثل (تک همسر، چند همسر، هر مافرودیک، تک همسر، طولانی مدت، چند همسر، طولانی مدت)، سن والدین در زمان تولد اولین نتاج آنها، حداکثر دوره زندگی، حداکثر سن تولیدمثل ماده ها، حداکثر سن تولیدمثل نرها، نسبت جنسیتی، حداکثر دوره های زایش در هر سال، حداکثر تعداد نتاج در هر زایش و اثر تراکم جمعیت بر تولیدمثل مشخص می شوند (تصویر ۷).



تصویر ۵- صفحه ورود متغیرهای توصیفی

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادمای در معرض خطر دام و طیور

Dispersal Among Populations

Dispersing classes: Age range: Youngest: 1 Oldest: 5

Dispersing sex(es): ☒ Males ☒ Females

% Survival of dispersers: 50

Dispersal modifier function (optional):

☐ Don't allow dispersal into saturated populations

☐ Use Dispersal to move a fixed number of individuals, rather than a percent

Input Rate Matrix: Apply multiplier of: 2.0

Export Rate Matrix: Fill matrix with: 1.0

	Population1	Population2
Population1	100	0
Population2	0	100

تصویر ۶. صفحه انتقال بین جمعیت‌های مختلف

Reproductive System

☐ Monogamous ☒ Polygynous ☐ Hemaphroditic ☐ Long-term monogamy ☐ Long-term polygyny

(Note that "long-term" pairs can be separated under conditions entered in the Genetics input section.)

Age of first offspring females: 2 Maximum age of female reproduction: 10

Age of first offspring males: 2 Maximum age of male reproduction: 10

Maximum lifespan: 10

Maximum number of broods per year: 1

Maximum number of progeny per brood: 2

Sex ratio at birth - in % males: 50

☐ Male offspring dependent on their dam for: 0 years (S1 will be used to track the number of dependent offspring.)

	Population1	Population2
Density dependent reproduction	☐	☐
% Breeding at low density, P(L)	50	50
% Breeding at carrying capacity, P(K)	25	25
Allee parameter, A	1	1
Steepness parameter, B	2	2

تصویر ۷- صفحه تعریف سیستم تولیدمثل

نرخ‌های تولیدمثلی: در این بخش درصد ماده‌های مولد بالغ، توزیع دوره‌های زایش در هر سال و توزیع تعداد نتاج در هر زایش به سیستم معرفی می‌شوند (تصویر ۸).

نرخ‌های مرگ و میر: در این بخش میزان و پراکندگی مرگ و میر ماده‌ها و نرها به تفکیک در سنین مختلف

(بین صفر و یک، یک و دو و دو سال به بالا) مشخص می‌شوند (تصویر ۹).

حوادث ناگوار و نامطلوب: در این بخش به تفکیک، فراوانی وقوع هر حادثه و شدت اثر آن بر زنده مانده و تولیدمثل مشخص می‌شوند (تصویر ۱۰).

استفاده از نرها در جفت‌گیری: میزان مشارکت نرها در تولیدمثل با تعیین یکی از گزینه‌های: درصد نرهای مولد، درصد نرهایی که موفق به تلاقی شده‌اند و متوسط تعداد تلاقی‌های موفق مشخص می‌شود (تصویر ۱۱).

جمعیت ابتدایی: در این بخش جمعیت ابتدایی و توزیع سنی جمعیت به تفکیک جنس‌های مختلف مشخص می‌شوند (تصویر ۱۲).

تصویر ۸. صفحه تعریف نرخ‌های تولیدمثلی

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادهای در معرض خطر دام و طیور

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Text Output Project Report

Scenarios: Add Delete Recorder | < > >> Current: Default Scenario

Scenario Settings

Species Description

State Variables

Dispersal

Reproductive System

Reproductive Rates

Mortality Rates

Catastrophes

Mate Monopolization

Initial Population Size

Carrying Capacity

Harvest

Supplementation

Genetics

Copy input values from

Population1

to subsequent populations

Copy

Mortality Rates

Mortality of females as %

	Population1	Population2
Mortality from age 0 to 1	50	50
SD in 0 to 1 mortality due to EV	10	10
Mortality from age 1 to 2	10	10
SD in 1 to 2 mortality due to EV	3	3
Annual mortality after age 2	10	10
SD in mortality after age 2	3	3

Mortality of males as %

Copy values from females

	Population1	Population2
Mortality from age 0 to 1	50	50
SD in 0 to 1 mortality due to EV	10	10
Mortality from age 1 to 2	10	10
SD in 1 to 2 mortality due to EV	3	3
Annual mortality after age 2	10	10
SD in mortality after age 2	3	3

☐ Delay 1st year mortality until all annual mortality is done (rather than in Breed)

By default, in individual-based models, Vortex applies 1st year mortality to each brood as the brood is created in the Breed event. This allows the simulation to run much faster and use less RAM. You can select this option to have 1st year mortality applied instead during the Mortality event.

تصویر ۹- صفحه تعریف نرخ‌های مرگ و میر

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Text Output Project Report

Scenarios: Add Delete Recorder | < > >> Current: Default Scenario

Scenario Settings

Species Description

State Variables

Dispersal

Reproductive System

Reproductive Rates

Mortality Rates

Catastrophes

Mate Monopolization

Initial Population Size

Carrying Capacity

Harvest

Supplementation

Genetics

Copy input values from

Population1

to subsequent populations

Copy

Catastrophes

Number of types of catastrophes: 2

Select for which catastrophe you want to set rates:

Catastrophe1

Catastrophe Label: Catastrophe1

Frequency and extent of occurrence

	Population1	Population2
Local	☒	☒
Frequency %	1	1

Severity (proportion of normal values)

	Population1	Population2
Reproduction	1	1
Survival	1	1

The frequency and severity of catastrophes can be difficult to estimate. The review by Reed et al. (2003). Annual Conservation 6:109-116 indicates that severe die-offs (50% or greater decrease in population size) of vertebrate populations occur at a frequency of approximately 14% per generation.

تصویر ۱۰- صفحه تعریف حوادث ناگوار و نامطلوب

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Text Output Project Report

Scenarios: Add Delete Recorder | < > >> Current: Default Scenario

Scenario Settings

Species Description

State Variables

Dispersal

Reproductive System

Reproductive Rates

Mortality Rates

Catastrophes

Mate Monopolization

Initial Population Size

Carrying Capacity

Harvest

Supplementation

Genetics

Copy input values from

Population1

to subsequent populations

Copy

Mate Monopolization

Degree of monopolization of breeding opportunities

	Population1	Population2
% Males in breeding pool	100	100

Calculate from % males siring offspring | Calculate from # mates / successful sire

The percent of adult males in the pool of potential breeders can be entered directly, or you can use the buttons below the table to have Vortex calculate it for you from either the % of males that successfully are offspring (which will generally be greater than the percent in the breeding pool, because some are unlucky) or from the average number of females with which successful males are mated. Vortex makes these calculations based on the assumption that mating success by males is distributed according to a Poisson distribution.

تصویر ۱۱- صفحه تعریف استفاده از نرها در جفت‌گیری

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادمای در معرض خطر دام و طیور

Initial Population Size

Note: Stable age distribution may not be meaningful if some demographic rates are functions of other parameters.
Also, initial population can be replaced by stubbook population imported from a file.

☒ Use stable age distribution ☐ Use specified age distribution ☐ Enter proportional values for age distribution

	Population1	Population2
Initial Population Size	50	50

Female age distribution

	Population1	Population2
Age 1	5	5
Age 2	5	5
Age 3	3	3
Age 4	3	3
Age 5	3	3
Age 6	2	2
Age 7	1	1
Age 8	1	1
Age 9	1	1
Age 10	1	1

Male age distribution

	Population1	Population2
Age 1	5	5
Age 2	5	5
Age 3	3	3
Age 4	3	3
Age 5	3	3
Age 6	2	2
Age 7	1	1
Age 8	1	1
Age 9	1	1
Age 10	1	1

تصویر ۱۲- صفحه تعریف جمعیت ابتدایی در شروع سناریو

ظرفیت حیاتی: در این بخش ظرفیت حیاتی جمعیت و انحراف معیار آن همچنین گرایشات آینده آن (درصد افزایش یا کاهش در سال‌های آتی به تفکیک هر سال) تعریف می‌شوند (تصویر ۱۳). توضیحات تکمیلی در خصوص ظرفیت حیاتی جمعیت در ضmann گزارش ارائه شده است.

برداشت و جایگزینی: در این بخش برداشت و جایگزینی افراد در سال‌های مختلف، فاصله بین برداشتها و جایگزینی‌ها و تعداد (یا درصد) نرها و ماده‌ها از گروه‌های سنی مختلف که برداشت یا جایگزین می‌شوند به برنامه معرفی می‌شوند (تصاویر ۱۴ و ۱۵).

مدیریت ژنتیکی: در این بخش امکان انتخاب جمعیت‌هایی برای مدیریت ژنتیکی، انتخاب معیار برای مدیریت ژنتیکی، اجازه تولیدمثل به جمعیت تا رسیدن به ظرفیت حیاتی خود، جلوگیری از تلاقی خویشاوندان با ضریب خویشاوندی مشخص، آغاز شبیه‌سازی با جمعیت‌های همخون، اجازه تلاقی به افراد با ضریب خویشاوندی مشخص، تعیین حداکثر تلاقی‌ها، تعیین دفعات تلاقی یک نر مشخص و تعیین معیار برای ماندن جفت‌ها فراهم است (تصویر ۱۶).

Carrying Capacity

	Population1	Population2
Carrying Capacity (K)	100	100
SD in K due to EV	0	0

EV in K can be a tricky concept, because K is usually defined as the population size that can be sustained in the habitat over the long term. You can use it to impose fluctuations in habitat quality or extent, but be careful not to double-count EV that is affecting mortality.

	Population1	Population2
Future change in K?	☐	☐
Over how many years?	5	5
% Annual increase or decrease	-10	-10

☐ Implement K based on a list on some population variable other than N
Population variable to be tested against K:

☐ During K truncation, remove only individuals meeting criteria:

☐ Prioritize K truncation based on ISvar: (use negative for dynamic; 0 for none)

Caution: If you define K as a list on something other than N, that will have implications for any functions which use K.

Caution: Prioritized K truncation can be very slow, especially if dynamic.

Copy input values from:
this section
to subsequent populations

تصویر ۱۳- صفحه تعریف ظرفیت حیاتی جمعیت

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نژادمای در معرض خطر دام و طیور

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Test Output Project Report

Scenario: Add Delete Recorder << >> Current: Default Scenario Default Scenario

Harvest

☐ Implement as Translocation? Percent survival during Translocation: 100

☐ Use "Harvest" to set to 0 (Surv): 0

	Population1	Population2
Population harvested?	☐	☐
First year of harvest	0	0
Last year of harvest	0	0
Interval between harvests	0	0
Optional criteria for harvest	1	1
Optional criteria for individuals	1	1

Number of females of each age to be harvested

	Population1	Population2
Harvest from age 1 to 2	0	0
Harvest from after age 2	0	0

Number of males of each age to be harvested

	Population1	Population2
Harvest from age 1 to 2	0	0
Harvest from after age 2	0	0

Section Notes

تصویر ۱۴. صفحه تعریف برداشت، حذف یا فروش جمعیت

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Test Output Project Report

Scenario: Add Delete Recorder << >> Current: Default Scenario Default Scenario

Supplementation

☐ Implement as Translocation? Percent survival after Translocation: 100

Optional criteria for individuals to be released

	Population1	Population2
Population supplemented?	☐	☐
First year of supplement	0	0
Last year of supplement	0	0
Interval between supplements	0	0
Optional criteria for supplements	0	0

Number of females of each age to be supplemented

	Population1	Population2
Supplement from age 1 to 2	0	0
Supplement from after age 2	0	0

Number of males of each age to be supplemented

	Population1	Population2
Supplement from age 1 to 2	0	0
Supplement from after age 2	0	0

Section Notes

تصویر ۱۵. صفحه تعریف جایگزینی جمعیت

Vortex 10 - New Project - C:\Vortex10\Projects\New Project\New Project.xml

File Simulation Help

Project Settings Simulation Input Test Output Project Report

Scenario: Add Delete Recorder << >> Current: Default Scenario Default Scenario

Genetics

☐ Read initial population(s) from stubbook file: ☐ Append initial population to the stubbook, rather than replacing initial N

Number of neutral nuclear loci to be modeled: 1

☐ Locus 1 only ☐ Additional loci only ☐ All loci

Number of loci to be subject to mutation: 0 with a rate of 0

☐ Read initial allele frequencies from file: ☐ Use specified allele frequencies to set starting kinships

☐ Read metapopulation structure (kinships) from file:

Genetic Management

Select a population to manage: Population1 Apply to All Populations

☐ Optimize Criteria for Genetic Management of population

☐ Breed to maintain the population at K

☐ Pair according to mean kinships ☐ Use a dynamic MK list ☐ Use a static MK list

The following options can model either management by humans, or natural breeding constraints:

☐ Prevent matings with kinships (inbreeding) greater than: 1

Start population with all inbreeding and kinships set to: 0

Maximum number of female mates (blank or 0 for no limit):

(Optional) Criteria for acceptable mates

Number of times to try to find a mate: 10

(Optional) Criteria for separating a long-term pair: Store number tried in 15var: 0

Genetic Output

☐ Produce a file in GenePop format at the end of each iteration

☐ Calculate gene diversity (expected heterozygosity) from kinships rather than allele frequencies

☐ Produce a file of allele frequencies and probabilities of persistence

☐ Calculate genetic distances based on kinships, as well as allele frequencies

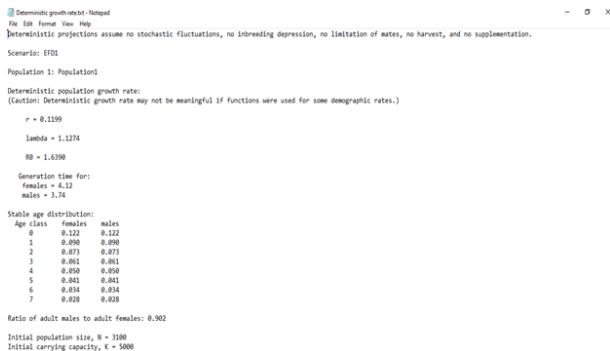
Section Notes

تصویر ۱۶. صفحه مدیریت ژنتیکی



خروجی های اصلی برنامه

میانگین نرخ رشد قطعی^۱: چنانچه گفته شد، Vortex قبل از دخالت دادن وقایع تصادفی با اجرای یک تجزیه و تحلیل حیاتی استاندارد میانگین نرخ رشد قطعی جمعیت را برآورد می کند (تصویر ۱۷). این محاسبات میانگین های طولانی مدتی را در غیاب و حضور حداقلی تغییرات تصادفی (نوسانات جمعیتی، تغییرات محیطی، حادثه های ناگوار و اثرات همخونی) ارائه می دهند. اگر اثر عوامل تصادفی حداقل باشد، برآورد بلند مدت رشد جمعیت بیشتر از مقدار واقعی خواهد بود.



تصویر ۱۷. نمونه ای از خروجی برنامه برای برآورد نرخ رشد قطعی

1- deterministic mean growth rate

میانگین نرخ رشد تصادفی^۱: Vortex بعد از دخالت دادن وقایع تصادفی میانگین نرخ رشد تصادفی یا همان نرخ رشد جمعیت را در هر سال از شبیه سازی و در پایان آن (تصویر ۱۸) برآورد می کند. نرم افزار نرخ رشد را به صورت نرخ رشد نمایی^۲ به جای نرخ رشد حسابی^۳ گزارش می دهد چون میانگین نرخ رشد در طول زمان معادل نرخ رشد طولانی مدت است. اگر در سال صفر اندازه جمعیت ۸۰ و در سال اول اندازه جمعیت ۱۲۰ باشد،

آنگاه :

$$r = \ln (80/120) = 405/0$$

-
- 1- stochastic mean growth rate
 - 2- exponential growth rate
 - 3- arithmetic growth rate

OUT PUT RESULTS.txt - Notepad
File Edit Format View Help

In 500 simulations of GFD3-60 for 60 years:
484 went extinct and 16 survived.

This gives a probability of extinction of 0.96800 (0.00787 SE),
or a probability of success of 0.03200 (0.00787 SE).

484 simulations went extinct at least once.
Median time to first extinction was 51 years.

Of those going extinct,
mean time to first extinction was 51.08 years (0.20 SE, 4.47 SD).

Means across all populations (extant and extinct) ...
Mean final population was 0.24 (0.04 SE; 0.97 SD).

Age 0	1	Adults	Total
0.00	0.02	0.11	0.13 Males
0.00	0.02	0.09	0.10 Females

Means across extant populations only ...
Mean final N for extant populations was 4.75 (0.48 SE; 1.91 SD).

Age 0	1	Adults	Total
0.00	0.69	3.50	4.19 Males
0.00	0.50	2.69	3.19 Females

During 25197 simulation-years of harvest and/or supplementation
mean growth rate (r) was -0.1715 (0.0008 SE, 0.1340 SD)

Across all years, prior to carrying capacity truncation,
mean growth rate (r) was -0.1715 (0.0008 SE, 0.1340 SD)

0 of 7440510 harvests of females could not be completed because of insufficient animals.
0 of 7435599 harvests of males could not be completed because of insufficient animals.

Genetic statistics across extant populations ...
Final gene diversity (exp. het.) was 0.6358 (0.0503 SE; 0.2013 SD)
Final observed heterozygosity was 0.8351 (0.0653 SE; 0.2613 SD)
Final number of alleles was 4.06 (0.41 SE; 1.65 SD)
Final number of mt haplotypes was 1.88 (0.15 SE; 0.62 SD)
Final lethal alleles / diploid was 1.902 (0.200 SE; 0.801 SD)
Mean Ne calculated from loss of gene diversity in extant populations: 17.48

تصویر ۱۸- نمونه‌ای از خروجی نهایی برنامه پس از اجرای یک سناریو

احتمال انقراض یا بقای جمعیت^۱: احتمال انقراض

یا بقای جمعیت برابر است با درصدی از تکرارهای برنامه که به انقراض یا بقای جمعیت در هر مقطع از طول دوره زمانی شبیه سازی ختم می‌شوند (تصویر ۱۹). در پایان شبیه سازی نیز احتمال انقراض یا بقای نهایی جمعیت ارائه می‌شوند (تصویر ۱۸).

1- probability of extinction or survival

```

OUT PUT RESULTS.txt - Notepad
File Edit Format View Help
Year 42
N[Extinct] = 12, P[E] = 0.024
N[Surviving] = 488, P[S] = 0.976
N[1st extinct] = 6, P[1st extinct] = 0.012
Mean size (all populations) = 31.36 (1.26 SE; 28.20 SD)
Means across extant populations only:
Population size = 32.11 (1.27 SE; 28.14 SD)
GD(expected heterozygosity) = 0.8650 (0.0031 SE; 0.0677 SD)
Observed heterozygosity = 0.9373 (0.0034 SE; 0.0761 SD)
Number of extant alleles = 16.38 (0.46 SE; 10.19 SD)
Number of mt haplotypes = 12.28 (0.40 SE; 8.78 SD)
Lethal alleles / diploid = 2.92 (0.03 SE; 0.75 SD)

Year 43
N[Extinct] = 22, P[E] = 0.044
N[Surviving] = 478, P[S] = 0.956
N[1st extinct] = 10, P[1st extinct] = 0.020
Mean size (all populations) = 25.75 (1.08 SE; 24.06 SD)
Means across extant populations only:
Population size = 26.87 (1.10 SE; 24.02 SD)
GD(expected heterozygosity) = 0.8492 (0.0035 SE; 0.0770 SD)
Observed heterozygosity = 0.9313 (0.0039 SE; 0.0863 SD)
Number of extant alleles = 14.24 (0.40 SE; 8.73 SD)
Number of mt haplotypes = 10.42 (0.34 SE; 7.53 SD)
Lethal alleles / diploid = 2.88 (0.03 SE; 0.76 SD)

```

تصویر ۱۹- نمونه‌ای از خروجی برنامه برای هر سال از اجرای یک سناریو

میانگین زمانی که به انقراض مانده: این خروجی

زمانی محاسبه می‌شود که حداقل ۵۰٪ از تکرارهای برنامه

به انقراض ختم شوند. در این صورت میانگین زمانی^۱ که به

انقراض مانده در پایان شبیه‌سازی ارائه می‌شود(تصویر ۱۸).

میانگین اندازه جمعیت: میانگین اندازه جمعیت

باقیمانده^۲ در هر سال از دوره‌ی شبیه‌سازی و میانگین نهایی

اندازه جمعیت در پایان ارائه می‌شوند (تصاویر ۱۸ و ۱۹).

میانگین تنوع ژنتیکی: میانگین هتروزایگوسیتی

مورد انتظار^۳ یا تنوع ژنتیکی در جمعیت موجود در هر

سال از شبیه‌سازی و در پایان شبیه‌سازی ارائه می‌شوند

1- median time

2- N-extant

3- expected hetrozygosity

(تصاویر ۱۸ و ۱۹). تغییرات تنوع ژنتیکی در جمعیت باقی مانده نسبت به ابتدای شبیه سازی محاسبه می شود.

میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده: میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در جمعیت موجود (میانگین ضریب همخونی -۱) در هر سال از شبیه سازی و در پایان شبیه سازی ارائه می شوند (تصاویر ۱۸ و ۱۹).

میانگین تعداد آلل های باقیمانده: میانگین تعداد آلل های باقیمانده موجود در جمعیت باقیمانده (از تعداد اولیه که برابر با دو برابر تعداد افراد تشکیل دهنده جمعیت پایه است) در هر سال از شبیه سازی و در پایان شبیه سازی ارائه می شوند (تصاویر ۱۸ و ۱۹).

میانگین آلل های کشنده: اگر پس روی ناشی از همخونی در شبیه سازی لحاظ شود، تعداد آلل های کشنده باقیمانده در فرد دیپلوئید در هر سال و پایان شبیه سازی ارائه می شوند (تصاویر ۱۸ و ۱۹).

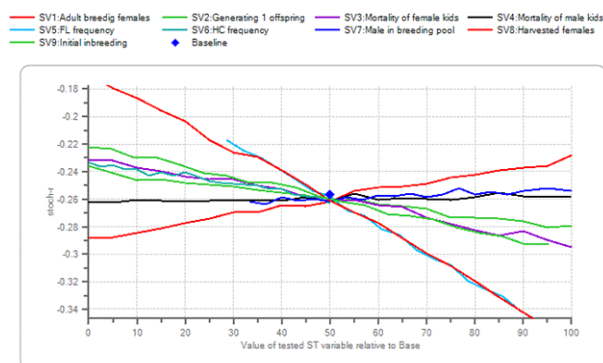
ترکیب سنی و جنسی جمعیت باقیمانده: در پایان شبیه سازی ترکیب نهایی سنی و جنسی افراد باقیمانده بر اساس فرضیات و فراسنجه های ورودی برنامه مشخص و ارائه می شود (تصویر ۱۸).

در این نرم افزار امکان دریافت خروجی های برنامه به صورت جدول، نمودار و گزارش وجود دارد.

تجزیه و تحلیل حساسیت

به منظور بررسی اثر تغییر در هریک از فراسنجه ها بر معیارهای حیاتی جمعیت (میانگین زمانی که به انقراض مانده، اندازه جمعیت باقیمانده، رشد تصادفی جمعیت، احتمال انقراض و تنوع ژنتیکی) در شبیه سازی آینده جمعیت از تجزیه و تحلیل حساسیت نرم افزار vortex استفاده می شود. در این تجزیه و تحلیل، هر فراسنجه بر اساس دامنه ی تعریف شده، تغییر می کند در حالی که سایر فراسنجه ها در حد مقادیر مدل پایه ثابت باقی می ماندند. بنابراین با توجه به حداکثر و حداقل هر متغیر و فاصله تعریف شده در دامنه برای هر متغیر، چندین شبیه سازی با تکرار برای هر اجرا، برای انجام تجزیه و تحلیل حساسیت انجام می شود. نهایتاً مشخص می شود که کدامیک از فراسنجه ها و به چه صورتی معیارهای حیاتی جمعیت را تحت تأثیر قرار می دهند. جهت تعیین مهم ترین فراسنجه های مؤثر بر معیارهای مورد بررسی، از نمودارهای

استاندارد شده عنکبوتی نرم افزار استفاده می شود (تصویر ۲۰). اشکال عنکبوتی فراسنجه مورد بررسی را در ترکیب با سایر فراسنجه های مورد بررسی نمایش می دهند. شیب تند هر متغیر آنالیز شده، نشان می دهد آن متغیر اثر زیادی بر نتایج دارد در حالی که شیب کند نشان می دهد متغیر اثر کمی بر نتایج دارد. در نمودارهای عنکبوتی محور xها استاندارد شده و تمام متغیرها بین ۰ تا ۱۰۰ پراکنده شده اند. این موضوع تا حد زیادی تفاوت متغیرها را از نظر اندازه و دامنه اصلاح می کند.



تصویر ۲۰- نمونه ای از نمودار عنکبوتی استاندارد شده بررسی مقایسه ای اثر فراسنجه های مختلف بر نرخ رشد تصادفی

استفاده از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت در جمعیت‌های دامی

در مقایسه با نژادهای دامی، تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های در معرض خطر حیات وحش در سطح وسیع، به روش‌های مختلف و به دلایل متفاوتی به اجرا درآمده‌اند (Lindenmayer *et al.*, 1995; Brook *et al.*, 2000; Slotta-Bachmayer *et al.*, 2004). تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های دامی از سال ۲۰۰۵ (Bennewitz & Meuwissen, 2005; Al-Atyat, 2009; Thirstrup *et al.*, 2009; Carneiro *et al.*, 2014; Hertz *et al.*, 2016; Al-Atyat *et al.*, 2016) برای بررسی جمعیت‌های گاو، اسب و گوسفند در معرض خطر و ارائه برنامه حفاظت برای آنها بطور موفقیت‌آمیزی مورد استفاده قرار گرفته است. از این روش تا کنون برای بررسی نژادهای بز و گوسفند در معرض خطر مرخز، عدنی، نجدی و قره گل و اسب کرد در کشور استفاده شده است (Bahmani *et al.*, 2023; Bahmani *et al.*, 2024) و (ساقی و همکاران، ۱۴۰۳).

Bennewitz و Meuwissen (۲۰۰۵) احتمال انقراض ۵ نژاد گاو شیری دو منظوره آلمان را با استفاده از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت برآورد کردند. در این پژوهش علاوه

بر نتایج مستقیم حاصل از برآورد احتمال انقراض، دوره‌های زمانی مختلف بررسی احتمال انقراض، فاصله اطمینان دوره‌های زمانی مختلف و اعتبارسنجی اندازه‌های جمعیت و فرضیات مدل به تفصیل مورد بحث قرار گرفته‌اند.

Al-Atyat (۲۰۰۹) از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت با استفاده از نرم افزار Vortex برای برآورد احتمال انقراض گاو بومی اردن استفاده کرد. علاوه بر احتمال انقراض، نرخ رشد جمعیت، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هم‌خونی نیز برآورد شده‌اند. در این پژوهش دو سناریوی دینامیک جمعیت در گذشته و حیات آینده جمعیت مورد بررسی قرار گرفتند. اولین سناریو برای شبیه‌سازی گذشته و اعتبارسنجی فراسنجه‌ها و فرضیات مورد استفاده در سناریوی دوم اجرا شده و سناریوی دوم به منظور بررسی احتمال انقراض گاو بومی اردن بکار رفته است. برآوردهای احتمال انقراض به مقدار زیادی تحت تأثیر دوره زمانی بررسی فراسنجه‌های زیستی و حوادث ناگوار و نامطلوب بودند. حوادث ناگوار و نامطلوب شامل رقابت نژادهای خارجی و خشکسالی با ۲۵٪ فراوانی وقوع و اثر به ترتیب ۷۵ و ۲۵ درصدی بر تولیدمثل و زنده‌مانی در نظر گرفته شدند.

مدل مورد بررسی نشان داد که با وجود تفاوت‌هایی در دینامیک جمعیت شبیه‌سازی شده نسبت به دینامیک واقعی جمعیت در گذشته، شبیه‌سازی سرنوشت محتمل جمعیت را تحت شرایط و فرضیات مدل به خوبی تقلید کرده است. به علاوه، مدل شبیه‌سازی شده در آینده نشان داد که جمعیت در معرض کاهش سریع به سمت انقراض در ۱۰ سال آینده با در نظر گرفتن فرضیات و فراسنجه‌های مدل و در غیاب برنامه‌های حفاظتی است. محقق مذکور توصیه کرده که از نتایج پژوهش برای تهیه برنامه حفاظتی برای گاو بومی اردن استفاده شده و تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت نیز برای جمعیت‌های دامی در معرض خطر بطور مشابهی مورد استفاده قرار گیرد.

Thirstrup و همکاران (۲۰۰۹) نیز از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت با استفاده از نرم‌افزار Vortex برای بررسی وضعیت سه نژاد اسب اهلی دانمارک استفاده کردند. این پژوهش در سه مرحله انجام گرفت. در اولین مرحله حیات آینده جمعیت‌ها بر اساس فراسنجه‌های جمعیتی و محیطی موجود مورد بررسی قرار گرفتند. در دومین مرحله تجزیه و

تحلیل حساسیت^۱ برای تشخیص مهم‌ترین متغیرهای مؤثر بر معیارهای حیاتی جمعیت انجام شد و نهایتاً سناریوی مدیریتی برای یکی از نژادها به اجرا درآمد. ۲ نژاد از نژادهای مورد بررسی در ۲۰۰ سال آینده در خطر انقراض نبودند در حالی که نژاد دیگر در ۴۰ سال آینده منقرض می‌شد. بر اساس تجزیه و تحلیل حساسیت، تولیدمثل مادیاها و تعداد مادیاها مولد بیشترین اثر را بر حیات جمعیت‌ها داشتند. سناریوی مدیریتی برای یکی از نژادها نیز توصیه‌هایی برای جلوگیری از کاهش تنوع ژنتیکی دربرداشت. پژوهشگران در پایان این پژوهش پیشنهاد کرده‌اند که داده‌های جامع مورد نیاز برای Vortex، از یک سو عاملی محدودکننده بوده و از سوی دیگر امکان تجزیه و تحلیل جمعیت‌های دامی در معرض خطر را ممکن کرده که برای تهیه برنامه‌های حفاظتی بسیار سودمند است.

Carnriro و همکاران (۲۰۱۴) با بررسی احتمال انقراض گوسفند برگاماسکای برزیلی بوسیله تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت، مشخص کردند که این نژاد با تداوم شرایط موجود ۵۹ سال دیگر از بین می‌رود. Hertz

1- sensitivity analysis

و همکاران (۲۰۱۶)، Al-Atyat و همکاران (۲۰۱۶) نیز با استفاده از تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت، احتمال انقراض گاوهای شیری دانمارکی و هاساوی را با فرض تداوم شرایط گذشته به ترتیب ۱۲۲ و ۲۱ سال برآورد کرده‌اند. تمامی پژوهشگران مذکور، تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت را برای نژادهای دامی و وحوش در صورت وجود داده‌های کافی برای مدل PVA، توصیه کرده‌اند. نتایج حاصله، چارچوب مناسبی را برای حفاظت از نژادهای در معرض خطر و تهیه یک برنامه حفاظتی مهیا خواهند کرد.

در تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های دامی، حساسیت فراسنجه‌ها کمتر مورد بررسی قرار گرفته است. در بررسی Carnriro و همکاران (۲۰۱۴)، فراوانی فجایع، عدم ورود حیوانات و تلفات گوسفندان بالغ و بره، به ویژه مرگ و میر میش‌ها، بعنوان مهم‌ترین تهدیدات جمعیت مورد بررسی گوسفند برگاماسکای گزارش شده‌اند. Thirstrup و همکاران (۲۰۰۹) و Slotta-Bachmayer و همکاران (۲۰۰۴) درصد مادپان‌های مولد را بعنوان مهم‌ترین فراسنجه مورد بررسی در تجزیه و تحلیل حیاتی اسب‌های دانمارکی و اسب‌های جنوب غربی مغولستان گزارش کرده‌اند.

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت‌های دام بومی کشور

بهمنی و همکاران (۲۰۲۳) با تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت اسب کرد کشور نشان دادند که با تداوم شرایط موجود و تحت فرضیات و فراسنجه‌های مورد استفاده در شبیه‌سازی دینامیک جمعیت در آینده، جمعیت اسب‌گرد با میانگین نرخ رشد تصادفی 0.0638 ± 0.0648 قبل از رسیدن به ظرفیت حیاتی خود، روندی افزایشی در طی ۲۵ سال آینده خواهد داشت. تنوع ژنتیکی یا هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و همخوانی یا هموزیگوسیتی مشاهده شده جمعیت نیز در پایان شبیه‌سازی تغییرات ناچیزی داشتند. روند افزایش مولدین نر و ماده در این نژاد و افزایش تعداد مؤثر جمعیت موجب می‌شود که اسب‌گرد فعلاً نیازمند برنامه حفاظتی نباشد. اگرچه، برنامه‌ها و سیاست‌های دولت از یکسو و نقش پرورش‌دهندگان در حفظ یا حذف این نژاد از سوی دیگر، می‌توانند این پیش‌بینی را تغییر دهند. البته استفاده زیاد از یکسری نرهای مولد خاص و اعمال سلیقه برخی از پرورش‌دهندگان برای تکثیر اسب‌های گرد با ویژگی‌های خاصی که امکان دارد مورد تأیید کارشناسان نباشد، همچنان بعنوان تهدیدهای بالقوه این نژاد مطرح

هستند. تجزیه و تحلیل حساسیت فراسنجه‌های مورد بررسی نشان داد که به ترتیب، مرگ و میر کره‌های ماده، درصد ماده‌های مولد بالغ و فراوانی تلاقی با سایر نژادها بیشترین اثر را بر معیارهای حیاتی در شبیه‌سازی آینده جمعیت دارند. ارزیابی دوره‌ای این فراسنجه‌ها در تعیین وضعیت حفاظتی این نژاد تعیین‌کننده هستند. این گزارش تمامی اطلاعات جمعیتی و زیستی مورد نیاز برنامه‌های توسعه‌ای برای این نژاد، چه برنامه‌های حفاظتی و چه برنامه‌های انتخاب، در ابتدای برنامه و پیش‌بینی تغییرات آن در آینده برای تعیین اندازه مطلوب جمعیت، نحوه استفاده از والدین در جمعیت و ... را فراهم کرده است.

تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت بزهای در معرض خطر کشور انجام شده است (بهمنی و همکاران، ۲۰۲۴). بر اساس نتایج این تحقیق، با تداوم شرایط موجود و تحت فرضیات و فراسنجه‌های مورد استفاده در شبیه‌سازی دینامیک جمعیت در آینده، پیش‌بینی می‌شود روند کاهش جمعیت، هم‌خونی و تنوع ژنتیکی با شدت بیشتری در هر سه نژاد مرخز، عدنی و نجدی ادامه پیدا کند. نرخ هم‌خونی (ΔF) جمعیت بز مرخز از سال ۱۳۹۳، به

بیشتر از حد بحرانی رسیده است. احتمال از بین رفتن جمعیت این نژاد در زیستگاه آن از سال ۱۴۰۴ شروع شده و به طور متوسط ۱۵ سال دیگر این اتفاق عملی می‌شود. شروع زودتر انقراض بز مرخز نسبت به سایر نژادهای بز در معرض خطر کشور محتمل‌تر بنظر می‌رسد. نرخ همخوانی (ΔF) جمعیت بز عدنی هنوز به حد بحرانی نرسیده است. احتمال از بین رفتن جمعیت این نژاد در زیستگاه آن از سال ۱۴۱۱ شروع شده و به طور متوسط ۲۷ سال دیگر این اتفاق رخ خواهد داد. بز عدنی از نظر شروع احتمال انقراض و میانگین زمانی که به انقراض مانده در شرایط مناسب‌تری از بزهای مرخز و نجدی قرار دارد. احتمال از بین رفتن بز نجدی در منطقه از ۹ سال دیگر (سال ۱۴۰۹) امکانپذیر خواهد بود و متوسط زمانیکه به از بین رفتن این نژاد در منطقه باقیمانده در حدود ۱۴ سال برآورد شده است. شیب احتمال انقراض در این نژاد بسیار بالا بوده و در کمتر از ۱۰ سال پس از شروع احتمال انقراض، منقرض خواهد شد. در بین نژادهای مورد بررسی، بز نجدی تنها نژادی است که در غیاب عوامل تصادفی، دارای نرخ رشد قطعی منفی ($-0/2323$) بوده و عوامل تصادفی

به عنوان تهدید اصلی بقاء جمعیت این دام نمی‌باشد. به عبارت دیگر، فراسنجه‌های زیستی زاد و ولد و مرگ و میر بیشترین و تغییرات تصادفی (نوسانات جمعیتی، تغییرات محیطی، حادثه‌های ناگوار و اثرات هم‌خونی) کمترین تأثیر را بر کاهش جمعیت بز نجدی دارند. میانگین زمان باقی مانده به انقراض بز نجدی کمتر از سایر نژادهای بز در معرض خطر کشور است. برداشت ماده‌های بالغ بیش از حد معمول سالانه، فراوانی محدودیت غذایی و رقابت با نژادهای دیگر، بیشترین اثر را بر کاهش جمعیت نژادهای بز در معرض خطر کشور داشته‌اند. برداشت بیش از حد ماده‌های بالغ، استفاده از مولدین نر سایر نژادها و بخشی از محدودیت‌های غذایی دلایل اقتصادی داشته که عامل اصلی انقراض نژادهای دامی در دنیا هستند. بدین ترتیب به نظر می‌رسد، با تهیه برنامه‌ای حفاظتی در کوتاه مدت با اتکا به کمک‌های دولتی و برنامه‌های اصلاحی و توسعه‌ای در درازمدت بتوان این نژادهای با ارزش را حفظ کرد. این تلاش‌ها، پیامدهای مثبت اقتصادی، اجتماعی و فرهنگی خواهند داشت. درصد ماده‌های مولد، مرگ و میر بره و بزغاله‌های ماده و دوقلو زایی نیز از فراسنجه‌های زیستی

بوده‌اند که در تمامی و یا بعضی از نژادهای مورد بررسی بر معیارهای حیاتی و کاهش جمعیت مؤثر بوده‌اند. این گزارش تمامی اطلاعات جمعیتی و زیستی مورد نیاز برنامه‌های توسعه‌ای برای این نژادها، چه برنامه‌های حفاظتی و چه برنامه‌های انتخاب را فراهم کرده است.

دو سناریوی دینامیک گذشته و آینده جمعیت با فرض ادامه شرایط موجود در زیستگاه گوسفند قره‌گل، با استفاده از روش تجزیه و تحلیل حیاتی جمعیت (PVA) و نسخه دهم نرم‌افزار Vortex شبیه‌سازی شدند. شبیه‌سازی دینامیک جمعیت در گذشته با استفاده از فراسنجه‌های زیستی و فرضیات مورد استفاده، دینامیک واقعی جمعیت در گذشته را تقلید کرد. شبیه‌سازی دینامیک جمعیت در آینده نشان داد که با تداوم شرایط موجود، روند افزایش همخونی و کاهش تنوع ژنتیکی جمعیت مورد بررسی ادامه یافته و احتمال انقراض گوسفند قره‌گل در منطقه از سال ۱۴۳۸ امکان‌پذیر بوده و متوسط زمانیکه به اولین انقراض این نژاد در منطقه باقیمانده $4/47 \pm 51/08$ سال برآورد شد. بر اساس نتایج تجزیه و تحلیل حساسیت فراسنجه‌ها، برداشت میش‌های بالغ بیش از برداشت معمول سالانه،

فراوانی محدودیت غذایی و استفاده از نژادهای دیگر در جفت‌گیری، بیشترین اثر را بر معیارهای حیاتی در شبیه‌سازی آینده جمعیت داشتند که عمدتاً دلیل اقتصادی دارند (ساقی و همکاران، ۱۴۰۳).

ضمائم گزارش

۱- نحوه اندازه‌گیری پس‌روی ناشی از همخونی

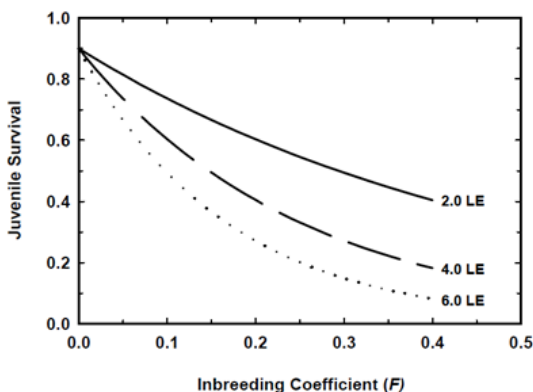
پس‌روی ناشی از همخونی، کاهش شایستگی مشاهده شده افرادی است که از والدین خویشاوند متولد شده‌اند. پس‌روی ناشی از همخونی به نظر می‌رسد اغلب گونه‌های با تولیدمثل جنسی را تحت تأثیر قرار داده و می‌تواند موجب کاهش در زنده‌مانی (نوزادان، نوجوانان و بالغین)، باروری، تعداد نتاج هر زایش و دامنه وسیعی از مقادیر فیزیولوژیک مربوط به شایستگی از قبیل نرخ رشد، مقاومت در مقابل بیماری‌ها، مقاومت در مقابل استرس، کارایی متابولیکی، هوش و رفتار شود (Lacy, 1997). اگرچه پس‌روی ناشی از همخونی می‌تواند بسیاری از اجزای شایستگی را تحت تأثیر قرار دهد، اما اکثر اثرات آن بطور معقولی می‌تواند در اثر آن بر باروری و زنده‌مانی حیوانات صفر تا یکساله خلاصه

شود (Lacy et al., 2014). به همین دلیل اثرات ناشی از همخونی با همین فرض در نرم افزار Vortex مورد بررسی قرار می گیرد.

پس روی ناشی از همخونی پدیده‌ی شناخته شده‌ای است. اما درک ساز و کارهای مختلف، راه‌های اندازه‌گیری و اثرات آن بر زنده‌مانی جمعیت کار ساده‌ای نیست. این پدیده ممکن است ناشی از آلل‌های زیانبار مغلوب (موجود در افراد همخون هموزیگوس)، یا کاستی عمومی هموزیگوت‌ها نسبت به هتروزیگوت‌ها و یا سایر ساز و کارهای ژنتیکی باشد. با بررسی این پدیده در چند گونه مشخص شده که ۵۰٪ از اثرات همخونی مربوط به آلل‌های کشنده مغلوب و ۵۰٪ دیگر مربوط به سایر ساز و کارهای ژنتیکی است. البته این مقدار می‌تواند در بین جمعیت‌های مختلف متفاوت باشد (Lacy & Ballou, 1998). رابطه بین زنده‌مانی و همخونی ناشی از حضور آلل‌های کشنده مغلوب با استفاده از تابع نمایی زیر قابل توصیف است (Morton et al., 1956).

$$S = S_0 e^{-bF} \quad \text{معادله (۲)}$$

در این رابطه S_0 زنده‌مانی افراد غیرهمخون، F ضریب همخونی، b متوسط تعداد آل‌های مغلوب کشته شده در ژنوم هاپلوئید (نصف تعداد آن در افراد دیپلوئید) و S نرخ زنده‌مانی است. حتی اگر پس روی ناشی از همخونی، تا اندازه‌ای در نتیجه آل‌های کشته شده مغلوب باشد، انتظار داریم رابطه‌ی بین زنده‌مانی و همخونی تقریباً یک کاهش نمایی^۱ باشد. تصویر ۲۱ رابطه‌ی مورد انتظار بین زنده‌مانی حیوانات بین صفر و یکسال و ضریب همخونی را در سطوح مختلف شدت پس روی ناشی از همخونی (معادل‌های کشته شده مختلف) نشان می‌دهد (Lacy et al., 2014).



تصویر ۲۱- رابطه‌ی زنده‌مانی حیوانات زیر یکسال با ضریب همخونی در سطوح مختلف شدت پس روی ناشی از همخونی

با توجه به رابطه بین زندمانی و همخونی، ضریب b در معادله بالا قابل اندازه گیری است. ضریب b نشان دهنده شدت اثرات همخونی است (نه به معنای میزان همخون بودن جمعیت، که با F اندازه گیری می شود، بلکه به معنای میزان کاهش شایستگی برای هر سطح مشخص از همخونی). ضریب b تعداد آلل های کشنده مغلوب در ژنوم هاپلوئید است که منجر به کاهش (مشاهده شده) در پس روی ناشی از همخونی می شوند. ضریب b به صورت تعداد معادل های کشنده در جمعیت بیان می شود. ضریب b در یک جمعیت با معادل های کشنده ۴ در فرد دیپلوئید برابر است با ۲. در چنین جمعیتی ممکن است ۴ آلل کشنده در هر فرد وجود داشته باشد یا ۸ آلل در هر فرد وجود داشته باشد که در حالت هموزیگوس ۵۰٪ کاهش در بقاء را موجب شوند یا ۲ آلل کشنده و ۴ آلل با ۵۰٪ کاهش در بقاء در افراد وجود دارد یا هر ترکیب دیگری از آلل های زیانبار که اثرات کلی مشابهی دربر داشته باشند. برای تعداد معدودی از گونه ها، معادل های کشنده به دقت مورد بررسی قرار گرفته اند. دامنه معادل های کشنده از ۰ تا بیش از ۳۰ بوده اما معمولاً بین ۱ تا ۵ قرار داشته است. چنانچه گفته

شد، در بررسی Ralls و همکاران (۱۹۹۸) میانگین ۳/۱۴ برای ۴۰ جمعیت پستاندار گزارش شده است. در حالیکه محققانی برای بررسی اثر واقع بینانه همخونی بر شایستگی افراد پیشنهاد کرده‌اند که این مقدار باید بیش تر باشد. O Grady و همکاران (۲۰۰۶) میانگین ۶/۲۹ را پیشنهاد کرده‌اند. با مشخص شدن معادل‌های کشنده برای یک گونه و تعیین سهم آلل‌های کشنده در مقابل سایر ساز و کارهای ژنتیکی از کل پس روی ناشی از همخونی، می‌توان مقدار پس روی ناشی از همخونی را برای هر جمعیت مورد نظر برآورد کرد. به نظر می‌رسد پاسخ به این سؤال که آیا جمعیتی می‌تواند به شدت تحت تأثیر همخونی قرار گیرد یا نه؟ به مقدار قابل توجهی بستگی به شانس داشته باشد (Lacy et al., 2014).

۲- وابستگی تولیدمثل به اندازه و تراکم جمعیت^۱

وابستگی به تراکم جمعیت در شرایطی رخ می‌دهد که میزان رشد یا نرخ‌های افزایش‌دهنده (تولد و...) یا نرخ‌های کاهش‌دهنده (مرگ و میر و...) با تغییر در اندازه جمعیت یا

1- density dependent reproduction

تراکم آن تغییر کنند. اگر این فراسنجه‌ها با تغییرات اندازه جمعیت تغییر نکنند، عدم وابستگی به تراکم جمعیت وجود دارد. وابستگی مستقیم لزوماً در شرایطی رخ می‌دهد که نرخ رشد یا نرخ‌های افزایش‌دهنده به صورت تابع منفی اندازه جمعیت، یا نرخ‌های کاهشی به صورت تابع مثبت اندازه جمعیت تغییر کنند. الگوهای متضاد یا وابستگی معکوس یا اثرات آلی (پدیده‌ای که با همبستگی مثبت بین اندازه یا تراکم جمعیت و متوسط شایستگی افراد جمعیت تعریف می‌شود) جمعیت‌های در معرض خطر را به سمت انقراض پیش می‌برند. وابستگی مستقیم به وسیله رقابت و بعضی مواقع شکار، بیماری، انگل‌ها و... به وجود می‌آید. وابستگی به تراکم جمعیت معمولاً با بررسی رابطه بین نرخ رشد جمعیت یا سایر نرخ‌های جمعیتی و تراکم جمعیت مورد ارزیابی قرار می‌گیرد (Hixon & Johnson, 2009). سؤال اصلی اینست که آیا نرخ‌های تولیدمثلی گونه مورد نظر با تغییر اندازه جمعیت تغییر می‌کنند؟ به عبارت دیگر اگر جمعیت کوچک باشد به دلیل بروز مشکل در یافتن جفت و... تولیدمثل کاهش پیدا می‌کند؟ و یا اگر جمعیت بزرگ باشد (یا تراکم آن زیاد باشد) به دلیل محدودیت منابع یا

محل زیست یا رقابت یا ازدحام یا استرس و... تولیدمثل افت می کند؟ اگر جواب ها مثبت باشند، تولیدمثل به تراکم جمعیت وابسته است.

۳- ظرفیت حیاتی جمعیت

در متن کتاب های مدیریت حیات وحش، ظرفیت حیاتی زیستگاه برای یک جمعیت خاص به صورت حداکثر تعداد افرادی تعریف می شود که محیط می تواند در طول زمان و در غیاب مداخله های غیرطبیعی، و نبود روند نامطلوب در وفور منابع غذایی مورد نیاز جمعیت، در خود نگهداری کند (MacNab, 1985).

برای درک بهتر مفهوم ظرفیت حیاتی به معادله لجستیک شناخته شده زیر برای رشد جمعیت توجه کنید.

$$dN/dt = rN [K-N/K] \quad \text{معادله (۳)}$$

در این معادله r نرخ واقعی افزایش جمعیت^۱، N اندازه جمعیت و K ظرفیت حیاتی جمعیت هستند. از نظر ریاضی، K می تواند بعنوان محدودیت در اندازه جمعیت در حالتی که $dN/dt = 0$ باشد، در نظر گرفته شود. تعدادی

1- intrinsic rate of population increase

از اکولوژیست‌ها K را به صورت نسبتی از میزان کل تولید خوراک در زیستگاه (p) به نرخ سرانه مصرف خوراک مورد نیاز برای بقاء (M) تعریف می‌کنند. چون جمعیتی با اندازه‌ی N باید منابع خوراکی را به میزان NM برای زنده ماندن مصرف کند، $p - NM$ منبع خوراکی برای تولید افراد جدید وجود دارد. اگر NM از p بیشتر شود، منابع مورد نیاز برای تولیدمثل کاهش یافته و جمعیت باید کوچکتر شود. اگر جمعیت از ظرفیت حیاتی خود بیشتر شود، تعداد افراد باید تا $N \leq K$ شود، کاهش پیدا کنند (Lacy *et al.*, 2014). به صورت تجربی، ظرفیت حیاتی یک زیستگاه برای گونه‌هایی که در آن وجود دارد قابل محاسبه است. با محاسبه‌ی کل منابع غذایی مورد استفاده برای گونه‌های موجود در زیستگاه و تقسیم آن بر میزان مصرف خوراک هر فرد امکان برآورد ظرفیت حیاتی زیستگاه وجود دارد (Petit & Pors, 1996). البته نباید فراموش کرد که محاسبه منابع غذایی موجود در منطقه و میزان مصرف خوراک در مراحل مختلف فیزیولوژیک دارای پیچیدگی‌های زیادی بوده و نیازمند جمع‌آوری اطلاعات زیاد و دقیقی است.

اگر اطلاعات جامعی در دسترس نباشد، برآورد تقریبی از ظرفیت حیاتی جمعیت بر اساس داده‌های طولانی مدت اندازه جمعیت میسر است. اگر اندازه جمعیت در غیاب مداخله‌های معنی‌دار انسان در طول دوره زمانی مورد نظر نسبتاً ثابت باقی بماند. می‌توان این اندازه جمعیت را بعنوان ظرفیت حیاتی جمعیت در نظر گرفت. در صورت وجود مداخله‌های معنی‌دار انسان داده‌های مربوط به گذشته می‌توانند در تصمیم‌گیری مؤثر باشند (Lacy *et al.*, 2014).

منابع

- ۱- ساقی د.، بهمنی ح. ر. و ساقی ر. ۱۴۰۳. شبیه سازی دینامیک جمعیت و احتمال انقراض گوسفند نژاد قره گل در ایران، مجله علوم دامی ایران، صفحات ۹۳ الی ۱۰۸.
- ۲- کیان زاد م. و قره داغی ع. ا. ۱۳۸۴. پرورش گوسفند و بز و آینده آن در کشور. دومین سمینار پژوهشی گوسفند و بز کشور، کرج، ص ۱.

- 1- Al-Atiyat R.M. 2009. Extinction probabilities of Jordan indigenous cattle using population viability analysis. Livest. Sci. 123: 121-128.
- 2- Al-Atiyat R.M., Riyadh S., Aljumaah Bader, M., Al-Shaer, B. M., Al-Sornokh H., 2016. Extinction probabilities of Hassawi cattle from Saudi Arabia using population viability analysis. J. King Saud Univ. Sci. 28(3), 226-231.
- 3- Bahmani H.R., Badbarin S., Amin Rasouli H. 2023. Population viability analysis on Kurd horse breed. Iran. J. Appl. Anim. Sci. 4 (13), 809–817.
- 4- Bahmani H.R., Amiri Roudbar M., Sadeghi S.A.T., Mafakheri S., Salehi S. 2024. Population viability analysis on the Iranian endangered goat breeds. Small Ruminant Research, 235, 107287.
- 5- Bennewitz J. and Meuwissen T. H. E. 2005. Es-

timation of extinction probabilities of five German cattle breeds by population viability analysis. J. Dairy Sci. 88: 2949–2961.

6- Bennewitz J., Kantanenb J., Tapiob I., Hua Lib M., Kalma E., Vilkkib J., Ammosovc I., Ivanovad Z., Kiselyovae T., Popovf R., Meuwissen T. 2006. Estimation of breed contributions to present and future genetic diversity of 44 North Eurasian cattle breeds using core set diversity measures. Genet. Sel. Evol. 38: 201–220.

7- Brook B.W., O'Grady J.J., Chapman A.P., Burgman M.A., Akçakaya H.R., Frankham R. 2000. Predictive accuracy of population viability analysis in conservation biology. Nature, 404: 385–387.

8- Carneiro H., Paiva, S., Louvandini H., Miranda R., McManus C., 2014. Genealogical and population viability analysis of a conservation nucleus of Brazilian Bergamasca sheep. Anim. genet. resour. 54, 103-113.

9- Clark T.W. and Seebeck, J.H. 1990. Management and Conservation of Small Populations. Chicago Zoological Society, Brookfield, Illinois.

10- Clark T.W., Warneke R.M. and George G.G. 1990. Management and conservation of small populations. In: Management and Conservation of Small Populations. Clark T.W. and Seebeck J.H. (Eds.), Chicago Zoological Society, Brookfield, Illinois, Pages 1-18.

- 11- Crow J.F. and Kimura M. 1970. Introduction to Population Genetics Theory. Harper and Row, New York.
- 12- Falconer D.S. 1989. Introduction to Quantitative Genetics, 3rd ed. Longman, New York.
- 13- Gandini G., Villa E. 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. J. Anim. Breed. Genet., 120: 1–11.
- 14- Gandini G.C., Ollivier L., Danell B., Distl O., Georgoudis A., Groeneveld E., Martyniuk E., van Arendonk J.A.M. and Wolliams J.A. 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. Livest. Prod. Sci., 91: 173–182.
- 15- Goodman D. 1987. The demography of chance extinction. In Viable populations for Conservation. Soule M. E. (Ed.), Cambridge University Press, Cambridge, pp 11-34.
- 16- Hertz M., Jensen I., Jensen L., Nielsen I., Winde J., Stronen A., Pertoldi C., 2016. Population viability analysis on a native Danish cattle breed. Anim. Genet. Resour. 59, 105-112.
- 17- Hixon M.A. and Johnson D.W. 2009. Density dependence and independence. In: Encyclopedia of Life Sciences. R. Jansson (ed.), Wiley-Blackwell, Chichester, 6 pp.
- 18- Krebs C.J. 1994. Ecology: The Experimental Analysis of Distribution and Abundance. 4th ed. Harper Collins, New York.

- 19- Lacy R.C. 1993/1994. What is population viability analysis? *Primate Conserv.*, 14/15:27–33.
- 20- Lacy R.C. 1997. Importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. *Journal of Mammalogy*, 78: 320-335.
- 21- Lacy, R.C. and Ballou J.D. 1998. Effectiveness of selection in reducing the genetic load in populations of *Peromyscus polionotus* during generations of inbreeding. *Evolution*, 52: 900-909.
- 22- Lacy R.C., Miller P.S. and Traylor-Holzer K. 2014. Vortex 10 User's Manual. IUCN SSC Conservation Breeding Specialist Group, and Chicago Zoological Society, Apple Valley, Minnesota, USA.
- 23- Lacy R.C., Pollak J.P., 2021. Vortex: A Stochastic Simulation of the Extinction Process. Version 10.5.5. Chicago Zoological Society, Brookfield, Illinois, USA. <https://scti.tools/vortex>.
- 24- Lacy R.C., Miller P.S., Traylor-Holzer K., 2021. Vortex 10 User's Manual. 30 March 2021 update. IUCN SSC Conservation Planning Specialist Group, and Chicago Zoological Society, Apple Valley, Minnesota. <https://scti.tools/manuals/Vortex10Manual.pdf>
- 25- Lande R. and Barrowclough G.F. 1987. Effective population size, genetic variation, and their use in population management. In: *Viable Populations for Conservation*. Soulé, M.E. (Ed.). Cambridge University Press, Cambridge, Pages 87-123.

- 26- Lindenmayer D.B., Clark T.W., Lacy R.C. and Thomas V.C. 1993. Population viability analysis as a tool in wildlife conservation policy: A review with reference to Australia. *Environmental Management*, 17: 745-758.
- 27- Lindenmayer D.B., Burgman M.A., Akce akaya H.R., Lacy R.C., Possingham H.P. 1995. A review of the generic computer programs ALEX, RAMAS/space and VORTEX® for modeling the viability of wildlife metapopulations. *Ecol. Mod.*, 82: 161–174.
- 28- MacNab, J. 1985. Carrying capacity and related slippery shibboleths. *Wildlife Society Bulletin*, 13:403-410.
- 29- Maijala K., Cherekaev E.V., Devillard J.M., Reklewski Z., Rognoni G., Simon D.L., Steane D.E. 1984. Conservation of animal genetic resources in Europe. Final report of an E.A.A.P. working group. *Livest. Prod. Sci.*, 11: 3–22.
- 30- Miller P.S. and R.C. Lacy. 2005. VORTEX: A Stochastic Simulation of the Extinction Process. Version 9.50 User's Manual., Conservation Breeding Specialist Group (SSC/IUCN), Apple Valley.
- 31- Morton N.E., Crow J.F., and Muller H.J. 1956. An estimate of the mutational damage in man from data on consanguineous marriages. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 42: 855-863.
- 32- O'Grady J.J., Brook B.W., Reed D.H., Ballou J.D., Tonkyn D.W. and Frankham R. 2006. Real-

istic levels of inbreeding depression strongly affect extinction risk in wild populations. *Biological Conservation*, 133: 42–51.

33- Ostermann O.P. 1998. The need for management of nature conservation sites designated under Natura 2000. *J. Appl. Ecol.*, 35: 968– 973.

34- Petit S., and Pors L. 1996. Survey of columnar cacti and carrying capacity for nectar-feeding bats on Curaçao. *Conservation Biology*, 10: 769-775.

35- Ralls K., Ballou J.D., and Templeton. A.R. 1988. Estimates of lethal equivalents and the cost of inbreeding in mammals. *Conservation Biology*, 2: 185-93.

36- Shaffer M.L. 1981. Minimum population sizes for species conservation. *Bioscience*, 1: 131-134.

37- Scherf B.D. 1995. World watch list for domestic animal diversity. 2nd ed., Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

38- Simberloff D.A. 1988. The contribution of population and community biology to conservation science. *Annual Review of Ecology and Systematic*, 19: 473-511.

39- Simon D.L. 1999. European approaches to conservation of farm animal genetic resources. In: *Animal Genetic Resources Information*, Galal S. and Boyazoglu J. (Eds.), Food and Agriculture Organization of the United Nations, 25: 79-100.

40- Slotta-Bachmayer L., Boegel R., Kaczensky P.,

Stauffer C. and Walzer C. 2004. Use of population viability analysis to identify management priorities and success in reintroducing Przewalski's horses to southwestern Mongolia. *Journal of Wildlife Management*, 68 (4):790–798.

41- Soulé M.E. 1987. *Viable Populations for Conservation*. Cambridge University Press, Cambridge.

42- Thirstrup J. P., Bach L. A., Loeschcke V. and Pertoldi C. 2009. Population viability analysis on domestic horse breeds (*Equus caballus*). *J. Anim. Sci.*, 87: 3525–3535.

43- Wright S. 1977. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol.3. *Experimental Results and Evolutionary Deductions*. University of Chicago Press, Chicago.

