Archive of SID

فصلنامه علمی پژوهشی فیزیولوژی و تکوین جانوری
شماره پیاپی ۵۲، جلد ۱۴، شماره ۱، زمستان۹۹، صفحه۱۳ تا ۲۵
Qjaphd.sinaweb.net ISSN: ۹۸۸۰-۱۷۳۵

بررسی چند شکلی ۳۰ نشانگر ریزماهواره در بز مرخز

سجاد بادبرین[۱]، رضا سید شریفی[۲]، حسن خمیس آبادی[۱]، جواد احمد پناه[۱]
۱- عضو هیات علمی، بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه. ایران. badbarin1688@yahoo.com
۲-عضو هیات علمی، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی. اردبیل. ایران.

تاریخ دریافت:۹۸/۹/۱۵ تاریخ پذیرش: ۹۹/۹/۳۰

چکیده

زمینه و هدف: استفاده از نشانگرهای مولکولی و به ویژه نشانگرهای ریز ماهواره به دلیل ویژگی¬های برتر آن ها اطلاعات بسیار ارزشمندی از ساختار ژنتیکی موجود مورد مطالعه را فراهم می¬کند. این اطلاعات می¬تولند جهت حفاظت از موجود در خطر انقراض و یا بررسی مکان ژن¬های تاثیر گذار بر صفات کمی(QTL) مورد استفاده قرار گیرد. هدف از این پژوهش تأکید بر اهمیت نشانگرهای ریزماهواره برای مطالعات تنوع ژنتیکی در بز مرخز و استفاده از آن ها در استراتژی های حفاظت است.

روش کار: در این مطالعه از ۲۴۰ بز مرخز در استان کردستان به صورت تصادفی خونگیری شد. استخراج DNA از نمونه خون کامل و به روش نمکی انجام گرفت. سپس با استفاده از واکنش زنجیره¬ای پلیمراز(PCR) تنوع ژنتیکی ۳۰ نشانگر ریزماهواره مورد بررسی قرار گرفت. آلل¬های هر فرد با استفاده از روش رنگ آمیزی نیترات نقره نمایان شد. پارامترهای ژنتیکی مربوط به ساختار ژنتیکی بز مرخز با استفاده از نرم افزار POPGENE محاسبه شد.

یافته ها: به جز نشانگر INRA040، تمام نشانگرهای استفاده شده به خوبی تکثیر شدند. از میان نشانگرهای تکثیر شده، نشانگر MCM136 چند شکلی پایینی نشان داد اما دیگر نشانگرها چندشکلی بالایی داشتند. نشانگرهای ILSTS030 با ٦ آلل و نشانگر MCM136 با ۳ آلل به ترتیب بیشترین و کم ترین تعداد آلل را تولید کردند. نشانگر ILSTS030 (۰/۷۵۰٤) بیشترین و نشانگر MCM136(۰/۰۱۵۸) کم ترین میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار را نشان دادند.

نتیجه‌گیری: به نظر می¬رسد نشانگرهای ریزماهواره ابزاری مفید و قابل اعتماد برای شناسایی نژادهای بز است و استفاده از آن ها می¬تواند راه حلی برای حفاظت از نژادهای در خطر انقراض باشد.

واژه های کلیدی: بز مرخز، ساختار ژنتیکی، نشانگرهای ریزماهواره.

مقدمه

حیوانات اهلی سهم بسیار مهمی در تامین غذا و منابع پروتئینی انسان¬ها دارند. هم چنین حدود ۳۰ تا ۴۰ درصد از ارزش اقتصادی بخش کشاورزی جهان را تامین می کنند. با این وجود بسیاری از این منابع ژنتیکی در حال فرسایش هستند. بنابر گزارش سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد(FAO) منابع ژنتیکی حیوانات اهلی در جهان به سرعت در حال کاهش و انقراض هستند. از این رو لازم است مکانیزمی فوری برای حفظ و حراست از منابع ژنتیکی و استفاده پایدار از آن ها به ویژه در کشورهای در حال توسعه طراحی و اجرا شود(۱۰). تنوع ژنتیکی(تنوع و چندشکلی آلل¬ها و ژنوتیپ¬های موجود در یک جمعیت) زمینه لازم را برای فرآیندهای سازگاری و تکامل جمعیت¬ها با شرایط ناسازگار محیطی فراهم می¬کند. حفظ تنوع ژنتیکی دام¬های بومی، نکته کلیدی برای بقای طولانی مدت اکثر گونه¬هاست و این حفاظت باید بر اساس اطلاعات جامع مربوط به ساختار ژنتیکی جمعیت¬ها، انجام شود(۱۹). در میان حیوانات اهلی که برای تهیه غذا استفاده می¬شوند، گوسفند و بز اولین حیواناتی هستند که به دست انسان¬ها اهلی شده¬اند. بزها اصولاً کم توقع بوده

www.SID.ir

Archive of SID

و در مقابل محصـولات متنوعی تولید می¬کنند، بنابراین یکی از مناسب ترین دام¬های اهلی هستند که می¬توانند از مراتع و پس چرهـای زراعی تغـذیـه نموده و پروتئین حیوانی تولید کنند(۱۶). بعضی از دانشمندان معتقدند که آریـایی¬هـا ابتـدا بـه اهلی کردن بز پرداختـه و اسـتـان کردسـتان مهد پرورش بز بوده اسـت. صـنعت پرورش گوسفند و بز در اقتصاد ملی کشور نقش قابل ملاحظه ای دارد، به طوری که بخش عمده ای از تولیدات گوشـت قرمز، شـیر و پشـم از این صـنعت تأمین می شـود اما این حرفه در کشـور به دلایل مختلف در مسـیر غیر اقتصـادی شـدن و حذف تدریجی از چرخه تولید قرار گرفته اسـت. اهمیت پرورش بز در ایران در درجه اول به خاطر تولید گوشـت و در درجه دوم شـیر می¬باشـد، اما بزهای دنیا ابتدا از نظر تولید شیر و سپس تولید گوشت و مو اهمیت دارنـد. از مهم ترین نژادهـای موئی در دنیـا می¬توان نژادهـای آنقوره و کشـمیر را نـام برد. بز مرخز(آنقوره ایرانی) یکی از ذخایر ژنتیکی با ارزش کشور است که در مناطق غرب کشـور و بیشـتر در اسـتان کردسـتان پرورش داده می¬شوند. تولید ۹۰ لیتر شیر در یک دوره شیردهی، ۹۵ درصـد باروری، ۲۶ درصـد دوقلوزایی، ۸۰ درصـد راندمان تولید الیاف، ۱۴ سانتی متر میانگین طول تار الیاف و ۲۷ میکرون میانگین قطر تار الیاف از خصـوصـیات این نژاد است(۱). روش معمول و اصلی بهبود ژنتیکی دام¬ها با اسـتفاده از علم اصـلاح نژاد بر اسـاس تعیین اهداف اصلاح نژاد و شناسایی دقیق حیوانات برتر از نظر ژنتیکی با استفاده از مدل دام برای تولید نسـل بعد می¬باشـد. در مـدل دام بـا اسـتفـاده از منـابع اطلاعـاتی خود دام و خویشـاونـدانش ارزش ارثی آن دام تخمین زده می شود(۱۲). شناسایی پتانسیل¬های ژنتیکی، اصلاح درون نژادی بزها و انتقال دسـتاوردهای اصـلاحی حاصـل به گله¬های بومی از طریق توزیع بزهای اصـلاح شـده، همگی عواملی هسـتند که می¬تواند سـبب ایجاد یک تحول بزرگ در بخش پرورش و نگهداری بز شود. بهبود ژنتیکی دام ها از طریق اصـلاح نژاد، بر انتخاب افراد برتر متمرکز شـده اسـت. توسـعه روش های آماری موجب افزایش دقت انتخاب افراد برتر برای تشـکیل نسـل بعد و متعاقب آن افزایش کمی و کیفی تولیدات دامی شـده است. با وجود این که، اطلاعات موجود در مورد ساختار و عملکرد ژنوم می¬تواند در برنامه¬های اصـلاح نژادی مختلف مورد اسـتفاده قرار گیرد اما به دلیل کمّی بودن صفات مهم اقتصادی و کنترل آن ها به وسیله چندین ژن و تاثیر شـدید عوامل محیطی روی آن ها، مطالعه ژنتیکی صفات کمی بسیار مشکل است. در صورتی که بتوان با اعمال روش¬های مناسـب، تعداد ژن¬ها، جایگاه ژنومی و سـهم هر یک از آن ها را در کنترل تنوع فنوتیپی این صفات مشخص نمود، شاید بتوان همانند صفات تک ژنی به اصـلاح این صـفات پرداخت. مکان¬های ژنی صـفات کمّی(QTL) ناحیه¬های از ژنوم هسـتند که بخشـی از واریانس فنوتیپی صـفات کمّی مشـاهده شـده را توجیه کند(۱۱). برای جسـتجوی QTL ابتدا باید ژنوتیپ افراد مورد بررسـی از نظر تعداد زیادی نشـانگر ژنتیکی تعیین شـده و نقشه پیوستگی ژنتیکی این جمعیت¬ها تهیه و در خاتمه از روش¬های آماری مناسـب برای ارتباط دادن بین ارزش¬های فنوتیپی و ژنوتیپی افراد جمعیت اسـتفاده شـود. اسـتفاده از این روش اصـلاح نژادی(انتخاب به کمک نشانگر) می¬تواند منجر به افزایش صحت انتخاب به دلیل وارد کردن اطلاعات بیشـتر در معادله انتخاب شـود. اولین قدم برای اسـتفاده از این تکنولوژی تعیین ژنوتیپ حیوانات مورد مطالعه بر اسـاس نشـانگرهای ژنتیکی می¬باشـد. نشـانگرهای ریزماهواره شـامل مناطق تکراری از ژنوم هسـتند که به طور پشـت سـر هم تکرار می¬شـوند. طول این واحدهای تکراری بین ۲ تا ۴ جفت باز اسـت که به تعداد ۵ تا ۲۰ مرتبه تکرار می¬شـوند. از آن جا که تعداد این واحدهای تکرار شـونده بین افراد

www.SID.ir

Archive of SID

موجود در یک جمعیت متفاوت است، تعداد زیادی آلل در آن جمعیت مشخص ایجاد می¬شود. نشانگرهای ریزماهواره به دلیل چندشکلی بالا، هم بارز بودن، مکان کروموزومی مشخص، قرار گرفتن در نواحی نا رمزگر ژنوم، سادگی و هزینه نسبتاً پایین، کاربرد بسیار زیادی در تهیه نقشه¬های پیوستگی پیدا کرده¬اند(۸). با توجه به این که مهم ترین قدم به منظور مکان¬یابی QTLها، تعیین ژنوتیپ افراد مورد بررسی با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی می¬باشد، بنابراین این نشانگرها اطلاعات بسیار با ارزشی در اختیار متخصص مربوطه قرار داده و در صورت شناخت اولیه از نحوه تکثیر آن ها و برآورد پارامترهای مربوطه، مکان¬یابی QTL با سهولت بیشتری انجام خواهد گرفت. تاکنون چندین تحقیق با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره روی بزهای کشور انجام گرفته است. هرچند تعداد نشانگرهای بررسی شده در این تحقیقات محدود بوده است، اما بیشتر آن ها نشان دهنده سطح بالای تنوع ژنتیکی در میان بزهای بومی کشور است. تحقیقی که با هدف بررسی چند شکلی هشت نشانگر ریزماهواره روی بزهای نژاد رائینی انجام گرفت، نشان داد که تنوع ژنتیکی نسبتاً بالا برای جایگاه¬های بررسی شده وجود داشت(۳). هم چنین هتروزیگوسیتی محاسبه شده برای بزهای سرخ جبال بارز با استفاده از هشت نشانگر ریزماهواره نشان دهنده سطح نسبتاً بالا تنوع ژنتیکی در این جمعیت بود(۴). در نژادهای خارجی نیز تحقیقات بسیار زیادی روی محاسبه تنوع ژنتیکی بزها با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره انجام گرفته است. از جمله این تحقیقات می¬توان به بررسی تنوع ژنتیکی ۳۹۳ بز بومی کناری در کشور اسپانیا به وسیله ۲۷ نشانگر ریزماهواره اشاره نمودند. در آن تحقیق میانگین تعداد آلل به ازای هر نشانگر برابر با ۵/۹۱ آلل و تنوع ژنتیکی در فاصله ۰/۲۹ تا ۰/۸۴ محاسبه شد. ایشان بیان کردند که ساختار ژنتیکی جمعیت بز کناری پیچیده بوده و مسیر تکاملی جمعیت¬های مختلف آن در هر منطقه متفاوت است. این پدیده احتمالاً به دلیل سازگاری با شرایط مختلف محیطی موجود در منطقه پراکنش آن ها باشد. در این جمعیت نتایج به دست آمده از نشانگرهای ریزماهواره با نتایج حاصل از داده¬های مورفولوژیکی تطابق داشت. هم چنین داده¬های ژنتیکی در این تحقیق نشان داد که نژادهای با شباهت فنوتیپی بیشتر، شباهت ژنتیکی بیشتری نیز داشتند. هم چنین دو جمعیت کناری و گومرا اختلاف زیادی از نظر ژنتیکی نداشتند و نمی¬توان آن ها را جمعیت¬های جدا از هم دانست بلکه باید آن ها را متعلق به یک نژاد در نظر گرفت. در مجموع پیشنهاد شد که استفاده از نشانگرهای ریزماهواره یکی از روش¬های کارآمد در بررسی ساختار ژنتیکی بزها می¬باشد(۱۵). در تحقیقی با استفاده از ۱۵ نشانگر ریزماهواره ساختار ژنتیکی و روابط فیلوژنتیک شش نژاد بز در کشور چین بررسی شد. در مجموع ۱۷۲ آلل در ۳۴۷ نمونه از نژادهای بز شیری مورد مطالعه شناسایی شد. میانگین تعداد آلل¬های موثر ۴/۹۲ آلل به دست آمد. نتایج این تحقیق نشان داد که یک رابطه ژنتیکی نزدیک بین بزهای وندنگ و لائوشان و هم چنین گوانگژونگ و زینونگ وجود دارد. این نزدیکی ژنتیکی با تاریخ شکل¬گیری و توزیع جغرافیایی این نژادها مطابقت داشت. این تحقیق نشان داد که اتخاذ استراتژی¬های مدیریت ژنتیکی مانند انتخاب افراد با رابطه ژنتیکی کمتر و انتخاب چند صفتی، در حفظ تنوع ژنتیکی نژادهای بومی چین مفید بوده است. در مجموع نتایج این تحقیق نشان داد که نژادهای بزهای شیری بومی در کشور چین دارای تنوع ژنتیکی بالایی هستند(۲۱). لذا پژوهش حاضر با هدف بررسی میزان تنوع ژنتیکی بزهای مرخز استان کردستان با استفاده از ۳۰ نشانگر ریزماهواره صورت گرفت.

مواد و روش¬ها

www.SID.ir

Archive of SID

اندازه نمونه یکی از عوامل مهم تأثیرگذار بر دقت برآورد پارامترهای تنوع ژنتیکی جمعیت است. اندازه‌های کوچک نمونه اغلب منجر به خطاهای قابل توجهی مخصوصاً در مورد تعداد آلل¬های موثر و هتروزیگوسیتی مورد انتظار دارد. از آن جا که این پارامترها، پارامترهای بسیار مهمی جهت برآورد تنوع ژنتیکی یک جمعیت است، بنابراین جمعیت تا حدودی بزرگ باشد تا صحت برآوردها بیشتر باشد. بنابراین با توجه به امکانات موجود تعداد ۲۴۰ بز مرخز در استان کردستان و به صورت تصادفی و حتی الامکان غیرخویشاوند از گله¬های مردمی انتخاب شدند. خون¬گیری از سیاهرگ وداج و با استفاده از لوله های شیشه¬ای خلاء دار حاوی EDTA انجام گرفت. DNA به روش نمکی استخراج شد(۱۳). کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتری نانودراپ ۱۰۰۰ تعیین گردید. برای این منظور حجم معینی از DNA ژنومی با بافر TE رقیق شده، سپس شدت نور تابیده شده به نمونه¬ها در داخل دستگاه اسپکتروفتومتری در طول موج¬های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر یادداشت شد. نسبت بین این دو جذب(A260 /A280) معیاری از خلوص DNA را نشان می¬دهد. هم چنین هر واحد جذب در طول موج ۲۶۰ نانومتر متناظر با ۵۰ میکروگرم بر میلی لیتر از DNA ژنومی می¬باشد(۱۸). غلظت DNA استخراج شده با استفاده از آب مقطر به ۵۰ نانوگرم بر میکرولیتر رسانده شد. با توجه به این که هدف این تحقیق بررسی پلی¬مورفیسم نشانگرهای ریزماهواره و استفاده از این اطلاعات جهت مطالعات بعدی به خصوص مکان¬یابی QTLها بود، بنابراین تعداد نشانگرهای ژنتیکی به گونه¬ای انتخاب شد که سطح بیشتری از ژنوم بز مرخز را تعیین ژنوتیپ کنند. نشانگرهای مورد استفاده در تحقیق حاضر با توجه به تحقیقات پیشین(۷) و نقشه ژنومی بز به آدرس http://dga.jouy.inra.fr/cgi-bin/ lgbc / main. pl?BASE =goat انتخاب گردید. تمام نمونه های گرفته شده برای ۳۰ نشانگر ریزماهواره تعیین ژنوتیپ شدند(جدول ۱). جفت آغازگرهای لازم برای تکثیر جایگاه¬های مزبور از شرکت Generay Biotech خریداری شدند. با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Biometra ساخت کشور آلمان مراحل چرخه ای تکثیر DNA انجام گرفت. چرخه¬های واکنش PCR شامل واسرشته سازی اولیه به مدت ۵ دقیقه(۹۵ درجه سانتی گراد)، مراحل چرخه ای در ۳۰ مرحله شامل واسرشته سازی به مدت ۳۰ ثانیه(۹۴ درجه سانتی گراد)، اتصال به مدت ۴۰ ثانیه در دمای اتصال مخصوص هر نشانگر و بسط به مدت ۶۰ ثانیه(۷۲ درجه سانتی گراد) و هم چنین بسط نهایی به مدت ۵ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام گرفت. با در نظر گرفتن اندازه آلل¬ها و قدرت تفکیک ژل¬های پلی اکریل آمید مختلف، از ژل پلی اکریل آمید ۶ درصد برای تفکیک آلل¬های مورد نظر استفاده و با استفاده از روش رنگ آمیزی قلیایی سریع باندها نمایان شد(۶). باندها با استفاده از نشانگرهای اندازه PUC MIX MARKER 8 به عنوان معیار، اندازه گیری شد(Thermo Scientific SM0303). پس از عکس-برداری، تصویر ژل¬ها در کامپیوتر ذخیره و سپس با استفاده از نرم افزار Gel-Pro Analyzer 4.0 اندازه باندها تعیین شد(Media Cybernetics, Silver Spring, MD, USA). در نرم افزار Gelpro دو نقطه هم سطح در دو سمت ژل تعریف شده و بر اساس اندازه¬های فوق تعداد آلل¬ها و ژنوتیپ دام مورد نظر مشخص گردید. الگوهای نواری بر اساس وجود و یا عدم وجود باندها امتیازدهی شد. از آن جا که ریزماهواره¬ها توارث هم بارز دارند، هموزیگوت و هتروزیگوت بودن هر فرد با توجه به مشاهده یک یا دو باند مشخص گردید. آماره¬هایی که ساختار ژنتیکی بز مرخز برای جایگاه¬های مورد مطالعه را نشان می¬دهند عبارتند از

www.SID.ir

Archive of SID

تعداد آلل¬های مشاهده شده(Na)، تعداد آلل¬های موثر(Ne)، هموزیگوسیتی مشاهده شده((Hom(o))، هتروزیگوسیتی مشاهده شده((Het(o))، هموزیگوسیتی مورد انتظار((Hom(e))، هتروزیگوسیتی مورد انتظار((Het(e))، هتروزایگوسیتی مورد انتظار نی(Nei Exp-Het) و شاخص اطلاعات شانون(I) که با استفاده از نرم افزار POPGENE برآورد گردیدند. مطالعه انواع تغییرات در جوامع مشخص کننده وسعت تنوع ژنتیکی می¬باشد. راه¬های مختلفی برای بررسی تنوع ژنتیکی یک جمعیت وجود دارد که ساده¬ترین آن اندازه¬گیری فراوانی آلل¬ها یا ژنوتیپ¬ها می¬باشد. آلل¬های مشاهده شده درحقیقت تعداد آلل¬های موجود در هر جایگاه ژنی است. این معیار به شدت تحت تاثیر اندازه نمونه بوده به همین جهت این امکان وجود دارد که در آزمایشات گوناگون با تعداد نمونه¬های متفاوت تعداد آلل¬های مختلفی برای یک جایگاه معین بدست آید. معیار دیگری که منعکس کننده تعداد آلل¬ها است، تعداد آلل¬های موثر می¬باشد. این معیار بیانگر تعداد آلل¬هایی است که هتروزیگوسیتی یکسان ایجاد می¬کنند(رابطه ۱).

رابطه ۱: ne=1//∑Pi ۲

در این رابطه Pi فراوانی هریک از آلل¬ها و ∑ جمع فراوانی¬های به دست آمده را نشان می¬دهد. هم چنین میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده با استفاده از رابطه ۲ محاسبه شد.

رابطه ۲: Heto=∑Nij/N

در این رابطه N تعداد جایگاه¬های مورد بررسی، Ho میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده برای هر جایگاه و Nij تعداد افراد هتروزیگوت برای جایگاه مورد نظر می¬باشد. فراوانی هتروزیگوت¬ها از این جهت اهمیت دارد که هر هتروزیگوت ناقل آلل¬های متفاوتی است و این نشان دهنده وجود تنوع است. به همین دلیل معمول¬ترین معیار محاسبه تنوع ژنتیکی در یک جمعیت مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار است که برآوردی از میزان تنوع ژنتیکی برای نشانگرهای مورد بررسی در درون آن جمعیت را فراهم می¬کند (رابطه ۳).

رابطه۳:

$$\text{Nei's Unbiased Hetetrozygosity} = \frac{2n}{2n-1}(1-\sum {p_{ii}}^2)$$

در این رابطه Pii فراوانی آلل¬های هموزیگوت نشانگر ریزماهواره مورد نظر می¬باشد.

نتایج

در این تحقیق با استفاده از ۳۰ جفت آغازگر ریزماهواره تنوع ژنتیکی و میزان پلی مورفیسم ۲۴۰ راس بز مرخز واقع در استان کردستان بررسی گردید. این آغازگرها از شش کروموزوم بز انتخاب شدند به طوری که روی کروموزوم ۱ هشت جفت و روی کروموزم ۱۳ دو جفت آغازگر وجود داشت. از ۳۰ نشانگر ریزماهواره مورد استفاده در این تحقیق، ۲۹ نشانگر تکثیر مناسبی نشان دادند(شکل ۱) و تنها نشانگر INRA040 هیچ گونه تکثیری نشان نداد. الگوهای نواری آغازگر چهار آغازگر برای هشت فرد یکسان از بز مرخز در شکل ۱ نشان داده شده است. با بررسی آلل¬ها مشاهده شد که برخی از نشانگرها در بعضی از افراد هیچ گونه تکثیری نشان ندادند که می¬تواند به علت جهش های انفرادی آن افراد در آن مکان ژنی باشد. از میان ۲۹ نشانگر تکثیر شده در مجموع ۱۲۳ آلل و به طور میانگین تعداد ۴/۱ آلل برای هر نشانگر مشاهده شد. بیشترین تعداد آلل مشاهده شده در جایگاه ژنی ILSTS030(۶ آلل) و کم ترین تعداد آلل در جایگاه ژنی MCM136(۳ آلل) مشاهده شد(جدول ۲). میانگین تعداد آلل¬های موثر یا مورد انتظار در همه مکان¬های ژنی برابر با ۲/۷۳ به دست آمد. بیشترین و کم ترین تعداد آلل مورد انتظار به ترتیب مربوط به نشانگرهای BM3205 (۳/۸۷۷۹) و MCM136 (۱/۰۱۵۹) به دست آمد. بنابراین

www.SID.ir

Archive of SID

احتمالاً نشانگر BM3205 نسبت به سایر نشانگرها تنوع بیشتری دارد.بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده مربوط به نشانگرهای ILSTS004، BM1312، ILSTS034 و BMS1920 و کمترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده مربوط به نشانگر MCM136 بود. بنابراین نشانگرهای فوق در این پژوهش بیشترین میزان اطلاعات و نشانگر MCM136 کمترین میزان اطلاعات مورد نظر را فراهم کرده¬اند.

جدول ۱- نام نشانگر مورد استفاده، میزان پوشش و طول کروموزوم‌های بررسی شده

نام نشانگر	کروموزوم	دمای اتصال	توالی رفت	توالی برگشت
ILSTS004	۱	۴۶/۴	5-CTTAAAATCTGTCTTCTTCC-3	5-TAGTGTGTATTAGGTTTCTCC-3
BM4307	۱	۵۲/۷	5-ATAACACAAAAAGTGGAAAACACTC-3	5-ATTTTATCTCAGGTCCCTTTTTATC-3
INRA011	۱	۶۱/۴	5- CGAGTTTCTTTCCTCGTGGTAGGC-3	5-GCTCGGGCACATCTTCCTTAGCAAC-3
BM1312	۱	۵۳/۸	5-CCATGTGCTGCAACTATGAC-3	5-GGAATGTTACTGAACCTCTCCG-3
LSCV06	۱	۵۳/۴	5-GACTTCTCCCAGTAGGCTGG-3	5-GCTGTTCGGAAGTGATGTAG-3
CSSM32	۱	۴۸/۵	5-TTATTTTCAGTGTTTCTAGAAAAC-3	5-TATAATATTGCTATCTGGAAATCC-3
CSSM19	۱	۵۳/۴	5-TGTTTTAAGCCACCCAATTATTTG-3	5-TTGTCAGCAACTTCTTGTATCTTT-3
BM3205	۱	۵۲/۴	5-TCTTGCTTCCTTCCAAATCTC-3	5-TGCCCTTATTTTAACAGTCTGC-3
INRA040	۲	۵۴/۲	5-TCAGTCTGGAGGAGAGAAAAC-3	5-CTCTGCCCTGGGGATGATTG-3
ILSTS030	۲	۵۲/۱	5-CTGCAGTTCTGCATATGTGG-3	5-CTTAGACAACAGGGGTTTGG-3
ILSTS082	۲	۵۱/۵	5-TTCGTTCCTCATAGTGCTGG-3	5-AGAGGATTACACCAATCACC-3
LSCV37	۲	۵۳/۶	5-GACAACCAACAAGGACAACAAG-3	5-CAGGTGTATAGCCAAGTGATTC-3
IDVGA64	۲	۵۳/۲	5-GCAGAGGAGGTTTTCAGATTC-3	5-CGGAGATCAGAGCACTTGTC-3
OarFCB011	۲	۶۱/۱	5-GCAAGCAGGTTCTTTACACTAGCACC-3	5-AACTCACAAGTTGATATATCTATCAC-3
OarFCB005	۵	۵۸	5-AAGTTAATTTTCTGGCTGGAAAACCC-3	5-GACCTGACCCTTACTCTCTTCACTC-3
LSCV25	۵	۵۰/۸	5-CTCCTTACCATCCCGATTAG-3	5-GAGGTGTCTGAGGGAAGAG-3
BMS1248	۵	۵۴/۲	5-GTAATGTAGCCTTTTGTGCCG-3	5-TCACCAACATGAGATAGTGTGC-3
ILSTS034	۵	۵۴/۱	5-AAGGGTCTAAGTCCACTGGC-3	5-GACCTGGTTTAGCAGAGAGC-3
BM2830	۵	۵۴	5-AATGGGCGTATAAACACAGATG-3	5-TGAGTCCTGTCACCATCAGC-3
ILSTS059	۱۳	۵۲/۲	5-AGTATGGTAAGGCCAAAGGG-3	5-CGACTTGTGTTGTTCAAAGC-3
IL2RA	۱۳	۵۹/۳	5-AGCAGAGGTACAGGTGGTAAGCA-3	5-GATATGCCTTGGAGAAGGTAGCGTAT-3
BMS0745	۱۹	۵۴/۵	5-TAGGGACTTGTTACCCGTGG-3	5-TGCAAGCTGTGAGGAGGAG-3
BMS1920	۱۹	۵۳	5-TCCCACCTACTTGGAAAATTG-3	5-ATGACTCAATGACCAACTGACC-3
LSCV36	۱۹	۵۲	5-GAGTTTTCAGAGCCTTCAGC-3	5-CTTATGTGTGTTTGCTCACAG-3
McM210	۱۹	۵۵	5-AGAATCAACTGAATTCCAAATCCA-3	5-GGGAGAAGACATTTAACTCCTCACT-3
MAP2	۱۹	۵۴/۶	5-AAGGATTCTGTCTGATACCACTTAG-3	5-TTTACCAGACAGTTTAGTTTTGAGC-3
BMS2526	۲۴	۵۳/۸	5-CAGGCTCCATGTTGGACAC-3	3-CATCAGGTTGGCAGAGTCG-3
CSSM31	۲۴	۵۲/۳	5-CCAAGTTTAGTACTTGTAAGTAGA-3	5-GACTCTCTAGCACTTTATCTGTGT-3
BMS1332	۲۴	۵۲/۸	5-GCTGCTGGAAATGTAAAAAGG-3	5-GAGTTGGAAATGACTGAAGCG-3
MCM136	۲۴	۵۷/۳	5-GCACACACATACACAGAGATGCG-3	5-AAAGAGGAAAGGGTTATGTCTGGA-3

www.SID.ir

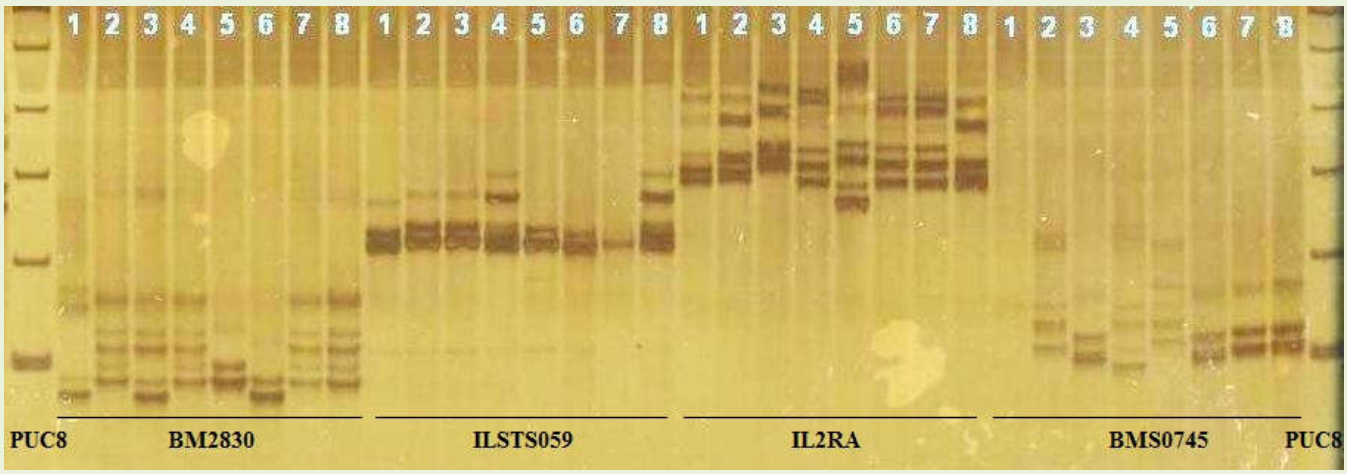
Archive of SID

جدول ۲- آماره‌های توصیف کننده تنوع ژنی در نشانگرهای مورد بررسی

نام نشانگر	تعداد آلل مشاهده شده	تعداد آلل مورد انتظار	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	تنوع ژنی نئی	شاخص شانون
ILSTS004	۴	۲/۶۲۲۷	۱	۰/۶۲۰۳	۰/۶۱۸۷	۱/۰۵۰۸
BM4307	۳	۲/۵۳۵۱	۰/۹۴۷۹	۰/۶۰۷۱	۰/۶۰۵۵	۱/۰۰۸۸
INRA011	۵	۲/۷۲۲۸	۰/۹۹۴۸	۰/۶۳۴۴	۰/۶۳۲۷	۱/۰۸۵۱
BM1312	۵	۲/۸۷۷۳	۱	۰/۷۴۴۲	۰/۷۴۲۱	۱/۳۹۱۸
LSCV06	۴	۲/۵۲۷۲	۰/۷۴۷۳	۰/۶۰۶۰	۰/۶۰۴۳	۱/۰۰۹۹
CSSM32	۴	۲/۰۴۹۵	۰/۹۶۸۸	۰/۵۱۳۴	۰/۵۱۲۱	۰/۷۶۱۶
CSSM19	۳	۲/۰۴۹۴	۰/۹۷۳۸	۰/۵۱۳۴	۰/۵۱۲۱	۰/۷۵۳۰
BM3205	۵	۳/۸۷۷۹	۰/۹۸۹۱	۰/۷۴۴۲	۰/۷۴۲۱	۱/۴۱۹۵
ILSTS030	۶	۳/۹۷۲۶	۰/۹۹۴۳	۰/۷۵۰۴	۰/۷۴۸۳	۱/۴۶۵۷
ILSTS082	۵	۲/۷۹۹۶	۰/۹۰۹۱	۰/۶۴۴۶	۰/۶۴۲۸	۱/۱۹۶۷
LSCV37	۳	۲/۴۷۸۷	۰/۸۷۰۸	۰/۵۹۸۲	۰/۵۹۶۶	۰/۹۹۹۵
IDVGA64	۳	۲/۱۹۱۹	۰/۹۷۳۷	۰/۵۴۵۲	۰/۵۴۳۸	۰/۸۵۰۸
OarFCB011	۳	۲/۶۷۴۸	۰/۹۹۴۷	۰/۶۲۷۸	۰/۶۲۶۱	۰/۴۱۲۰
OarFCB005	۵	۳/۳۰۷۲	۰/۹۴۰۵	۰/۶۹۹۵	۰/۶۹۷۶	۰/۳۰۴۰
LSCV25	۵	۳/۰۴۳۳	۰/۹۷۴۲	۰/۶۷۳۶	۰/۶۷۱۴	۱/۲۷۶۳
BMS1248	۴	۳/۱۳۷۲	۰/۹۸۹۳	۰/۶۸۳۱	۰/۶۸۱۲	۱/۲۵۰۲
ILSTS034	۳	۲/۵۳۸۱	۱	۰/۶۰۷۶	۰/۶۰۶۰	۱
BM2830	۵	۳/۶۲۵۸	۰/۹۷۸۹	۰/۷۲۶۱	۰/۷۲۴۲	۱/۳۸۱۴
ILSTS059	۳	۲/۶۳۶۳	۰/۹۲۱۱	۰/۶۲۲۳	۰/۶۲۰۷	۱/۰۳۳۶
IL2RA	۴	۲/۶۰۵۷	۰/۹۷۳۸	۰/۶۱۷۸	۰/۶۱۶۲	۱/۰۷۳۷
BMS0745	۵	۳/۲۸۳۰	۰/۹۸۹۴	۰/۶۹۷۲	۰/۶۹۵۴	۱/۳۱۲۸
BMS1920	۴	۲/۸۹۰۲	۱	۰/۶۵۵۸	۰/۶۵۴۰	۱/۱۹۷۱
LSCV36	۳	۲/۷۱۶۴	۰/۹۴۵۹	۰/۶۳۳۶	۰/۶۳۱۹	۱/۰۴۰۶
McM210	۵	۱/۸۵۹۴	۰/۵۱۳۷	۰/۴۶۳۴	۰/۴۶۲۲	۰/۹۱۱۹
MAP2	۵	۲/۹۶۱۳	۰/۸۲۰۲	۰/۶۶۴۲	۰/۶۶۲۳	۱/۲۸۸۷
BMS2526	۴	۲/۷۷۴۵	۰/۸۸۷۷	۰/۶۴۱۳	۰/۶۳۹۶	۱/۱۰۵۵
CSSM31	۵	۲/۸۴۰۸	۰/۹۲۲۷	۰/۶۴۹۸	۰/۶۴۸۰	۱/۲۰۹۳
BMS1332	۴	۲/۵۷۹۵	۰/۹۶۲۶	۰/۶۱۴۰	۰/۶۱۲۳	۱/۰۴۶۳
MCM136	۳	۱/۰۱۵۹	۰/۰۱۵۸	۰/۰۱۵۷	۰/۰۱۵۷	۰/۰۵۱۱
میانگین	۴/۱۰۳۴	۲/۷۳۰۸	۰/۹۰۳۵	۰/۶۱۴۳	۰/۶۱۴۳	۱/۰۳۰۶

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۱: الگوی باندی نشانگرهای BM2830، ILSTS059، IL2RA، BMS0745 برای هشت فرد بز مرخز و نوار سمت راست و چپ نشانگر اندازه PUC8 می‌باشد.

میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده تمام نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق به نسبت بالا و برابر با ۰/۹۰۳۵ برآورد گردید(جدول ۲). نزدیکی این عدد به ۱ نشان می¬دهد که میزان هتروزیگوسیتی برآورد شده در اکثر نشانگرها بالا بوده و نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این پژوهش، نشانگرهای خوبی برای بررسی تنوع در سطح DNA بز مرخز هستند. هتروزیگوسیتی مورد انتظار نااریب یا تنوع ژنی نئی در برای هر نشانگر در جدول ۲ خلاصه شده است. دامنه آن بین ۰/۰۱۵۷ تا ۰/۷۴۸۳ بود که کم ترین مقدار مربوط به نشانگر MCM136 و بیشترین مقدار آن مربوط به نشانگر ILSTS030 بود. میانگین تنوع ژنی نااریب محاسبه شده برابر با ۰/۶۱۴۳ بود که نشان دهنده سطح متوسط روبه بالای این پارامتر می¬باشد. این حالت می¬تواند ناشی از کاهش جمعیت بز مرخز باشد. چون حد نهایی هتروزیگوسیتی برابر با یک می¬باشد، بنابراین مقادیر هتروزیگوسیتی به افزایش تنوع زیاد حساس نیست، مقایسه این مقادیر به‌عنوان معیار تنوع درون جمعیتی برای نشانگرهای بسیار چندشکل هم چون ریزماهواره‌ها(که در اکثر موارد هتروزیگوسیتی حدود ۰/۸ یا بالاتر دارند) صحیح نبوده و این تفاوت‌های میان آن ها اطلاعات دقیقی را بیان نمی کنند. لذا، شاخص اطلاعات شانون به عنوان یکی از شاخص¬های نشان دهنده تنوع ژنتیکی در این حالت می تواند مورد استفاده قرار گیرد. حد نهایی این شاخص برابر با Ln(n) می باشد، بنابراین حساسیت بیشتری در زمانی که نشانگرها چند شکلی بیشتری نشان می¬دهند، دارد. میانگین شاخص شانون برای همه جایگاه¬ها برابر با ۱/۰۳۰۶ به دست آمد. بیشترین مقدار شاخص شانون مربوط به نشانگر ILSTS030(۱/۴۶۵۷) بود که با توجه به تعداد آلل موثر(۳/۹۷۲۶ آلل) و تعداد آلل مشاهده شده(۵ آلل) در این مورد منطقی به نظر می¬رسد. کم ترین مقدار شاخص شانون مربوط به جایگاه MCM136(۰/۰۵۱۱) بود که با توجه به این که افراد مورد مطالعه برای این جایگاه¬ها کمترین تعداد آلل موثر(۱/۰۱۵۹) و مشاهده شده را دارند، قابل توجیه است. هم چنین نتایج حاصل از این شاخص با نتایج حاصل از هتروزیگوسیتی¬ها(از نظر بیشترین و کمترین مقدار) متناسب بود.

بحث و نتیجه گیری

نژادهای بومی به علت تکامل در منطقه پراکنش خود طی چندین هزار سال، به عنوان سرمایه و محصول کلیدی آن منطقه مطرح هستند. تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت¬ها و نژادهای حیوانات اهلی منبع ارزشمندی در

www.SID.ir

Archive of SID

سیستم¬های پرورش آن ها به حساب می¬آید. از آن جا که برای بهبود ژنتیکی دام¬ها تنوع ژنتیکی زیادی لازم است، بنابراین اطلاع از تنوع ژنتیکی، یک نیاز اساسی جهت طراحی برنامه¬های اصلاح نژاد دام است. تاکنون از نشانگرهای ژنتیکی به طور گسترده¬ای برای مطالعه تنوع ژنتیکی استفاده شده است. علاوه بر این، پلی¬مورفیسم تعیین شده توسط این نشانگرها یکی از پارامترهای ارزشمند برای مطالعه جمعیت¬ها و مکان¬یابی QTLهای کنترل کننده صفات کمی است. QTLها نواحی ژنومی هستند که بخشی از واریانس فنوتیپی صفات مشاهده شده را توجیه می¬کنند. مکان¬یابی QTL یکی از روش¬هایی است که در دهه¬های اخیر برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی توسعه یافته است. در این روش تفرق همزمان صفات کمی و نشانگرهای مولکولی بررسی می¬شود و در نهایت مکان QTLها روی ژنوم شناسایی می¬گردد. از اینرو می¬توان از نتایج آن در برنامه¬های انتخاب به کمک نشانگر(MAS) استفاده نمود. اگر QTLهای موثر بر صفات شناسایی شوند و نشانگرهای ژنتیکی همبسته با این QTLها مشخص گردند، برنامه¬های اصلاح نژادی برای صفات با وراثت پذیری پایین که معمولاً بسیار مشکل و پر هزینه¬اند، آسانتر شده و به جای انتخاب و تلاقی¬های مبهم و بعضاً نادرست، با استفاده از انتخاب به کمک نشانگر برنامه¬های اصلاحی جهت¬دار دنبال می-گردند. بنابراین بررسی پلی مورفیسم نشانگرهای ریزماهواره که نشانگرهای کلیدی جهت مکان¬یابی QTL هستند، علاوه بر فراهم آوردن شناخت تنوع ژنتیکی آن موجود، می¬تواند زمینه را برای مکان¬یابی QTLهای آن هموارتر نماید. تعداد آلل¬های مورد انتظار در هر جایگاه ژنی با درصد چند شکلی در آن جایگاه رابطه مستقیم دارد. این ضریب از معکوس مقدار هتروزیگوسیتی در یک جایگاه محاسبه شده و می¬توان آن را یکی از معیارهای نشان دهنده میزان چند شکلی و هتروزیگوسیتی دانست. هرچه میانگین تعداد آلل مورد انتظار بیشتر باشد، نشان دهنده اثر خوب تر آلل¬ها در نشان دادن چندشکلی و تخمین تنوع ژنتیکی است. میانگین تعداد آلل¬های مورد انتظار در همه مکان¬های ژنی برابر با ۲/۷۳۰۸ به دست آمد که این امر نشان دهنده اثر خوب آلل¬ها در نشان دادن چند شکلی و برآورد تنوع ژنتیکی می¬باشد. از طرفی در تمامی جایگاه¬ها تعداد آلل موثر کمتر از تعداد آلل مشاهده شده بود. دلیل این کاهش این است که تعداد آلل موثر در حقیقت، تعداد آلل با فراوانی مساوی در هر جایگاه است. در جایگاه¬هایی که تفاوت این دو مقدار زیاد باشد، دلیل بر وجود فراوانی¬های آللی با پراکندگی بالا در آن جایگاه¬هاست. جایگاه¬هایی که فراوانی¬های آللی در آنها تقریبا برای تمام آلل¬ها مشابه باشد، تعداد آلل موثر بیشتری نشان خواهند داد. در نشانگرهای ریزماهواره هرچه میانگین تعداد آلل موثر به تعداد آلل¬های مشاهده شده نزدیک¬تر باشد نشان دهنده اثر خوبتر آلل¬ها در نشان دادن چندشکلی و تخمین تنوع ژنتیکی است. در تحقیقات پیشین با توجه به اندازه جمعیت، تعداد نشانگر و نوع نشانگرهای ریزماهواره، میانگین تعداد آلل متفاوتی گزارش شده است، به طوری که در بزهای آنقوره آفریقای جنوبی به طور میانگین تعداد ۸/۸ آلل مشاهده شد(۲۰). هم چنین در مورد نژادهای بز ایرانی رائینی تعداد ۵/۳۸ آلل، تالی تعداد ۴/۸۵ آلل و سرخ جبال بارز تعداد ۵/۶۷ آلل مشاهده شده است(۱۴،۴). مقایسه تعداد، نوع و دامنه آلل¬های حاصل از پژوهش حاضر با مطالعات قبلی نشان می¬دهد که در بز مرخز برخی از آلل¬هایی که در مطالعات قبلی گزارش شده بودند، در جمعیت مورد مطالعه مشاهده نشد. این امر می¬تواند در اثر کاهش شدید جمعیت بزهای مرخز طی سالیان اخیر باشد. با کاهش جمعیت، طبیعتاً یک سری از ژن¬های مفید در درون آن جمعیت نیز از دست خواهد

www.SID.ir

Archive of SID

رفت. تنوع ژنتیکی به وجود آمده در موجودات که حاصل هزاران سال انتخاب طبیعی و مصنوعی است، سرمایه بسیار با ارزشی است که به مرور زمان به وجود آمده است و به راحتی قابل جایگزینی نیست. بنابراین کاهش تنوع آلل¬ها که بیان‌گر کاهش تنوع ژن¬ها و صفات مهم این نژاد می¬باشد، می¬تواند تهدید جدی برای از بین رفتن ذخیره ژنتیکی بز مرخز کشور باشد. هتروزیگوسیتی یکی از شاخص¬های بررسی چندشکلی نشانگرها می¬باشد که مشخص می¬کند اگر در یک جایگاه ژنی و یک جمعیت دو آلل به صورت تصادفی انتخاب شوند، احتمال این که این دو آلل مثل هم نباشند، چقدر است. از دلایل بالا بودن هتروزیگوسیتی مشاهده شده می¬توان به سازگاری بز مرخز با شرایط موجود در منطقه کردستان و هم چنین خاصیت تغییر پذیری ذاتی نشانگرهای ریزماهواره نسبت به سایر قسمت¬های ژنوم اشاره کرد. میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار برابر با ۰/۶۱۴۳ به دست آمد. تفاوت بین مقدار مورد انتظار و مشاهده شده می تواند به این دلیل باشد که باتوجه به کاهش شدید تعداد بزهای مرخز در سال¬های اخیر و احتمال افزایش هم‌خونی، یک‌سری از جایگاه¬ها دارای آلل¬های با فراوانی بسیار کم در میان جمعیت مذکور بوده¬اند. میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره در نژادهای مختلف بز بومی ایران نسبتاً بالا گزارش شده است. Mahmoudi و همکاران در سال ۲۰۰۹ با استفاده از ۱۳ نشانگر ریزماهواره تصادفی، میانگین هتروزیگوسیتی در جمعیتی از بزهای مرخز را ۰/۸۱۴ محاسبه نمودند. Sadeghi و همکاران در سال ۲۰۰۹ نیز میانگین این شاخص در بز رائینی را ۰/۸۰۵ و محمدآبادی و همکاران در سال ۱۳۹۰ مقدار آنرا در بز سرخ جبال بارز برابر با ۰/۸۲۰ گزارش نمودند. در تحقیقات صورت گرفته روی بزهای دیگر کشورها نیز میزان هتروزیگوسیتی عموماً بالاتر از ۰/۵۰ محاسبه شده است. De Araujo و همکاران در سال ۲۰۰۶ با استفاده از ۱۱ نشانگر ریزماهواره میزان هتروزیگوسیتی سه نژاد بز سانن، آلپاین و نژاد بومی موگزوتو را به ترتیب ۰/۷۰، ۰/۷۰ و ۰/۵۰ برآورد نموده¬اند. در این پژوهش مشخص گردید که استفاده از نشانگرهای ریزماهواره به دلیل هتروزیگوسیتی بالا یکی از نشانگرهای کارآمد در تشخیص هتروزیگوسیتی و در نتیجه در تجزیه QTL به ویژه در بز مرخز می¬باشد. برای اندازه¬گیری تنوع ژنتیکی شاخص¬های زیادی معرفی شده¬اند، اما شاخصی که برای اندازه¬گیری میزان تنوع استفاده خواهد شد، بهتر است که هم میزان کمی تنوع و هم چگونگی توزیع افراد در درون آن جمعیت را منعکس کند. به طور معمول، مقدار تنوع با افزایش تعداد گونه¬ها و هم چنین یکنواختی افراد در درون آن جمعیت¬ها، افزایش می¬یابد. به عنوان مثال، جامعه¬ای با تعداد زیادی گونه که به طور مساوی توزیع شده باشند تنوع بیشتری نسبت به جامعه¬ای با تعداد کمی گونه و توزیع غیریکنواخت افراد در درون این گونه¬ها دارد. شاخص اطلاعات شانون رابطه¬ای است که از نظریه اعداد گرفته شده است. این شاخص هم یکنواختی پخش گونه¬ها و هم تعداد مطلق آن ها را محاسبه می¬کند. هنگامی که شاخص شانون در سطح جمعیت¬ها بررسی می¬شود معیار خوبی را برای ارزیابی چند شکلی و تغییر پذیری جایگاه-های بررسی شده فراهم می¬نماید. به دلیل این که حداکثر مقدار شاخص شانون برابر با $Ln(n)$ می¬باشد، این شاخص برای اندازه¬گیری تنوع جایگاه¬های بسیار متغیر مانند نشانگرهای ریزماهواره می¬تواند بسیار مفید باشد. نژادگشتی و همکاران در سال ۱۳۸۴ که به بررسی تنوع ژنتیکی بز رائینی کرمان با استفاده از ۱۰ نشانگر ریزماهواره پرداختند، میانگین شاخص شانون را برای همه نشانگرها برابر با ۱/۷۹۴۶ محاسبه نمودند. آن ها بیان کردند که این شاخص، شاخص مناسبی برای ارزیابی چند شکلی و تنوع جایگاه¬های بررسی شده فراهم می¬آورد. محمدآبادی

www.SID.ir

Archive of SID

و همکاران در سال ۱۳۹۰ نیز مقدار این شاخص را در جمعیتی از بز سرخ جبال بارز را ۱/۸۷۰۵ برآورد نمودند. نتایج پژوهش حاضر از نظر مقدار شاخص شانون، همانند تعداد آلل مشاهده شده، تعداد آلل موثر و مقدار هتروزیگوسیتی، کمتر از مطالعات محققین دیگر بود. این پدیده می¬تواند به دلیل کاهش شدید اندازه جمعیت بز مرخز و از دست رفتن بعضی از آلل¬های مفید این نژاد باشد.

منابع

۱-رشیدی، ا.، امام جمعه، ن.، میرائی آشتیانی، س ر.، رحیمی، ش.، واعظ ترشیزی، و ر. ۱۳۷۹. برآورد مؤلفه¬های واریانس-کواریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در بزهای مرخز. علوم کشاورزی ایران. ۳۰: ۴۶۲-۴۵۵.

۲-سالاری، ا.، امیری نیا، س.، قره داغی، ع ا.، شیری، س ا.، خدرزاده، ص. ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی گوسفند کردی خراسان با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره. مجله دانش و پژوهش علوم دامی. ۷: ۱۷-۱۱.

۳-عسگری، ن.، محمدآبادی، م ر.، بیگی نصیری، م ت.، باقی زاده، ا.، فیاضی، ج. ۱۳۸۷. مطالعه تنوع ژنتیکی بز کرکی رائینی بر اساس نشانگرهای ریزماهواره. دانش کشاورزی. ۱۸(۴): ۱۶۱-۱۵۵.

۴-محمدآبادی، م ر.، شهابی، ا.، نوشری، ع ر.، عسگری، ن.، دیانی، ا.، خضری، ا. ۱۳۹۰. مطالعه تنوع ژنتیکی بز سرخ جبال بارز با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. نشریه علوم دامی ایران. ۴۲(۲): ۱۳۱-۱۲۵.

۵-نژاد گشتی، م.، اسماعیل خانیان، س.، میرهادی، س ا.، همتی، و ب. ۱۳۸۴. بررسی تنوع ژنتیکی بز رائینی کرمان با استفاده از ۱۰ جایگاه ریزماهواره¬ای. چهارمین همایش ملی بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران. کرمان.

6.An, ZW., Xie, LL., Cheng, H., Zhou, Y., Zhang, Q., He, XG., Huang, HS. (2009). A silver staining procedure for nucleic acids in polyacrylamide gels without fixation and pretreatment. Analytical Biochemistry, 391(1); 77-79.

7.Cano, EM., Marrube, G., Roldan, DL., Bidinost, F., Abad, M., Allain, D. (2007). QTL affecting fleece traits in Angora goats. Small Ruminant Research, 71; 158-164.

8.Chambers, GK., Macavoy, ES. (2000). Microsatellites: consensus and controversy. Comparative Biochemistry and Physiology, 126; 455-476.

9.De Araujo, AM., Guimaraes, SEF., Machado, TMM. (2006). Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian moxoto breed. Genetic and Molecular Biology, 29; 67-74.

10.FAO. (2000). Conserving and developing farm animal diversity. In State of the world animal genetic resources. http://www. fao.org/ news/ 2000/ 001201-e.htm.

11. Geldermann, H. (1975). Investigation on inheritance of quantitative character in animals by gene markers. Theoretical and Applied Genetics, 46; 319-330.

12. Henderson, CR. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. Biometrics, 31; 423-447.

13. Luis, A., Salazar, M., Hirata, H., Cavalli, AS., Machado, MO., Rosario, DC. (1998). Optimized Procedure for DNA isolation from fresh and cryopreserved clotted human blood useful in clinical molecular testing. Clinical Chemistry, 44; 1748-1750.

14. Mahmoudi, B., Daliri, M., Babayev, MS., Sadeghi, R. (2009). Genetic analysis of markhoz goats based on micro satellite markers. Journal of Animal and Veterinary Advances, 8(9); 1815-1815.

15. Martinez, AM., Acosta, J., Vegapla, JL., Delgado, JV. (2006). Analysis of the genetic structure of the canary goat populations using microsatellites. Small Ruminant Research, 57; 249-255.

16. Nomura, K., Yonezawa, T., Mano, S., Kawakami, S., Shedlock, AM., Hasegawa, M. (2013). Domestication Process of the goat revealed by an analysis of the nearly complete

www.SID.ir

Archive of SID

Sciences of the United States of America, 105(46); 17659-64.

17. Sadeghi, R., Mahmoudi, B., Babayev, BS., Rameshknia, Y., Daliri, M. (2009). Genetic analysis in Tali goats based on 13 microsatellite markers. Research Journal of Biological Sciences, 4(6); 734-737.

18. Samuel, M., Lu, M., Pachuk, CJ., Satishchandran, C. (2003). A spectrophotometric method to quantify linear DNA. Analytical Biochemistry, 313(2); 301-306.

mitochondrial protein-encoding genes. Proceedings of the National Academy of

19. Sheriff, O., Alemayehu, K. (2018). Genetic diversity studies using microsatellite markers and their contribution in supporting sustainable sheep breeding programs: A review. Cogent Food and Agriculture, 4; 1-9.

20. Visser, C., Van Marle-Koster, E., Bovenhuis, H., Crooijmans, RPMA. (2011). QTL for mohair traits in South African Angora goats. Small Ruminant Research, 100; 8-14.

21. Wang, GZ., Chen, SS., Chao, TL., Ji, ZB., Hou, L., Qin, ZJ., Wang, JM. (2017). Analysis of genetic diversity of Chinese dairy goats via microsatellite markers. Journal of Animal Science, 95(5); 2304-2313..

www.SID.ir

Archive of SID

Investigation of Polymorphism of Markhoz Goat Microsatellite Markers

S. Badbarin[1] ,R. Seyed Sharifi[2], H.Khamis Abadi[1], J. Ahmadpanah[1]

1.Assistant Professors, Animal Science Department, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Kermakshah, Iran. badbarin1688@yahoo.com

2.Associate Professor in Animal Science, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

Received:2020.5. 12 **Accepted: 2020.20.12**

Abstract

Inroduction & Objective: The use of molecular markers, especially microsatellite markers provides very valuable information about the existing genetic structure under study. This information can be used to protect an endangered species or to investigate the location of genes affecting quantitative traits (QTL). The purpose of this study was to emphasized the importance of microsatellite markers for the study of genetic diversity in Markhoz goats and their use in conservation strategies.

Material and Method: In this study, blood samples were taken from 240 Markhz goats in Kurdistan province randomly. DNA extraction from whole blood samples was performed by salting out method. Then, the genetic diversity of 30 microsatellite markers was investigated using polymerase chain reaction (PCR). Alleles of each individual were identified using silver staining method. Genetic parameters related to the genetic structure of Markhoz goat were calculated using POPGENE software.

Results: The quality of sperm parameters in copper sulfate with a concentration of 200 mg / kg decreased significantly (Except for INRA040 marker, all markers used were well amplified. Among the amplified markers, MCM136 showed low polymorphism but other markers had high polymorphism. ILSTS030 markers with 6 alleles and MCM136 markers with 3 alleles produced the highest and lowest number of alleles, respectively. ILSTS030 marker showed the highest (0.7504) and MCM136 marker showed the lowest (0.0158) expected heterozygosity.

Conclusion: Microsatellite markers seem to be a useful and reliable tool for identifying goat breeds and their use can be a solution to protect endangered breeds.

Keywords: Genetic Strauctur, Markhoz Goats, Microsatellite Markers.

www.SID.ir