Archive of SID

ژنتیک نوین
دوره یازدهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۵
صفحه ۳۳۵ - ۳۲۹

بررسی انتساب افراد به جمعیت‌هایی از شترهای شمال استان کرمان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

Assigning Individuals to the Camel Populations of North of Kerman Province Using Microsatellite Markers

مهرداد قاسمی میمندی[۱]، محمدرضا محمدآبادی*[۱]، علی اسمعیلی‌زاده کشکوئیه[۱]، مهدیه منتظری[۲]

۱- به‌ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استادان، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر، کرمان

۲- دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، انجمن پژوهشگران جوان دانشگاه شهید باهنر، کرمان

Ghasemi Meymandi M[1], Mohammadabadi MR[*1], Esmailizadeh Koshkoieh A[1], Montazeri M[2]

1- Former MSc Student, Professors, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
2- PhD Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Young Researchers Society, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mrm2005@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹٤/٤/١٦ - تاریخ پذیرش: ۹٤/۱۱/۲۵)

چکیده

اندازه‌گیری میزان پراکنش، یکی از رویکردهای اصلی در تحقیقات زیستی به‌شمار می‌رود. آزمون انتساب نیز در تشخیص منشا یک فرد، ارزیابی تمایز جمعیتی و پزشکی قانونی اهمیت به سزایی دارد. هدف از این تحقیق، تعیین سطح تنوع ژنتیکی و انتساب افراد به پنج جمعیت از شترهای شمال استان کرمان با استفاده از هشت نشانگر ریزماهواره بود. از جمعیت شترهای شهرستان‌های شهربابک، رفسنجان و راور تعداد ۸۱ نمونه خون جمع‌آوری شد. کم‌ترین میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار در جمعیت صحرای جهاد (۰/۷۷) و بیش‌ترین آن در جمعیت رفسنجان ۱ (۰/۸٤) مشاهده شد. برای مطالعه انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه از هفت روش متفاوت استفاده شد. در بین روش‌های مبتنی بر درست‌نمایی روش بیزی رانالا و مانتین و در بین روش‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی، روش دی نئی بیش‌ترین صحت را نشان دادند. در مجموع نشانگرهای مورد استفاده توانستند در ۲۹ درصد موارد در انتساب افراد به جمعیت مبداشان موفق عمل نمایند.

واژه‌های کلیدی

انتساب افراد
تنوع ژنتیکی
شتر
نشانگر ریزماهواره

Archive of SID

مقدمه

جایگزینی نژادهای بومی با نژادهای تجاری و پرتولید به‌منظور افزایش تولید و سودآوری منجر به کاهش تنوع ژنتیکی می‌شود (Giovambattista et al. 2001). نژادهای بومی به‌دلیل شدت انتخاب پایین، تعداد زیاد پرورش دهندگان، عدم استفاده از تلقیح مصنوعی و سایر فن‌آوری‌های تولید مثلی، از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردارند. از طرفی با گذشت زمان و کسب آگاهی بیش‌تر نسبت به اهمیت صفات مختلف، نیازهای جدیدی مطرح می‌شود که متخصصین اصلاح نژاد را بر آن داشته که از ژن‌های بومی استفاده نمایند. این مسئله به خصوص با ضرورت افزایش تولید محصولات دامی و تولید محصولات پیش‌بینی نشده در آینده، لزوم حفظ تنوع ژنتیکی در دام‌های بومی را الزامی ساخته است (Frankham 1994)، چرا که وجود تنوع ژنتیکی، باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی و تطابق پذیری سریع‌تر می‌شود (Askari et al. 2011). بنابراین حفاظت از تنوع ژنتیکی نژادهای بومی موجود نسبت به توسعه یک نژاد با بهره‌وری بالا از لحاظ اقتصادی و سلامت عمومی مناسب‌تر می‌باشد (Alexander 2000; Yang et al. 1999).

استفاده دقیق از نشانگرهای ملکولی برای شناسایی صفات مهم اقتصادی و ارزیابی تنوع ژنتیکی در درون و بین حیوانات بر اساس نمونه‌های مختلف به اثبات رسیده است، زیرا شناخت تنوع در مناطقی که از نظر ذخایر ژنتیکی با محدودیت مواجه هستند اهمیت ویژه‌ای دارد (Baumung et al. 2004). یکی از مهم‌ترین نشانگرهایی که در سیستم‌های بالا مورد استفاده قرار می‌گیرد، نشانگرهای ریز ماهواره می‌باشند (Hiendleder et al. 2003; Kühn et al. 2003). این نشانگرها برای تعیین اطلاعات شجره‌ای در برنامه‌های اصلاحی حیوانات و در زمینه‌های مختلف نظیر ژنتیک انسانی (تشخیص ناقلین بیماری‌های مختلف ارثی) و پزشک قانونی (تعیین هویت فردی و بررسی روابط بین افراد) مورد استفاده قرار می‌گیرند (Manel et al. 2002; Wang et al. 2004; Li et al. 2004; Zhang et al. 2005; Zeinalzadeh et al. 2007; Jabbarpour Bonyadi et al. 2009).

یکی دیگر از کاربردهای عمده نشانگرهای ریزماهواره، استفاده از آن‌ها در مطالعات مربوط به انتساب افراد در جمعیت‌های دامی می‌باشد (Montazeri et al. 2013; Pirany and Mohammad-Hashemi 2009). سهولت جداسازی، تشخیص و به‌ویژه تغییرپذیری زیاد ریزماهواره‌ها موجب شده، ریزماهواره‌ها به ابزاری توانمند جهت تجزیه و تحلیل ژنتیکی جمعیت‌ها تبدیل شوند. با توجه به عدم ثبت اطلاعات در برخی از جمعیت‌های حیوانی و نامشخص بودن روابط بین افراد در چنین جمعیت‌هایی، استفاده از روش‌های مناسب انتساب فرد به والدین یا جمعیتی که از آن منشا گرفته، ضروری می‌باشد. آزمون انتساب از اطلاعات ژنتیکی جهت برقرار نمودن عضویت افراد در جمعیت‌ها استفاده می‌نماید (Cegelski et al. 2003). این آزمون اغلب روش‌های مستقیم جهت معین نمودن مبدا افراد ناشناخته را مهیا می‌کند که برخی از کاربردهای عملی این روش‌ها تجزیه و تحلیل اصل و نسب، ردیابی حیوانات و محصولات حیوانی می‌باشد (Shackell et al. 2001; Dalvit et al. 2008). هم‌چنین از آزمون انتساب می‌توان برای بررسی الگوهای مهاجرت، تشخیص منشا یک فرد خاص، ارزیابی ساختار جمعیت، تمایز جمعیت‌ها و پزشک قانونی به‌طور مؤثر بهره گرفت (Cornuet et al. 1999; Manel et al. 2002). نتایج تجزیه واریانس ملکولی مطالعه‌ای روی شتر نشان داد که ۸۸ درصد تنوع داخل جمعیت و ۱۲ درصد آن بین جمعیت‌ها می‌باشد و هم‌چنین مشخص شد نژاد جی‌سامری و می‌واری با توجه به انتخاب صفات خاص متمایز از سایر نژادها می‌باشند (Vijh et al. 2007). در تحقیقی دیگر به‌منظور بررسی انتساب و ویژگی‌های ژنتیکی شترهای یک کوهان استرالیا از ۲۸ نشانگر ریزماهواره استفاده شد. نتایج نشان داد که شترهای استرالیا باقیمانده گله‌های بزرگ هستند و بین شترهای دنیای قدیم و جدید تمایز قابل توجه‌ای وجود دارد (Spencer and Woolnough 2010).

با توجه به مطالب مذکور، تشخیص هویت یک موجود از جنبه‌های مختلف علمی و یا اقتصادی می‌تواند حائز اهمیت باشد. لذا هدف از تحقیق حاضر بررسی نحوه انتساب افراد به جمعیت‌ها و مقایسه روش‌های مختلف انتساب افراد در پنج جمعیت از شترهای شمال استان کرمان با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره می‌باشد که نتایج حاصل می‌تواند در زمینه‌های مختلف ارزیابی و تشخیص این گونه‌های حیوانی مورد استفاده قرار گیرند.

www.SID.ir

Archive of SID

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به بررسی تنوع ژنتیکی و انتساب افراد به جمعیت-هایی از شترهای شمال استان کرمان، با استفاده از هشت جفت نشانگر ریزماهواره‌ای اتوزومی پرداخته شد. جمعیت‌های مورد استفاده شامل پنج جمعیت شتر از سه شهرستان استان کرمان می-باشند (جدول ۱). از آنجایی‌که استخراج DNA با کیفیت و خلوص مطلوب، شرط لازم برای به‌دست آوردن تکرارپذیری بالا برای بیش‌تر نشانگرهای DNA از جمله ریزماهواره‌ها است (Bechmann and Soller 1987)، پس از استخراج DNA به روش بهینه شده و تغییر یافته استخراج نمکی (Miller et al. 1988)، کیفیت DNA تعیین شد. برای آگاهی از میزان DNA و خلوص آن از الکتروفورز روی ژل آگارز دو درصد استفاده شد. انتخاب هشت جایگاه ریزماهواره‌ای (YWLL08، VOLP03، VOLP08، YWLL38، CVR01، YWLL44، VOLP32 و VOLP67) بر اساس مطالعات مشابه قبلی صورت گرفت (Obreque et al. 1998; Lang et al. 1996; Sasse et al. 2000). واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم ۲۵ میکرولیتر طی ۳۵ سیکل انجام شد که برای هر جایگاه شامل DNA، ۱/۵ میکرولیتر بافر PCR (۱x)، ۰/۳۷ میکرولیتر $MgCl_2$، ۰/۳ میکرولیتر dNTP، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر و ۰/۱۶ میکرولیتر آنزیم Taq پلیمراز بود. الکتروفورز عمودی ژل آکریلامید هشت درصد واسرشته ساز با ولتاژ ۲۰۰ تا ۲۵۰ به مدت شش ساعت انجام شد و در نهایت رنگ‌آمیزی ژل‌ها به روش نیترات نقره صورت گرفت.

برای بدست آوردن اندازه آلل‌ها از نرم‌افزار فتوشاپ و جهت تعیین انواع آلل‌ها و ژنوتیپ‌ها از نرم‌افزار Excel استفاده شد. هم‌چنین اطلاعات مربوط به آلل‌ها و تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها توسط نرم‌افزار PopGene (Yeh et al. 1999) و تجزیه و تحلیل چگونگی انتساب هر فرد به جمعیت‌های مربوطه نیز توسط نرم-افزار GeneClass2 (Piry et al. 2003) انجام شد. شاخص تنوع ژنتیکی به‌طور رایج با استفاده از هتروزیگوسیتی بیان می‌شود. هتروزیگوسیتی برای یک جایگاه ژنی به‌صورت فراوانی افراد هتروزیگوت برای آن جایگاه نسبت به کل افراد جمعیت تعریف می‌شود. مقدار آن با افزایش تعداد آلل‌ها افزایش یافته و زمانی‌که فراوانی آلل یکسان باشد ماکزیمم می‌شود.

جدول ۱- تعداد نمونه‌های استفاده شده در جمعیت‌های مورد بررسی

جمعیت	صحرای جهاد (راور)	شمشیرآباد (راور)	شهر بابک	رفسنجان ۱	رفسنجان ۲
تعداد نمونه	۷	۱٤	۲۱	۱۱	۲۸

یک جایگاه ژنی اگر هتروزیگوسیتی بیش‌تر از ۰/۱ داشته باشد چندشکل است و اگر بیش از ۰/۷ باشد به شدت چندشکل می-باشد (Jothi 2008). هتروزیگوسیتی در یک جمعیت به دو شکل هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مشاهده شده گزارش می‌شود. به‌طور کلی نسبت افراد هتروزیگوت به کل افراد جمعیت برای جایگاه ژنی خاص را هتروزیگوسیتی مشاهده شده گویند. هتروزیگوسیتی مورد انتظار را نسبت برآورد شده افراد هتروزیگوت برای هر جایگاه ژنی که به‌صورت تصادفی انتخاب شده‌اند، تعریف می‌کنند. مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به‌ترتیب با استفاده از رابطه‌های (۱) و (۲) آنالیز شدند (Jothi 2008).

$$H_0 = \frac{\sum n_{ij}}{N} \quad (۱)$$

در رابطه (۱)، n تعداد افراد هتروزیگوت، i و j نوع آلل‌ها در جایگاه ژنی مورد مطالعه و N کل افراد در جمعیت مورد مطالعه می‌باشد.

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2 \quad (۲)$$

در این رابطه p_i نشان دهنده فراوانی آللiام برای هر جایگاه می-باشد.

جهت انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه از روش فراوانی آللی (Paetkau et al. 1995)، دو روش مبتنی بر درست‌نمایی (Baudouin and Lebrun 2001; Rannala and Mountain 1997) و چهار روش مبتنی بر فاصله ژنتیکی (Nei 1972; Nei 1973; Nei 1983; Cavalli-Sforza and Edwards 1967) استفاده شد. تست انتساب با استفاده از رابطه (۳) برآورد شد.

www.SID.ir

Archive of SID

$$A_{XY} = \frac{1}{n_X}\sum_{X}^{1}\left[\log_{10}\left(\frac{\Pr_X(g_i)}{\Pr_Y(g_i)}\right)\right] \quad (۳)$$

در این رابطه X و Y جمعیت‌های مورد نظر، n_X اندازه جمعیت X، gi ژنوتیپ فرد i و Pr_X و Pr_Y احتمال ژنوتیپ در دو جمعیت X و Y می‌باشند.

نتایج و بحث

در تحقیق حاضر، معیارهای تنوع نشانگرهای ملکولی بررسی شده و با استفاده از روش‌های مختلف، انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه مورد آزمون قرار گرفت. لازم به ذکر است که در این پژوهش از تعداد بیش‌تری نشانگر استفاده شد، اما به دلیل این‌که این نشانگرها چندشکل نبودند گزارش نشدند. بررسی پژوهش‌های دیگر نیز نشان می‌دهند تعدادی از نشانگرها در اکثر پژوهش‌ها چندشکل نبوده‌اند (Nolte et al. 2005; Mehta et al. 2007)، که نتایج پژوهش حاضر را تایید می‌کنند. نتایج تحقیقات نشان داد که ریزماهواره‌های اتوزومی برای توصیف تنوع ژنتیکی داخل نژادی مفید هستند (Irion et al. 2003). با توجه به این‌که هتروزیگوسیتی مورد انتظار کمتر تحت تاثیر نمونه‌برداری است، لذا در گزارش‌ها نسبت به هتروزایگوسیتی مشاهده شده ترجیح داده می‌شود (Frankham et al. 2002). در این بررسی نیز تنوع درون جمعیتی، برای هر جمعیت به‌صورت متوسط هتروزیگوسیتی مورد انتظار در همه جایگاه‌ها برآورد شد. با توجه به مقادیر هتروزیگوسیتی جمعیت‌های مورد مطالعه در جدول ۲، کم‌ترین میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار در جمعیت صحرای جهاد (۰/۷۷) و بیش‌ترین آن در جمعیت رفسنجان ۱ (۰/۸٤) مشاهده شد.

با توجه به نتایجی که در بالا ذکر شد، میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد مطالعه بالا می‌باشد و با توجه به اینکه شترهای مورد بررسی از دام‌های بومی این مناطق هستند و هیچ گونه کار اصلاحی بر روی آن‌ها صورت نگرفته است، این جمعیت‌ها جهت سازگاری با شرایط محیطی و مقاومت در مقابل بیماری‌ها دارای تنوع بالایی می‌باشند. مثلاً در جمعیت‌های بررسی شده از لحاظ مرتع، شهرستان راور دارای کیفیت بسیار پایینی نسبت به دیگر شهرستان‌ها می‌باشد ولی از لحاظ اندازه بدن و وزن، شترها تفاوت اندکی با شترهای شهرستان‌های دیگر دارند و یکی از دلایل عمده سازگاری این حیوانات به محیط‌های مختلف، می‌تواند وجود تنوع ژنتیکی بالا در این جوامع حیوانی باشد. از آن‌جا که اندازه‌گیری مستقیم میزان تنوع ژنتیکی یک نژاد در مناطق مختلف جغرافیایی مشکل و زمان‌بر است (Koinig et al. 1996)، پیشنهاد شده‌است که در برخی از موقعیت‌ها روش انتساب می‌تواند جایگزین اندازه‌گیری پراکنش در محیط‌های زندگی طبیعی شود (Cornuet et al. 1999). یک نمونه از انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه در جدول ۳ آورده شده‌است. این جدول شامل دو بخش است؛ بخش اول شامل میانگین احتمال انتساب افراد به هر کدام از جمعیت‌ها و بخش دیگر شامل تعداد حیواناتی است که به‌طور صحیح به جمعیت مربوطه و یا سایر جمعیت‌ها منتسب شده‌اند. همان‌طور که در جدول ۳ مشاهده می‌شود احتمال انتساب با روش بیزی (Rannala and Mountain 1997)، میانگین احتمال انتساب افراد جمعیت شهربابک با خودشان ۰/۷۹ می‌باشد. در صورتی‌که این میزان برای جمعیت صحرای جهاد ۰/۰۱ و برای سایر جمعیت‌ها غیر معنی‌دار است (P>0. 05). بخش دوم جدول مربوط به تعداد شترهایی است که به طور صحیح به جمعیت مربوطه و یا سایر جمعیت‌ها منتسب شده‌اند. از نتایج چنین استنباط می‌شود که جمعیت شهربابک با جمعیت‌های رفسنجان و شمشیر آباد تا حدودی دارای شباهت آللی هستند. به‌عنوان مثال مشاهده می‌شود که از تعداد ۲۸ حیوان در جمعیت رفسنجان ۲، ۲۸ حیوان به خودشان، رفسنجان ۱ و شمشیرآباد و ۲۱ فرد به جمعیت شهربابک منتسب شده‌اند. این در حالی است که فقط ۱۳ فرد به جمعیت صحرای جهاد منتسب شده‌است. هم‌چنین لازم به ذکر است که جمعیت صحرای جهاد بیش‌ترین انحراف از تعادل هاردی–وینبرگ و کم‌ترین مقدار هتروزیگوسیتی مورد انتظار را در بین جمعیت‌های بررسی شده نشان داد. در نتیجه می‌توان چنین بیان نمود که این جمعیت متمایز از سایر جمعیت‌های بررسی شده می‌باشد. صحت آزمون‌های صورت گرفته در جدول ٤ ارائه شده است. همان‌گونه که در این جدول ملاحظه می‌شود، روش‌های مبتنی بر درست‌نمایی نسبت به روش‌هایی که از فاصله ژنتیکی استفاده می‌کنند، از صحت بیش‌تری برخوردارند.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۲- مقادیر هتروزیگوسیتی برای جمعیت‌های مورد مطالعه

جمعیت	صحرای جهاد		شمشیرآباد		شهربابک		رفسنجان ۱		رفسنجان۲	
	H_O	H_E	H_O	H_E	H_O	H_E	H_O	H_E	H_O	H_E
میانگین	۰/۸۰	۰/۷۷	۰/۸٦	۰/۸۲	۰/۹۵	۰/۸۲	۰/۹٦	۰/۸٤	۰/۹۰	۰/۸۳
انحراف معیار	۰/۳۵	۰/۱۱	۰/۳۲	۰/۰۹	۰/۰۹	۰/۰٦	۰/۰٦	۰/۰۹	۰/۲۲	۰/۰۸

جدول ۳- میانگین انتساب افراد (تعداد انتساب صحیح افراد) به جمعیت‌های مربوطه با روش بیزی

جمعیت	صحرای جهاد	شمشیرآباد	شهربابک	رفسنجان ۱	رفسنجان ۲
صحرای جهاد	۰/۸۷ (۷)	۰/۲۷ (۷)	۰/۱٤ (۲)	۰/۱۸ (۷)	۰/۳۸ (۷)
شمشیرآباد	۰/۰۸ (۸)	۰/۸٤ (۱٤)	۰/۱۸ (۱۳)	۰/۳۵ (۱٤)	۰/٤۱ (۱٤)
شهربابک	۰/۰۱ (۵)	۰/۲۷ (۲۱)	۰/۷۹ (۲۱)	۰/۳۳ (۲۱)	۰/٤۷ (۲۱)
رفسنجان ۱	۰/۰۱ (۲)	۰/۳۲ (۱۰)	۰/۲۰ (۱۰)	۰/۸۰ (۱۱)	۰/۷۱ (۱۱)
رفسنجان ۲	۰/۰۳ (۱۳)	۰/۲۵ (۲۸)	۰/۱۹ (۲۱)	۰/٤۸ (۲۸)	۰/۸۳ (۲۸)

جدول ٤- صحت انتساب افراد به جمعیت‌ها با استفاده از روش‌های مختلف

روش آزمون انتساب	درصد انتساب صحیح
روش بیزی	
بودواینی و لبران (۲۰۰۱)	۳۰/۰۲
رانالا و مانتین (۱۹۹۷)	۳۲/۲۸
فراوانی آللی	
پیتکائو و همکاران (۱۹۹۵)	۳۱/۱۸
فاصله ژنتیکی	
استاندارد نئی (۱۹۷۲)	۲۹/۲۸
حداقل نئی (۱۹۷۳)	۲٦/۲۷
ارزش دی نئی (۱۹۸۳)	۲۹/٦٦
کاوالی- اسفورزا و ادواردز (۱۹٦۷)	۲۸/۸۲

همان‌طور که در جدول ٤ آمده است این مقادیر از ۳۲/۲ درصد برای روش بیزی (Rannala and Mountain 1997) تا ۲٦/۲ درصد برای روش نئی (Nei 1983) متغیر است و میانگین انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه با روش‌های مختلف ۲۹ درصد می‌باشد. در یک تحقیق صورت گرفته میانگین انتساب افراد به جمعیت‌های مورد مطالعه ۱۳ درصد گزارش شده‌است، که دلیل پایین بودن این نسبت‌ها، کوچک بودن اندازه جمعیت‌ها و تعداد جایگاه‌های مورد بررسی بوده است (Pires et al. 2009). هم‌چنین مطالعات شبیه‌سازی نشان می‌دهد که قدرت آزمون‌های انتساب به تعداد نشانگرهای مورد استفاده در آزمون، تعداد آلل‌ها، میزان فاصله ژنتیکی و اندازه نمونه در جمعیت بستگی دارد (Cornuet et al. 1999; Guinand et al. 2004). برای اینکه پاسخ آزمون انتساب از دقت مناسبی برخوردار باشد، بایستی میزان فاصله و تمایز زیرجمعیت‌ها در روش‌های مختلف آزمون انتساب، حداقل بین ۵ تا ۱۰ درصد باشد و هر قدر فاصله بین جمعیت‌ها کم‌تر باشد، برای افزایش دقت آزمون بایستی از تعداد نمونه بیش‌تری استفاده نمود. (Cornuet et al. 1999; Manel et al. 2002). فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه در این

www.SID.ir

Archive of SID

پژوهش از مقادیر اندک (۰/۱۱ بین دو جمعیت رفسنجان) تا مقادیر متوسط ۰/۵۶ (بین دو جمعیت شهربابک و صحرای جهاد) متغیر بود. در نتیجه یک دلیل احتمالی دیگر میانگین پایین صحت انتساب افراد به جمعیت‌های مورد مطالعه، می‌تواند تنوع در فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها باشد.

در مطالعه صورت گرفته بر روی سگ‌های بومی ایران، مقادیر صحت آزمون‌های صورت گرفته از ۷۲/۲ درصد برای روش بیزی Baudouin and Lebrun (2001) تا ۷۶/۳ درصد برای روش حداقل Nei (1973) متغیر و میانگین انتساب افراد به جمعیت‌های مربوطه ۷۳ درصد گزارش شد. محققین بیان نمودند که بالا بودن درصد میانگین انتساب می‌تواند به این علت باشد که اکثر نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این مطالعه تنوع آللی، هتروزایگوسیتی و ارزش PIC بالایی را نشان دادند (Montazeri et al. 2013). هم‌چنین در تحقیق صورت گرفته بر روی ٦ جمعیت مرغان اهلی، مقادیر انتساب افراد به جمعیت مربوطه از ۷٤ درصد برای فاصله ژنتیکی (Paetkau et al. 1995) تا ۹۱/۷ درصد برای فاصله ژنتیکی Cavalli-Sforza and (1967) Edwards متغیر بود (Pirany and Mohammad-Hashemi 2009).

با توجه به این‌که خانواده شترسانان دارای قابلیت‌های بسیار زیادی از قبیل سازگاری به شرایط نامساعد کویری، مقاومت در مقابل تشنگی و گرسنگی می‌باشند و می‌توانند جوابگوی بسیاری از نیازهای روبه رشد جمعیت‌های انسانی باشند و در این خانواده طبقه‌بندی نژادی وجود ندارد، با بهره‌جویی از این تکنیک می‌توان تقسیم‌بندی‌هایی انجام داد و از ویژگی‌های داخل و بین هر نژاد در کارهای اصلاحی استفاده نمود. در انتها با توجه به نتایج بدست آمده می‌توان گفت که در بین روش‌های مبتنی بر درست نمایی، روش بیزی (Rannala and Mountain 1997) و در بین روش‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی، روش Nei (1983) بیش‌ترین صحت انتساب را برای نمونه‌های مورد مطالعه شده نشان می‌دهند که می‌تواند در مطالعات بررسی انتساب افراد در شترهای بومی کشور مورد استفاده قرار گیرند. با این وجود مطالعه جامع‌تری با تعداد نمونه و جایگاه بیشتر نیاز است.

منابع

Alexander DJ (2000). A review of avian influenza in different bird species. Veterinarian Microbiology 74: 3-13.

Askari N, Abadi MM, Baghizadeh A (2011) ISSR markers for assessing DNA polymorphism and genetic characterization of cattle, goat and sheep populations. Iranian Journal of Biotechnology 9: 222-229. (In Farsi).

Baudouin L, Lebrun P (2001) An operational Bayesian approach for the identification of sexually reproduced cross-fertilized populations using molecular markers. International Symposium on Molecular Markers 546: 81-94.

Baumung R, Simianer H, Hoffmann I (2004) Genetic diversity studies in farm animals- a survey. Journal of Animal Breeding and Genetics 121: 361-373.

Bechmann JS, Soller M (1987) Molecular markers in the genetic improvement of farm animals. Biotechnology 5: 573-576.

Cavalli-Sforza LL, Edwards AWF (1967) Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. The American Journal of Human Genetics 19: 233-257.

Cegelski CC, Waits LP, Anderson NJ (2003) Assessing population structure and gene flow in Montana wolverines (*Gulo gulo*) using assignment-based approaches. Molecular Ecology 12: 2907-2918.

Cornuet JM, Piry S, Luikart G, Estoup A, Solignac M (1999) New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. Genetics 153: 1989-2000.

Dalvit C, De-Marchi M, Dal-Zotto R, Gervaso M, Meuwissen T, Cassandro M (2008) Breed assignment test in four Italian cattle breeds. Meat Science 80: 389-395.

Frankham R, Balllou JD, Brisco DA (2002) Introduction to conservation genetics. First published, Cambridge University Press, New York, 46-70.

Frankham R (1994). Conservation of genetic diversity for animals. 5th world congress on genetics applied to livestock production. University of Guelph, Canada, 385-392.

Giovambattista G, Ripoli MV, Peral-Garcia P, Bouzat JL (2001) Indigenous domestic breeds as reservoirs of genetic diversity: the Argentinean Creole cattle. Animal Genetics 32: 240-247.

Guinand B, Scribner KT, Topchy A, Page KS, Punch W, Burnhum-Curtis MK (2004) Sampling issues affecting accuracy of likelihood-based classification using genetical data. Environmental Biology of Fishes 69: 245-259.

Hiendleder S, Thomsen H, Reinsch N, Bennewitz J, Leyhe-Horn B, Looft C, Xu N, Medjugorac I, Russ I, Kühn C, Brockmann GA, Blümel J, Brenig B, Reinhardt F, Reents R, Averdunk G, Schwerin M, Förster M, Kalm E, Erhardt G (2003) Mapping of QTL for body conformation and behavior in cattle. Journal of Heredity 94: 496-506.

www.SID.ir

Archive of SID

Irion DN, Schaffer AL, Famula TR, Eggleston ML, Hughes SS, Pedersen NC (2003) Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. Journal of Heredity 94: 81-87.

Jabbarpour Bonyadi M, Abhari M, Omrany O, EmamAlizadeh B (2009) The study of polymorphism Y chromosome-specific microsatellite markers in east Azerbaijan. Journal of Medicine of Tabriz University of Medical Science 22: 16-20.

Jothi MP (2008) Genetic distance and phylogenic inference. Course notes, University of Putra Malaysia.

Koinig WD, Vuren DV, Hooge PN (1996) Detectability, philopatry, and the distribution of dispersal distance in vertebrates. Trends in Ecology and Evolution 11: 514-517.

Kühn C, Bennewitz J, Reinsch N, Xu N, Thomsen H, Looft C, Brockmann CA, Schwerin M, Weimann C, Hiendleder S, Erhardt G, Medjugorac I, Förster M, Brenig B, Reinhardt F, Reents R, Russ I, Averdunk G, Blüme J,

Lang KDM, Wang Y, Plante Y (1996) Fifteen polymorphic dinucleotide microsatellites in llamas and alpacas. Animal Genetics 27: 285-294.

Li CC, Wang ZG, Liu B, Yang SL, Zhu ZM, Fan B, Yu M, Zhao SH, Li K (2004) Evaluation of the genetic relationship among ten Chinese indigenous pig breeds with twenty-six microsatellite markers. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 17: 441-444.

Manel S, Berthier P, Luikart G (2002) Detecting wildlife poaching: Identifying the origin of individuals with bayesian assignment tests and multilocus genotypes. Conservation Biology 16: 650-659.

Mehta SC, Goyal A, Sahani MS (2007) Microsatellite markers for genetic characterization of Kachchhi camel. Indian Journal of Biotechnology 6: 336-339.

Miller SA, Dykes DD, Polesky HF (1988) A simple sating out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research 16: 12-15.

Montazeri M, Masoudi AA, Vaez Torshizi R, Allahyar Khan Khorasani D (2013) Assignment of individuals to the Iranian native dog populations using microsatellite markers. Journal of Agriculture Biotechnology 6: 177-188. (In Farsi).

Nei M (1972) Genetic distances between populations. American Naturalist 106: 283-292.

Nei M (1973). The theory and estimation of genetic distances in Genetic structure of populations. University Press of Hawaii, Honolulu, 70: 3321-3323.

Nei M, Tajima F, Tateno Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. Journal of Molecular Evolution 19: 153-170.

Nolte M, Kotzé A, van der Bank FH, Grobler JP (2005) Microsatellite markers reveal low genetic differentiation among southern African Camelus dromedarius populations. South African Journal of Animal Science 35: 152-161.

Obreque VL, Coogle PJ, Henney E, Bailey R, Mancilla J, Garcia-Huidobro P, Cothran EG (1998) Characterization of 10 polymorphic alpaca dinucleotide microsatellites. Animal Genetics 29: 460-467.

Paetkau D, Calvert W, Stirling I, Strobeck C (1995) Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. Molecular Ecology 4: 347-354.

Pirany N, Mohammad-Hashemi A (2009) Assignment of individuals to the Iranian native chicken populations using microsatellite markers. Journal of Animal Science Researches 4: 55-65. (In Farsi).

Pires AE, Amorim IR, Ginja C, Gomes M, Godinho I, Simoes F, Oom M, Petruoci F, Matos J, Bruford MW (2009) Molecular structure in peripheral dog breed: Portuguese native breeds as a case study. Animal Genetics 40: 383-392.

Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A (2003) GeneClass2: A software for genetic assignment and first generation migrants detection. Journal of Heredity 95: 536-539.

Rannala B, Mountain JL (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. Proceeding of the National Academy of Sciences 94: 9197- 9221.

Sasse J, Mariasegaram M, Jahabar MK, Pullenayegum R, Kinne BR, Werney U (2000) Development of a microsatellite parentage and identity verification test for dromedary racing camels. Presented at the 27th International Conference on Animal Genetics, USA.

Shackell GH, Tate ML, Anderson RM (2001) Installing a DNA-based traceability system in the meat industry. Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics 14: 533-536.

Spencer PBS, Woolnough AP (2010) Assessment and genetic characterisation of Australian camels using microsatellite polymorphisms. Livestock Science 129: 241-245.

Vijh RK, Tantia MS, Mishra B, Bharani Kumar ST (2007) Genetic diversity and differntiation of dromedarian camel of India. Animal Biotechnology 18: 81-90.

Wang X, Cao HH, Geng SM, Li HB (2004) Genetic diversity of 10 indigenous pig breeds in China by using microsatellites. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 17: 1219-1222.

Yang PC, Chu RM, Chung WB, Sung HT (1999) Epidemiological characteristics and financial costs of the 1997 foot-and-mouth disease epidemic in Taiwan. Veterinary Record 145: 731-734.

Yeh FC, Yang R, Boyle T (1999) PopGene. Version 1.31. Microsoft window-based free software for population genetic analysis. University of Alberta, Canada, 1-28.

Zhang JH, Xiong YZ, Deng CY (2005) Correlations of genic heterozygosity and variances with heterosis in a pig populations revealed by microsatellites DNA marker. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 18: 620-625.

Zeinalzadeh Niagh N, Jabbarpour Bonyadi M, Barzgar M (2007) Detection of suspected Duchene muscular dystrophy carriers by microsatellite markers application. The Journal of Science and Research of Zanjan University 15: 65-75.

www.SID.ir

Archive of SID

Modern Genetics Journal
Vol 11, Number 3, Autumn 2016, Quaternary

Assigning Individuals to the Camel Populations of North of Kerman Province Using Microsatellite Markers

Ghasemi Meymandi M[1], Mohammadabadi MR[*1], Esmailizadeh Koshkoieh A[1], Montazeri M[2]

1. Former MSc Student, Professors, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
2. PhD Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Young Researchers Society, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
* Corresponding Author, Email: mrm2005@gmail.com

ABSTRACT

Determination of dispersion is one of the major challenges in the biological studies. Also, assignment test is applied to identify the origin of a specific individual, population differentiation and medical forensic cases. Therefore, the aim of this study was to determine the genetic diversity and assigning individuals to 5 populations of *Camelus dromedarius* in north of Kerman using 8 autosomal microsatellite markers. Eighty one blood samples were collected from Shahr-e Babak, Rafsanjan and Ravar. Total DNAs of the samples using salting out were extracted and applied for genotyping analysis. The expected heterozygosity varied from 0.77 in Sahra-e Jahad population to 0.84 in Rafsenjan 1 population. The individual's assignment was done using 7 different methods. Among the methods base on the likelihood, the Rannala and Mountain method and among the methods base on the genetic distance, Nei DA method showed the highest accuracy. Totally, markers used in this study could assign the individuals to their source population with 29 % accuracy.

Key Words

Assigning individuals, *Camelus dromedaries*, Genetic diversity, Microsatellite marker

www.SID.ir