

VLERËSIMI I DIVERSITETIT GJENETIK TË TRE RACAVE AUTOKTONE TË DHIVE ME ANË TË 30 MARKERËVE MIKROSATELITË

GENTJAN HYKAJ*, ANILA HODA, VILSON BOZGO

Departamenti i Prodhimit Shtazor, Universiteti Bujqësor i Tiranës, (UBT), Kamëz, Tiranë, SHQIPËRI
gentianhyka@yahoo.com

AKTET V, 1: 1-7, 2012

PËRMBLEDHJE

Dhitë konsiderohen si speciet e kafshëve bujqësore me shumë rëndësi në Shqipëri. Në total 91 individë nga 3 racat lokale: "Dukati", "Hasi" dhe "Mati" u gjenotipizuan për 30 markerë mikrosatelitë duke vlerësuar diversitetin gjenetik. Numri mesatar i aleleve për 30 lokuset është 10,1. Pasuria alelike ka një vlerë mesatare prej 8,1. Për tre racat u hasën 72 alele private. Defiçiti i heterozigotëve ka një vlerë prej 6,9% ($p < 0.001$) për secilën nga racat e studiuara. Ky defiçit është në masën 9,3% ($p < 0.001$) për gjithë popullatën. Vlerat multilokus FST tregojnë se 3% e variacionit gjenetik shpjegohet me diferencat midis racave dhe 97% nga ndryshimet midis individëve. Diversiteti gjenetik HT, rezulton 0.74, ndërsa vlera GST është 0.012. Identifikohet distancë e vogël gjenetike midis racave dhe fluksi i madh gjenesh, 13,1 i cili ndikon në uniformitetin gjenetik të popullatave. Drifti i gjeneve është një faktor i rëndësishëm në diferencimin gjenetik midis racave të analizuar.

Fjalët kyçe: diversitet gjenetik, heterozigoti, dhi, mikrosatelit, fluks gjenesh

SUMMARY

Goats are one of the most important livestock species in Albania. A sample of 91 individuals, representing three local goat breeds "Dukati", "Hasi" and "Mati" is genotyped for 30 microsatellite markers. There were found 72 private alleles. There is a significant heterozygotes deficit of 6,9% ($p < 0.001$) for each of analyzed breeds. This deficit is of 9,3% ($p < 0.001$) for the whole population. Level of apparent breed differentiation is moderate and multilocus FST values indicate that around 3% of the total genetic variation could be explained by breed differences and the remaining 97% by differences among individuals. Nei genetic diversity HT, is 0.74, and GST, is 0.012. There is a small genetic distance between breeds and a great gene flow, 13.1. Gene flow could have played an important role for genetic uniformity in populations and the genetic drift is an important factor of genetic differentiation among the analyzed breeds.

Key words: genetic diversity, heterozygosity, goat, microsatellite, gene flow

HYRJE

Dhitë konsiderohen si një nga speciet më të rëndësishme të kafshëve të fermës në zonat malore dhe kodrinore të Shqipërisë. Ato janë përshtatur mirë në kushtet e klimës dhe të mjedisit të ashpër, kullotave të varfra natyrore dhe janë rezistente ndaj sëmundjeve (Dobi, 2006). Racat e dhive janë përckatuar kryesisht nga pozicioni gjeografik, karakteristikat morfologjike dhe prodhimtaria (Dobi et al., 2006). Identifikohen disa arsye të cilat gjatë viteve të

fundit kanë çuar në pakësimin e numrit të dhive në vendin tonë si: lëvizjet e popullsisë nga zonat rurale drejt zonave urbane, emigrimi i të rinjve jashtë vendit, zhvillimi i ulët ekonomik i rajoneve që mbarështrajnë këtë specie, mungesa e programeve racore për këto raca. Karakterizimi gjenetik i këtyre racave është mjaft i rëndësishëm për konservimin dhe përmirësimin e tyre. Një numër mjaft i kufizuar studimesh janë kryer mbi diversitetin gjenetik të racave lokale të dhive duke përdorur tiparet e dukshme (Hoda, 2005).

Përdorimi i markerëve molekularë është mjaft i rëndësishëm për vlerësimin e diversitetit gjenetik dhe mardhënieve gjenetike midis popullatave. Mikrosatelitiët po përdoren gjerësisht si markerë gjenetikë për analizën e variabilitetit gjenetik brenda dhe midis racave për shkak të numrit të lartë, shpërhapjes në gjenomë dhe efikasitetit në gjenotipizim. Ka mjaft punime mbi diversitetin gjenetik të dhive bazuar në markerët mikrosatelitë, si në racat zviceriane (Saitbekova *et al.*, 1999), popullatat indigjene kineze (Li *et al.*, 2002, Li *et al.*, 2004), dhinë shtëpiake indiane (Rout *et al.*, 2008), dhinë europiane dhe të Lindjes së Mesme (Cañon *et al.*, 2006). Ky studim ka si qëllim vlerësimin e diversitetit gjenetik, strukturës dhe raporteve gjenetike që krijohen midis dhe brenda popullatave të tre ekotipeve të racave të dhive shqiptare “Dukati”, “Hasi” dhe “Mati”.

MATERIALI DHE METODA

Për realizimin e këtij studimi u zgjedhën individë të racave “Dukati”, “Hasi”, dhe “Mati”, të përdorur disa herë në kryqëzim, me moshë mbi dy vjeç, të shëndetshëm dhe pa lidhje gjaku me njeri-tjetrin. Për këtë arsye u morën 2–3 kërë për çdo tufë, sipas informacionit të dhënë nga fermeri përkatës. Në çdo tufë u morën 2 individë të seksit femër dhe një individ i seksit mashkull. Gjaku u përdor për ekstraktimin e ADN-së sipas metodës standarte të ekstraktimit me fenol-kloroform. ADN-ja e ekstraktuar u përdor për analizimin e lokuseve mikrosatelitë.

U analizuan 30 markerë mikrosatelitë të përzgjedhur nga lista e mikrosatelitëve të rekomanduar nga FAO për studimin e diversitetit gjenetik tek dhinë: CSR24, DRBP1, ILST0, ILST0, INRA02, INRA06, InraBe, MAF65, McM527, OarAE5, OarFCB, OarFCB, SPS113, SRCRSP, SRCRSP, SRCRSP, MAF70, SRCRSP, ILST0, ETH10, TGLA53, SRCRSP, BM6444, P19, MAF209, SRCRSP, ILST0, SRCRSP, TCRVB6, INRABE.

Studimet e diversitetit gjenetik përfshijnë analizën brenda racave (vlerësimin e heterozigotisë, të F_{ST} , numrin mesatar të aleleve, si dhe me ekuilibrin HWE) dhe atë midis racave

(fragmentarizimin e variancës gjenetike, analizën që bazohet në frekuencat alelike, si dhe analizën që bazohet në distancat gjenetike).

Frekuencat e aleleve, indeksi F_{IS} dhe devijimet nga ekuilibri Hardy-Weinberg (HWE) u vlerësuan me programin GENEPOP V3.1. Prova e HWE u realizua me ndihmën e *Markov Chain Monte Carlo metode* (1000 përsëritje), duke përdorur testing ekzakt të Fisherit (Guo dhe Thompson, 1992). Vlerat p u konsideruan si sinjifikante duke filluar prej vlerës $<0,05$. Për të vlerësuar variacionin brenda popullatave u llogaritën vlerat e pritura dhe të vëzhguara të heterozigotisë, të mesatarizuara, si për të gjithë lokuset, ashtu edhe për të gjitha racat. Për këtë u përdor programi Genetix (Belkhir *et al.*, 2001).

Llogaritja e parametrit “*allelic richness*” i cili paraqet numrin mesatar të korrigjuar të aleleve mbi bazën e madhësive të ndryshme të kampjonit dhe diversiteti gjenetik (H_E) u realizuan me programin FSTAT (Goudet 1995).

Parametrat e statistikës F , sipas Weir dhe Cockerham (1984) F_{IS} (W&C) dhe F_{IT} (W&C) ose sipas Nei (1973b), u llogaritën me programin FSTAT (GOUDET 1995). Llogaritja e fluksit të gjeneve (*gene flow*) (WRIGHT, 1931) u realizua në formën e numrit të migrantëve për gjeneracion (N_m) me anën e programit GENALEX6. Për vlerësimin e distancave gjenetike u supozua një model i pastër drifti, i cili parashikon praninë e mutacioneve dhe një madhësi popullore jokonstante. Për të analizuar korelacionet e distancave të veçanta u llogaritën:

Cavalli-Sforza Chord Distance DC (Cavalli Sforza dhe Edwards, 1967), Reynold’ D_R Distance (Reynolds *et al.*, 1983), Nei’s DA (Nei *et al.*, 1983) dhe distanca standarte sipas Nei (NEI 1972). Llogaritja e distancave u realizua me programin GENDIST nga paketa programore PHYLIP (Felsenstein 2004).

REZULTATET DHE DISKUTIMI

a) Markerët mikrosatelitë dhe Variacioni gjenetik brenda racave

Nga analiza e 30 lokuseve të mara në shqyrtim për çdo individ u identifikua gjenotipi në lidhje me to. Në 30 lokuset e mara në analizë, u

identifikuan në total 303 alele. Të gjithë markerët e përzgjedhur rezultojnë të jenë polimorfikë. Nga krahasimi i numrit të aleleve për cdo lokus

(Tabela 1) identifikohet një polimorfizëm midis 3 popullatave (3-18 alele) dhe vetëm 1 prej lokuseve (MAF2209) rezultojn me 3 alele.

Lokusi	Na			Ho			He			F		
	Dukati	Hasi	Mati	Dukati	Hasi	Mati	Dukati	Hasi	Mati	Dukati	Hasi	Mati
CSRD247	9	8	5	0.655	0.774	0.600	0.675	0.777	0.652	0.030	0.004	0.080
DRBP1	9	10	8	0.483	0.613	0.367	0.768	0.828	0.651	0.372	0.260	0.436
ILSTS011	6	8	7	0.759	0.742	0.793	0.715	0.795	0.800	-0.062	0.067	0.008
ILSTS087	9	10	8	0.862	0.871	0.700	0.839	0.803	0.778	-0.027	-0.084	0.100
INRA023	7	10	9	0.621	0.871	0.667	0.773	0.822	0.746	0.198	-0.060	0.106
INRA063	6	5	5	0.586	0.516	0.567	0.638	0.645	0.621	0.081	0.200	0.087
InraBern172	8	6	6	0.862	0.806	0.759	0.816	0.782	0.786	-0.056	-0.031	0.035
MAF65	10	13	12	0.931	0.871	0.800	0.842	0.865	0.826	-0.106	-0.007	0.031
McM527	8	7	7	0.828	0.581	0.667	0.808	0.585	0.788	-0.024	0.008	0.154
OarAE54	7	8	12	0.655	0.871	0.897	0.694	0.831	0.870	0.057	-0.048	-0.03
OarFCB20	5	6	6	0.655	0.710	0.667	0.668	0.704	0.683	0.020	-0.007	0.024
OarFCB48	9	9	9	0.897	0.806	0.759	0.817	0.849	0.847	-0.097	0.050	0.105
SPS113	8	12	11	0.655	0.774	0.833	0.753	0.795	0.834	0.130	0.026	0.001
SRCRSP09	10	8	10	0.690	0.677	0.800	0.791	0.745	0.768	0.128	0.090	-0.04
SRCRSP23	13	10	9	0.931	0.806	0.833	0.890	0.839	0.835	-0.046	0.039	0.002
SRCRSP3	5	5	4	0.345	0.484	0.733	0.452	0.610	0.552	0.238	0.206	-0.32
MAF70	7	8	11	0.733	0.742	0.800	0.787	0.805	0.826	0.068	0.079	0.031
SRCRSP5	11	9	9	0.793	0.517	0.633	0.839	0.673	0.772	0.055	0.231	0.180
ILSTS005	5	6	4	0.552	0.500	0.433	0.607	0.698	0.497	0.091	0.283	0.128
ETH10	5	4	4	0.759	0.613	0.633	0.680	0.551	0.642	-0.115	-0.112	0.013
TGLA53	7	8	10	0.828	0.774	0.767	0.713	0.764	0.705	-0.160	-0.014	-0.08
SRCRSP8	10	10	10	0.862	0.742	0.633	0.798	0.787	0.758	-0.080	0.058	0.164
BM6444	16	17	18	0.630	0.710	0.828	0.892	0.900	0.912	0.294	0.211	0.093
P19	8	11	9	0.414	0.516	0.467	0.823	0.849	0.853	0.497	0.392	0.453
MAF209	3	3	3	0.448	0.484	0.167	0.455	0.456	0.156	0.014	-0.060	-0.06
SRCRSP7	6	5	6	0.586	0.516	0.367	0.672	0.655	0.649	0.128	0.212	0.435
ILSTS029	5	5	4	0.483	0.613	0.533	0.701	0.657	0.589	0.311	0.067	0.095
SRCRSP15	5	4	5	0.793	0.613	0.567	0.665	0.626	0.557	-0.192	0.022	-0.01
TCRVB6	9	11	10	0.828	0.645	0.767	0.830	0.829	0.866	0.003	0.222	0.115
INRABERN18 5	7	4	5	0.483	0.290	0.200	0.476	0.287	0.187	-0.015	-0.011	-0.06
Mesatare	7.767	8.00	7.86	0.687	0.668	0.641	0.729	0.727	0.700	0.058	0.076	0.075
Total	7.878			0.665			0.719			0.070		

Tabela 1. Variabiliteti gjenetik brenda racave

Të tre racat kanë numër mesatar të përafërt alelesh ("Dukati" 7.8, "Hasi" 8, "Mati" 7.9) me një mesatare 10.1 në të tre racat për të 30 markerët mikrosatelitë.

Të gjithë markerët rezultojnë të jenë polimorfë duke treguar avantazhet e përdorimit të këtyre markerëve në studimet e popullatave. Pasuria alelike varion nga 2.999 për lokusin MAF209 deri në 18.234 për lokusin BM6444, me një mesatare

prej 8.15. Identifikohen 25 alele private për popullatën "Dukati" dhe "Mati", dhe 22 për "Hasi". Numri i aleleve për secilin lokus (N_a) si dhe numri i madh i "aleleve private" është një tregues i vlerave të larta të diversitetit gjenetik.

Heterozigotia e pritur (H_e), nën supozimin e Ekuilibrit Hardy-Weinberg varion nga 0.700 për Matin deri në 0.729 për Dukatin, me një vlerë

mesatare 0.719. Vlerat e F_{IS} variojnë nga 0.054 për Liqenasin deri në 0.133 për Muzhaken. Heterozigotia e vëzhguar (H_o)varion nga 0.641 për Matin në 0.687 për Dukatin, me një mesatare 0.665 për të tre racat. (Tabela 1)

Lokusi	Dukati	Hasi	Mati
DRBP1	***	*	***
INRA063	**		
ILSTS087			*
MAF65			**
SRCRSP09		**	
SRCRSP3	**		***
SRCRSP5	*	***	*
TGLA53		**	
P19	**		***
SRCRSP7			**
ILSTS029	***	*	

Tabela 2. Ekuilibri HW

Popullatat u vlerësuan për devijimet nga HWE per 30 lokuset e mara në analizë. Në tre racat vihen re devijimet nga HWE . Për 2 lokuse (DRP1, SRCRP5) të tre popullatave janë njëkohësisht jashtë këtij ekuilibri, ndërsa për 19 lokuse të tre popullatat rezultojnë njëkohësisht brenda HWE. Popullata “Dukati” rezulton të jetë jashtë ekuilibrit gjenetik për 6 lokuse, popullata “Hasi” për 5 lokuse dhe popullata “Mati” për 7 lokuse. (Tabela 2).

Vlerat e F_{IS} variojnë nga 0.076 për racën “Dukati” deri në 0.101 për racën “Mati”. Mesatarisht shfaqet një deficiet heterozigotie e matur si vlerë F_{IS} prej 0.069 për të gjitha racat dhe lokuset, vlerë e cila kontribuon ndaj F_{IT} për të gjithë popullatën 0.093. Ndërkohë vlera e F_{ST} e cila vlerëson diferencimin gjenetik midis racave rezulton në 0.025. (Tabela 3). Vlerat e mësipërme sugjerojnë se kontributi i Inbreeding-ut në humbjen e heterozigotisë është 97%, ndërsa i Driftit Gjenik në masën 3%.

b) Variacioni gjenetik midis racave

Diversiteti gjenetik për 30 lokuset (H_T) sipas Nei, rezulton në vlerën 0,741 si shumë e diversitetit brenda racës $H_S=0,732$ dhe e diversitetit midis

racave $D_{ST}=0,009$. Të dhënat tregojnë se kontributin më të madh në diferencimin gjenetik e ka diversiteti gjenetik brenda racave me 97%, ndërsa diversiteti gjenetik midis racave kontribuon me 3% në diversitetin gjenetik total për 30 lokuset e mara në shqyrtim. (Grafiku 1).

Lokusi	Fis	Fit	Fst	Nm
CSR247	0.036	0.069	0.034	7.080
DRBP1	0.349	0.370	0.032	7.614
ILSTS011	0.007	0.015	0.009	28.736
ILSTS087	-0.005	0.014	0.019	12.609
INRA023	0.078	0.089	0.012	20.406
INRA063	0.123	0.129	0.007	35.498
InraBern172	-0.018	0.003	0.020	12.006
MAF65	-0.028	-0.004	0.023	10.769
McM527	0.049	0.087	0.040	5.999
OarAE54	-0.011	0.031	0.042	5.664
OarFCB20	0.012	0.038	0.026	9.298
OarFCB48	0.021	0.033	0.012	20.013
SPS113	0.050	0.071	0.022	11.206
SRCRSP09	0.059	0.065	0.006	40.490
SRCRSP23	-0.003	0.020	0.023	10.708
SRCRSP3	0.032	0.070	0.039	6.138
MAF70	0.059	0.069	0.011	22.624
SRCRSP5	0.149	0.170	0.025	9.803
ILSTS005	0.176	0.201	0.030	8.015
ETH10	-0.071	-0.049	0.021	11.913
TGLA53	-0.085	-0.062	0.022	11.188
SRCRSP8	0.045	0.061	0.016	15.000
BM6444	0.199	0.211	0.016	15.657
P19	0.447	0.464	0.031	7.717
MAF209	-0.030	0.049	0.076	3.035
SRCRSP7	0.257	0.282	0.034	7.039
ILSTS029	0.163	0.196	0.040	6.065
SRCRSP15	-0.067	-0.037	0.029	8.469
TCRVB6	0.113	0.130	0.018	13.335
INRABERN185	-0.024	0.005	0.028	8.585
Mesatare	0.069	0.093	0.025	13.089

Tabela 3. Statistika F

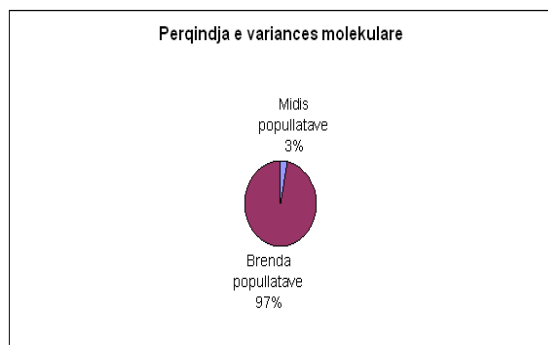
Lokusi	Ho	Hs	Ht	Dst	Dst'	Ht'	Gst	Gst'	Gis
CSR24	0.676	0.714	0.731	0.016	0.025	0.739	0.022	0.033	0.053
DRBP1	0.487	0.766	0.779	0.013	0.019	0.786	0.017	0.025	0.364
ILSTS0	0.765	0.783	0.781	-0.002	-0.003	0.78	-0.003	-0.004	0.024
ILSTS0	0.811	0.821	0.827	0.007	0.01	0.831	0.008	0.012	0.012
INRA02	0.719	0.795	0.795	0	0	0.795	0	0	0.095
INRA06	0.556	0.647	0.643	-0.004	-0.006	0.641	-0.006	-0.009	0.14
InraBe	0.809	0.808	0.816	0.007	0.011	0.82	0.009	0.014	-0.001
MAF65	0.867	0.858	0.868	0.01	0.015	0.873	0.012	0.017	-0.011
McM527	0.692	0.74	0.762	0.022	0.032	0.772	0.028	0.042	0.066
OarAE5	0.808	0.812	0.838	0.026	0.039	0.851	0.031	0.046	0.006
OarFCB	0.677	0.697	0.708	0.01	0.016	0.713	0.015	0.022	0.029
OarFCB	0.821	0.853	0.853	0.001	0.001	0.853	0.001	0.001	0.038
SPS113	0.754	0.808	0.817	0.008	0.012	0.821	0.01	0.015	0.067
SRCRSP	0.722	0.782	0.777	-0.005	-0.007	0.775	-0.006	-0.009	0.076
SRCRSP	0.857	0.869	0.88	0.01	0.015	0.885	0.012	0.017	0.014
SRCRSP	0.521	0.548	0.563	0.016	0.023	0.571	0.028	0.041	0.049
MAF70	0.758	0.821	0.82	-0.001	-0.001	0.819	-0.001	-0.001	0.076
SRCRSP	0.648	0.777	0.786	0.009	0.014	0.79	0.012	0.017	0.166
ILSTS0	0.495	0.613	0.624	0.011	0.016	0.629	0.017	0.025	0.192
ETH10	0.668	0.634	0.641	0.006	0.01	0.644	0.01	0.015	-0.054
TGLA53	0.789	0.739	0.747	0.009	0.013	0.752	0.012	0.017	-0.068
SRCRSP	0.746	0.795	0.799	0.004	0.005	0.8	0.005	0.007	0.062
BM6444	0.722	0.921	0.922	0.001	0.002	0.923	0.002	0.002	0.215
P19	0.466	0.862	0.876	0.013	0.02	0.882	0.015	0.023	0.46
MAF209	0.366	0.362	0.387	0.025	0.038	0.4	0.065	0.095	-0.013
SRCRSP	0.49	0.673	0.687	0.014	0.021	0.694	0.02	0.03	0.273
ILSTS0	0.543	0.662	0.68	0.018	0.027	0.689	0.027	0.039	0.18
SRCRSP	0.658	0.626	0.638	0.012	0.017	0.643	0.018	0.027	-0.05
TCRVB6	0.746	0.858	0.863	0.005	0.008	0.865	0.006	0.009	0.13
INRABE	0.324	0.322	0.328	0.006	0.009	0.331	0.017	0.026	-0.007
Total	0.665	0.732	0.741	0.009	0.013	0.746	0.012	0.018	0.091

Tabela 4. Heterozigotia sipas Nei

Koeficienti i diferencimit gjenetik të popullatave rezulton në vlerën në vlerën 0,012. (Tabela 4) Vlerat e N_m janë më të vogla midis Dukatit dhe Hasit (9.78). Vlera të larta të këtij parametri rezultojnë midis Matit dhe Hasit (11.23) dhe Matit dhe Dukatit (16.6). Vlerat më të mëdha se 1 të këtij parametri tregojnë një fluks më të madh

të gjeneve midis popullatave, duke argumentuar fatkin se diferencimi gjenetik i bazuar në drift është mjaft i kufizuar. Vlerat e larta të fluksit të gjeneve i korespondojnë dhe vlerave të distancës dhe identitetit gjenetik. Distancat gjenetike dhe identitetet gjenetike sipas Nei rezultojnë në vlera të përafërta në kobinimet Dukatit dhe Matit, si

dhe midis Hasi dhe Matit. (Tabela 5&6). Vërehet se shkalla e lartë e migrimit, për pasojë edhe fluksi gjenetik sugjeron një shkallë të lartë rreziku për sa i takon humbjes së diversitetit gjenetik midis racave. Shkalla e lartë e fluksit gjenetik duket që po çon në një homogjenizim të racave.



Racat	Hasi	Mati
Dukati	9.78	16.6
Hasi		11.23
Mati		

Tabela 5. Vlerat e Nm

	Dukati	Hasi	Mati
Dukati		0.124	0.092
Hasi	0.883		0.083
Mati	0.912	0.920	

Tabela 6. Distancat (lart) dhe identiteti gjenetik (poshtë)

Nga rezultatet e mësipërme rezultojn se diversiteti gjenetik është më i lartë brenda racave sesa ai midis racave. Mungesa e librave gjenealogjikë, inbreeding-u dhe fluksi i madh i gjeneve duket se janë faktorët rrezikues të diversitetit gjenetik për 3 racat e mara në analizë.

LITERATURA

1. Belkhir, K.; Borsa, P.; Chikhi, L.; Raufaste, N. and Bonhomme, F. 2001. Genetix, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UPR 9060, Université de Montpellier II, Montpellier (France).

Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32, 314-331.

2. Cañon, J.; Garcia, D.; Garcia-Atance, M.A.; Obexer-Ruff, G.; Lenstra, J.A.; Ajmone-Marsan, P.; Dunner, S. and Econogene Consortium. 2006. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet.*, 37: 327-34.

3. Dobi, P.; Hoda, A.; Sallaku, E. and Kolaneci, V. 2006. Racat autoktone të bagëtimeve të imta., 1st ed.; Tirana, Albania. p 125.

4. Felsenstein, J. 2000. Phylip (Phylogeny Inference Package), Department of Genome Science, University of Washington, Seattle.

5. Goudet, J. 2001. Fstat, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).

<http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html/>

6. Hoda, A., Bozgo, V. (2005): Profili fenotipik i dhisë së Hasi dhe distancat gjenetike midis saj dhe katër popullatave lokale të dhisë së vendit tonë. *Albanian Journal of Agricultural Sciences* 5, 178-181.

7. Li, M-H.; Zhao, S-H.; Bian C.; Wang, H-S.; Wei, H.; Liu B.; Yu, M.; Fan, B.; Chen, S-L.; Zhu, M-J.; Li, S.J.; Xiong, T-A. and Li K. 2002. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet. Sel. Evol.*, 34: 729-44.

8. Li, S-L. and Valenti, A. 2004. Genetic diversity of Chinese indigenous goat breeds based on microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.*, 121: 350-55.

9. Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L.E.B. and Pemberton, J.M. (1998): Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 7, 639-655.

10. Nei, M. (1973b): Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 70, 3321-3323.

11. Nei, M. 1972. Genetic distances between populations. *American Naturalist.*, 106: 283-92.

12. Rout, P.K.; Joshi, M.B.; Mandal, A.; Laloe, D, Singh, L and Thangaraj, K. 2008. Microsatellite

based phylogeny of Indian domestic goats. BMC Genetics., 9.

13. Saitbekova, N.; Gaillard, C.; Obexer-Ruff, G.; Dolf, G. 1999. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis, Anim. Genet., 30: 36-41

14. Wright, S. (1931): Evolution in Mendelian populations. Genetics 16, 97-159.

15. Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution., 19: 395)