کاربرد بیوتکنولوژی در حفظ تنوع ژنتیکی

فرانک شکری[1]، سید محمدرضا هاشمی[2]

1. دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین اهواز، 2. کارشناس ارشد مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی فارس

چکیده

افزایش رشد جمعیت، تغییر سیستم تولید و افزایش نیاز به فرآورده های حیوانی را منجر شده است. حفظ تنوع ژنتیکی حیوانات در نتیجه افزایش تولید و به دنبال آن فرآورده های خوراکی، امری اجتناب ناپذیر است. تخمین دقیق تنوع ژنتیکی در داخل گونه های حیوانی گامی در جهت حفظ ذخایر ژنتیکی می باشد. در طی پنج دهه گذشته کاربرد متدهایی مبتنی بر ژنتیک جمعیت و آمار در اصلاح دام، امکان دستیابی به حیواناتی با توان تولیدی بالا را فراهم آورده است. بسیاری از پیشرفتهای بدست آمده در بهبود برخی از صفات اقتصادی بر اساس مشاهدات فنوتیپی حیوان می باشد که ناشی از عملکرد تعداد زیادی از ژنها با اثرات کم در بروز فنوتیپ است. اما در طی زمان برخی محدودیتهای روشهای مورد استفاده آشکار گردید. پیشرفتهای موجود در بیوتکنولوژی چالشهای موجود را برطرف می کند. از ینرو پیشرفتهای اخیر در زمینه بیولوژی مولکولی امکان تشخیص و استفاده از تنوع ژنتیکی به منظور پیشرفت گونه های حیوانی را فراهم آورده است. این مقاله بر آن است که کاربرد بیوتکنولوژی را در حفظ منابع ژنتیکی ارائه نماید.

واژه های کلیدی:بیوتکنولوژی،تنوع ژنتیکی،ریزماهواره

مقدمه

انتخاب طبیعی و مصنوعی در گونه‌های مختلف حیوانات اهلی موجب شده است تا آنها با شرایط محیطی مختلف و نیز احتیاجات متفاوت انسان سازگار شوند، مثلاً برخی به انگلها و بیماریها مقاومت پیدا کرده و بعضی دیگر به رطوبت، خشکی یا دمای بالا سازگار شده اند (فائو1999،مسوف 2005). با توجه به تفاوتهای شرایط محیطی، بیماریها و سلیقه های متفاوت مصرف کننده، حفظ تنوع ژنتیکی این ذخایر برای گسترش بهبود ژنتیکی دامها یک امر اجتناب ناپذیر است (بارکر 1994). به دلیل افزایش استانداردهای تولیدی و شرایط موجود، یکنواختی ژنتیکی در نژادهای دامی بیشتر به کار گرفته می‌شود و این مسئله باعث کاهش تنوع ژنتیکی در دامهای اصلاح شده گردیده است (فرانکهام، 1994). از دست رفتن تنوع ژنتیکی برای برآورده کردن نیازهای غیرقابل پیش‌بینی در آینده، انتخاب را محدود خواهد نمود، بنابراین آینده اصلاح نژاد به تغییرات ژنتیکی بستگی دارد (بارکر،1999). انجام برنامه های حفاظت ژنتیکی هزینه‌های زیادی دربردارند و امکان نگهداری همه تغییرات ژنتیکی در تمام جمعیت ها وجود ندارد. برای این منظور ضروری ترین کار در مرحله اول ارزیابی منابع ژنتیکی و انتخاب جمعیت های مناسب برای نگهداری است. از اینرو به استراتژی‌هایی نیاز است، تا بتوان وسیع ترین سطح ممکن از تغییرات ژنتیکی را در سرتاسر گونه‌ها حفظ نمود (جفری 2000). تئوری ژنتیک جمعیت پیش‌بینی می کند که کاهش تنوع ژنتیکی، قدرت مانور یک گونه را در مقابل تغییر فشار انتخاب محدود می کند. از اینرو اطلاع از ساختار ژنتیک جمعیت

Archive of SID
www.SID.ir

گونه‌ها برای حفظ آنها، برنامه‌ریزی و مدیریت صحیح ضروری است (رانو،2004). از دهه 1980 بیوتکنولوژی زمینه جدیدی را برای رشد پیدا نمود که این تغییر مرهون پیشرفتی است که حاصل فن آوری برش و اتصال مولکول دی.اِن.اِ. می‌باشد. با توجه به قابل اعتماد نبودن معیارهای فنوتیپی، امروزه روش نشانگرهای مولکولی دی.اِن.اِ. قادر هستند تفاوتهای ژنتیکی را در سطح دی. اِن.اِ. ثبت نمایند و به ابزاری قابل اعتماد و مناسب جهت مطالعات مربوط به تنوع ژنتیکی و در کل مطالعات ژنتیک جمعیت تبدیل گردیده‌اند (هالی 2000). در نیمه دوم قرن بیستم تعداد زیادی از تکنیک‌های آزمایشگاهی برای توصیف تنوع ژنتیکی درون و بین گونه‌ها یه وسیله آنالیز مولکولهای مهم بیولوژیکی در دسترس قرار گرفتند (کومار،2001). واکنش زنجیره ای پلیمراز یکی از مهمترین روشهای ابداع شده در ژنتیک مولکولی است که برخی از نشانگرهای مولکولی بر اساس این واکنش، تنوع ژنتیکی جمعیتها را تخمین می زنند. ISAG[1] ریزماهواره‌ها را به عنوان بهترین نشانگر جهت تعیین تنوع ژنتیکی گونه‌های حیوانی معرفی می کند. بر اساس بررسیهای ثبت شده توسط FAO، 66 درصد کل مطالعات تعیین فاصله ژنتیکی با استفاده از ریزماهواره ها انجام گرفته است. همچنین در تحقیقاتی که توسط FAO در رابطه با انتخاب نشانگر (بدون در نظر گرفتن فاکتورهای هزینه) جهت مطالعات تنوع ژنتیکی انجام شده، گزارشات حاکی از این است که 70 درصد محققین ریزماهواره‌ها را انتخاب کرده‌اند و 30 درصد آنها نیز اِس.اِن.پی را برگزیده‌اند (فائو،2004).

مروری بر پژوهشهای جمعیتی با استفاده از ریزماهواره ها

یابو و همکاران (2006) تنوع ژنتیکی و فاصله ژنتیکی ما بین 12 جمعیت مرغ بومی چینی را با استفاده از 30 جایگاه ریزماهواره‌ای تعیین کردند. نتایج نشاندهنده چندشکلی بودن تمام جایگاهها و میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده 0/764 می‌باشد. از اینرو بر کارایی ریزماهواره ها جهت تعیین تنوع ژنتیکی مرغهای بومی چینی تأکید شد. در مطالعات قبلی، تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای انگشت نگاری دی.اِن.اِ 2، رپید و ریزماهواره‌ها در لاینهای مرغ تعیین گردید. از آنجا که ریزماهواره‌ها دشواری کمتر، دقت و کارایی بیشتری نسبت به سایر متدها دارند جهت تعیین تنوع ژنتیکی نقش بارزتری را ایفا می نمایند. وان هالا و همکاران (1998) تنوع و فاصله ژنتیکی 8 لاین مرغ را به وسیله 9 نشانگر ریزماهواره تعیین کردند. نتایج نشاندهنده بیشترین هتروزیگوسیتی در جوجه های گوشتی (0/67) و کمترین در لگهورن سفید Makala بود، همچنین 8 لاین مرغ به سه کلاستر تقسیم شدند. آگاروال و همکاران (2007) تنوع ژنتیکی در 25 مکان ریزماهواره را در بزهای Mehsana از Gujarat را مورد مطالعه قرار دادند که سطح بالایی از تفاوت ژنتیکی در بزهای Mehsana مشاهده شد. این سطح بالای تفاوت ژنتیکی می تواند فرصتی برای کمک به پیشرفت ژنتیکی بزهای Mehsana باشد. چند شکلی زیادی در کل جایگاهها وجود داشت.هانسیلک و همکاران (2000) از طریق تجزیه و تحلیل ریزماهواره ای، تمایز میان جمعیتهای هم عصر هلشتاین فریزین دنیای جدید (جمعیتهای هلشتاین فریزین ایالات متحده آمریکا و کانادا) و دنیای قدیم (جمعیتهای هلشتاین فریزین اروپایی) را نشان دادند. در این مطالعه از 39 جایگاه ریزماهواره ای در 211 حیوان (از 5 جمعیت) استفاده شد. تنوع ژنی در تمامی 5 جمعیت گاو هلشتاین فریزین مورد بررسی مشابه بود (از 0/43 تا

[1] - International society for animal genetics

[2] - DNA Finger printing (DAF)

Archive of SID
www.SID.ir

0/49). درخت فیلوژنتیک حاصل از افراد مورد بررسی که بر اساس نسبت آللهای به ارث رسیده1 بدست آمد، تفاوت آشکاری را میان جمعیتهای دنیای قدیم و جدید نشان داد. به همین میزان، تمایز ژنتیکی بین جمعیتهای مذکور، که بوسیله FST اندازه گیری شد، بسیار معنی دار بود. آنها همچنین توانستند ورود معنی دار گاو هلشتاین فریزین دنیای جدید را به داخل جمعیتهای گاو هلشتاین فریزین اروپایی، نشان دهند.

تاکاهاشی و همکاران (1998) رابطهٔ ژنتیکی میان نژادهای مرغ بومی ژاپن را بر اساس چندشکلی ریزماهوارهای مطالعه نمودند. نمونههای دی.اِن.اِ از 10 نژاد بومی و یک نژاد وارداتی (لگهورن سفید) با استفاده از 8 نشانگر ریزماهواره تجزیه و تحلیل گردیدند. هر 8 نشانگر چندشکل بودند. اکثر مرغان بومی ژاپن ، بسته به نژاد و منشاء، در سه گروه قرار گرفتند. نتایج نشان داد که ریزماهوارهها ابزار مناسبی برای مطالعه روابط ژنتیکی میان نژادهای مرغ می باشد (98).

الوفسو و همکاران (2005) نیز پارامترهای ژنتیکی داخل و مابین جمعیت مرغان Haimen را با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره تعیین کردند و نشان دادند که این نشانگرها ابزار مناسبی جهت تعیین پارامترهای ژنتیکی می باشند. میانگین تعداد آللها در این تحقیق برای 15 جایگاه، 0/06±5/88 گزارش شده است و بین جمعیتها نیز 0/01±0/6828 به دست آمد. ژانگ و همکاران (2002) تنوع ژنتیکی مرغهای بومی چینی را با استفاده از چندشکلی پروتئینی، رپید و ریزماهواره ها تعیین کردند. تنوع ژنی داخل جمعیتها، تنوع بیشتر نژادهای مرغ بومی چین نسبت به نژادهای گوشتی و تخمگذار را منعکس می کند و تنوع ژنی مابین جمعیتها نشان میدهد که بیشترین تفاوت مابین نژادهای گوشتی و تخمگذار دیده می شود و فاصله بین مرغهای بومی چینی و نژادهای گوشتی کمتر از نژادهای تخمگذار می باشد. همچنین نتایج رپید و چندشکلی پروتئینی نیز تفاوت بین مرغهای بومی چینی و تخمگذار را نشان میدهد. جوسی هیلل و همکاران (2003) به بررسی تنوع زیستی 52 جمعیت مرغ اروپایی با استفاده از 22 نشانگر ریزماهوارهای دینوکلئوتیدی پرداختند. میانگین، حداقل و حداکثر چندشکلی بر اساس چندشکلی نشانگرها به ترتیب 0/91، 0/25 و 1 به دست آمد. نتایج نشان داد که چندشکلی در جمعیتهای فاقد انتخاب بالاتر از جمعیتهایی است که در آنها انتخاب انجام گرفته است به عنوان مثال در نژادهای تخمگذار چندشکلی کمتری مشاهده میشود. بنابراین آگاهی از وضعیت خزانه ژنی مؤثرترین روش جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیتهاست. تنوع ژنی و فراوانی هتروزیگوسیتی این جمعیتها به ترتیب 0/48 و 0/47 برآورد شد و نشان داده شد که مرغ جنگلی قرمز می تواند به عنوان یکی از اجداد اصلی مرغ مطرح شود. همچنین مسوف و همکاران (2005) ساختار ژنتیکی اکوتیپهای مرغ تانزانیا را بر اساس ریزماهوارههای دی.اِن.اِ تعیین کردند. مطالعه بر روی 10 جمعیت با استفاده از 20 نشانگر انجام گرفت. آنها بر اساس نتایج بدست آورده جمعیتها را به 9 کلاستر تقسیم کردند و نشان دادند جوجه هایی که اکوتیپهای مشابه دارند در یک کلاستر قرار می گیرند. شهبازی و همکاران (1384) تنوع ژنتیکی مرغان بومی اصفهان، فارس و یزد را با استفاده از 5 نشانگر ریزماهواره مورد بررسی قرار دادند. در این بررسی از هر جمعیت 30 نمونه به طور تصادفی انتخاب شده بود که بیشترین و کمترین متوسط تعداد آللها به ترتیب در جمعیتهای فارس (3/2) و اصفهان (2/7) مشاهده شد، همچنین جمعیتهای فارس و اصفهان به ترتیب

Archive of SID
www.SID.ir

بیشترین و کمترین مقدار تنوع درون جمعیتی را به خود اختصاص دادند. شکری (1385)نیز به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت مرغ بومی اصفهان با استفاده از ریزماهواره ه پرداختند و پایین بودن نوع در این جمعیت را گزارش نمودند.

باری و همکاران (1996) با استفاده از 26 نشانگر ریزماهواره، که بطور تصادفی بر روی ژنوم توزیع شده اند، فاصله بین نژادهای گاو آلمانی (3 نژاد کوچک در حال انقراض و 6 نژاد استاندارد) را برآورد نمودند. نتایج ابتدایی حاصل از برآورد فاصلهٔ ژنتیکی استاندارد Nei[1] براساس اولین گروه شامل 12 نشانگر نشان داد بیشترین فاصله بین German Brown و Angler و جمعیتهای Shorthornمی باشد (بترتیب 0/472 و 0/523). ریزماهواره ها، فاصله ای به میزان 0/232 را بین دو جمعیت Black Pied اصیل موجود در آلمان شرقی و غربی نشان داد. فاصلهٔ ژنتیکی بین جمعیت Holstein و دو جمعیت Black Pied بطور قابل ملاحظه ای بیشتر از (0/189 و 0/272) فاصلهٔ میان جمعیتهای Holstein و Red Holstein بود (0/066).

مارتینز و همکاران (2004) ویژگیهای ژنتیکی بز Blonca Andaluza را با استفاده از ریزماهواره ها مورد مطالعه قرار دادند. در این مطالعه از 50 حیوان از 5 گله با 27 نشانگر ریزماهواره استفاده شد. همه 27 نشانگر ریزماهواره چند شکل بودند ومیانگین تعداد آلل ها 8/22 محاسبه شد. در بیشتر جایگاه های ریزماهواره تعادل هاردی واینبرگ را نشان دادند.

بژورنستاد و همکاران (2000) به ارزیابی ساختار ژنتیکی 4 نژاد اسب بومی نروژ با استفاده از 35 نشانگر ژنتیکی شامل 9 جایگاه بیوشیمیایی و 26 ریزماهواره پرداختند. سهم تنوع ژنتیکی بصورت هتروزایگوسیتی و تعداد آلل اندازه گیری شد. هیچ نشانه آشکاری از اثر bottleneck در هیچیک از نژادها یافت نگردید ولی همخونی معنی داری در یکی از نژادها برآورد شد که ممکن است حاکی از تقسیمات فرعی در این نژاد باشد. تمایز جمعیتی معنی داری بین تمامی نژادها و نیز بین دو نژادی که به تازگی انشقاق یافته اند، تشخیص داده شد.

دایز و همکاران (2000) روابط ژنتیکی میان 6 جمعیت گوسفند مرینو را با استفاده از ریزماهواره ها بررسی نمودند. تاریخچه این 6 جمعیت کم و بیش بخوبی مستند می باشد و حاکی از آن است که تمامی آنها از نژاد مرینو اسپانیایی و طی 400 سال گذشته مشتق شده اند. با وجود آنکه تنوع ژنتیکی در داخل دیگر جمعیتها به میزان زیادی حفظ شده بود، این تنوع در میان جمعیتهای اسپانیایی و پرتقالی بیشترین بود. این محققین، بوسیلهٔ انواع مختلفی از آزمونهای آماری متفاوت، توانستند جمعیتهای French Mutton Merino، German Mutton Merino وNew Zealand Merino را از یکدیگر و از جمعیت Merino Iberian متمایز نمایند و این نشان می دهد که ریزماهواره ها قادر به پیگیری تغییرات نسبتا جدید در ساختار جمعیتی نژادهای گوسفند می باشند. دندروگرامی که بر اساس فراوانی آللی ریزماهواره ها تشکیل شد نشان داد جمعیتهایی که بر اساس ملاکهای انتخاب (گوشت در برابر پشم) تقسیم شده اند با هم در یک خوشه قرار می گیرند. بنابازی (1381) تنوع ژنتیکی 5 جمعیت گوسفند ایرانی با استفاده از ریزماهواره ها بررسی کرد و دریافت که کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت های کردی کردستان و کردی خراسان در بین 5 جمعیت سنجابی، کردی خراسان، کردی کردستان، مهربان و مغانی وجود دارد.

1- Nei's Standard Genetic Distance

Archive of SID
www.SID.ir

مواد و روشها

مراحل تخمین تنوع ژنتیکی براساس ریزماهواره ها معمولاً به شرح ذیل انجام می گیرد.

1- تهیه خون یا نمونه های بافت،پر وغیره از جمعیت مورد مطالعه

2- استخراج دی.اِن.اِ

3- تعیین کمیت و کیفیت دی.اِن.اِ استخراج شده

4- انجام واکنش پی.سی.آر بر روی نمونه‌های دی.اِن.اِ جمعیت مورد مطالعهبر اساس جایگاه های مورد نظر

5- الکتروفورز فرآورده‌های پی.سی.آر

6- رنگ آمیزی ژلها

7- اسکوربندی نمونه‌ها به ورت دستی یا با نرم افزار مربوطه

8- انجام محاسبات به کمک نرم‌افزارهای مناسب و گزارش نتایج و تفسیر داده‌ها

شاخصهای تعیین تنوع ژنتیکی

شاخص تنوع ژنتیکی با استفاده از هتروزیگوسیتی، پلی مورفیسم و فراوانی آللی برآورد می گردد.

منابع:

1) بنابازی، م.ح ؛ 1381. بررسی تنوع ژنتیکی در درون و بین پنج جمعیت گوسفند ایرانی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی. دانشکده کشاورزی. دانشگاه تهران.

2) شکری ف.؛1385. بررسی پلی‌مورفیسم مرغان بومی اصفهان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین.

3) شهبازی آذربریس ص.؛ میرحسینی س. ض.، 1384. تنوع ژنتیکی مرغان بومی اصفهان، فارس و یزد با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. چهارمین همایش ملی بیوتکنولوژی ایران. کرمان.

4) Aggarwal R.A.K.; Dixit S.P.; Verma N.K.; Ahlawat S.P.S.; Kumar Y.; Chander R.; Singh K.P.; 2007. Population genetics analysis of Mehsasa goat based on microsatellite markers. Current Science. 92:1133-1136.

5) Barker J. S. F. 1999. Conversation of livestock breed diversity. Animal Genetic Resources Information. 25: 33-43.

6) Barker J. S. F.; 1994. Animal breeding and conservation genetics. In: Conservation genetics, (eds loescheka, v., Tomiuk, J. and Iain,S.K.) Birkhouser verlag, basel.

7) Barre-dirie A.;Basedow M.; Looft C.; Kalm E.; Harlizius B.; 1996. Genetic distance between german cattle breeds. Proceedings of the 25th Conference of ISAG, *Animal Genetics* 27 (Supplement 2), 18.

8) Bjornstad G.; Gunby E.; Roed K.H.; 2000. Gentic structure of norwegian horse breeds. Journal of Animal Breeding and Genetics 117, 307-317.

9) Diez-Tascon C.; Littlejohn R.P.; Almeida P.A.R.; Crawford A.M.; 2000. Genetic variation within the merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. Animal Genetics 31, 243-251.

Archive of SID
www.SID.ir

10) FAO. 2004. Measurement of domestic animal diversity – A review of recent diversity studies. Commission on genetic resources for food and agriculture. Third session. http://dad.fao.org./en/refer/library/guidline/marker.pdf
11) FAO.1999. The case for conserving farm and related animals. www. Fao. org/ en/ refer/ library/ idad/ brochure.pdf
12) Frankham R.1994.Conservation of genetic diversity for animal improvement.5th Word on genetic applied to livestock production.21:385-392.
13) Geoffrey K. C.; Macavoy E.S.; 2000. Microsatellite: consensus and controversy. Comparative biochemistry and physiology part B 126:455-476.
14) Haley C.; Visscher P.; 2000. DNA marker and genetic testing in farm animal improvement: current application and future prospects. http://www.nhc.ed.ac.uk/
15) Hanslik S.; Harr B.; Brem G.; Schlotterer C.; 2000. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary new world and old world holstein friesian populations. Animal Genetics 31, 31-38.
16) Hillel J.; M.Geroenen M. A.; Tixier-boichard M.; Korol A. B.; David L.; Kirzhner V. M.; Burke T.; Barre- dirie A.; Crooijmans R. P. M. A.; Elo K.; Feldman M. W.; Freidlin P. J., Maki-tanila A.; Dortwijn.M.; Thomson P.; Vignal A.; Wimmers K.; Weigend S.; 2003 . Biodiversity of 52 chicken population assessed by microsatellite typing of DNA Pools. Genet. Sel. Evol. 35: 533-557.
17) Kumar S.;Fillipski A.J.;2001.Molecular phylogeny Reconstruction. Encylopedia of life Science. Macllialan publishers L td,Nature publishing group/ww.els.net.
18) Martinez A.M.; Carrera M.P.; Acosta J.M.; Rodriguez-Gallard P.P.; Cabello A.;Camacho E.; Degado J.V.; 2004. Genetic characterization of the Blanca Andaluza goat based on microsatellite markers. South African Journal of Animal Science. 34: 17-19.
19) Msoffe P. L. M.; Mtambo M. M. A.; Minga U. M.; Juul-Madsen H. R.; Gwakisa P. S.; 2005. Genetic structure among the local chicken ecotypes of tanzania based on microsatellite DNA typing. African Journal of biotechnology. 4(8): 768-771.
20) Olowofeso O.; Wang J. Y.; Dai G. J.; Yang Y.; Mekki D. M.; Musa H. H.; 2005. Measurement of genetic parameters within and between Haimen chicken populations using microsatellite markers. Poultry science. 4(3): 143:148.
21) Runo M.S.;Muluvi G.M.;Odee D.W.;2004. Analysis of genetic structurein Melia olkensii (Gurke) populations using random amplified polymorphic DNA. African journal of biotechnology.3(8):421-425.
22) Takahashi H.; Nirasawa K.; Nagamine M.; Tsudzuki M.; Yamamoto Y.; 1998. Genetic relationships among japanese native breeds of chicken based on microsatellite DNA polymorphisms. The Journal of Heredity. 89: 543-546.
23) Vanhala T.; Tuiskula-Haavisto M.; Elo K.; Vilkki J.; Maki-Tanila A.; 1998. Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. Poultry Science 77: 783-790.
24) Ya – BO Y.; Jin – Yu W.; Mekki D. M.; Qing – Ping T.; Hui – Fang L.; 2006. Evaluation of genetic diversity and genetic distance between twelve Chinese indigenous chicken breeds based on microsatellite markers. Poultry science. 5(6): 550-556.
25) Zhang X.; Leung F. C.; Chan D. K. O.; Yang G.; Wu C.; 2002. Genetic diversity of Chinese native chicken breeds on protein polymorphism, Randomly amplified polymorphic DNA, and microsatellite polymorphism. Poultry science. 81: 1463-147.

Archive of SID

www.SID.ir

The application of biotechnology on conservation of genetic diversity

Shokri F.[1]; Hashemi M.R.[2]

1- MSc Student, Department of Animal Science, Ramin Agriculture University, Ahvaz, 2-Agriculture and Natural Resources Research Center,Shiraz.

Abstract

Major changes in production systems,caused by the world's growing population and demand for animal products,are to be expected.Maintaining animal genetic diversity in systems where intensification of production is to occur for increased food production is a tremendous challenge. Accurate determination of the genetic variations within animal species is a fundamental step towards conservation of the animal genetic resources. During the last five decades, the application of methods based on population genetics and statistics allowed the development of animals with a high productive efficiency. Important advances to some of the economically important characters in several species of livestock has been achieved based on phenotypic performance,however,several limitations of these methods of improvement based on population genetics alone are becoming evident with time.Advances in biotechnology is trying to take up the challenge.Therefor recent developments in molecular biology have opened the possibility of identifying and using genetic variation for the genetic improvement of livestock. This article was surveyed the application of biotechnology on conservation genetic resources.

Key words:biotechnology,genetic diversity,microsatellite

Archive of SID

www.SID.ir