نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۲، شماره ۲، سال ۱۳۸۹، ص. ۱۸۳-۱۷۸

Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 2, No. 2, 2010, p. 178-183

تنوع میکروساتلایت در شش نژاد گوسفند ایرانی

وحید مولائی[۱*] - رحیم عصفوری[۲] - مرادپاشا اسکندری نسب[۳] - صابر قنبری[٤] - مهدی نیکمرد[٥]

تاریخ دریافت: ۸۸/۶/۱۰
تاریخ پذیرش: ۸۹/۲/۶

چکیده

در این مطالعه تنوع ژنتیکی شش نژاد از گوسفندان ایرانی (سنجابی، کبوده شیراز، ترکی قشقایی، لری، بختیاری و عربی) با استفاده از ده جفت نشانگر میکروساتلایت DYMS1, MAF214, OarJMP29, OarCP34, MCM527, OarJMP58, MAF33, BM8125, BM1824, و MAF70) بررسی شده است. استخراج DNA با روش تغییر یافته استخراج نمکی انجام شد. تکثیر DNA ژنومی به تعداد ۴۵ نمونه از هر نژاد از طریق واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR) صورت گرفت. تمامی ترکیبات مختلف جایگاه - نژاد بجز جایگاه MAF214 در نژاد کبوده شیراز و جایگاه های BM1824، MAF214، MCM527 در نژاد سنجابی در تعادل هاردی واینبرگ قرار داشتند. همه آلل های یافت شده در شش نژاد پلی مورف بودند و در۲۷۰ راس مطالعه شده برای ۱۰جایگاه، تعداد ۷۳ آلل مشاهده گردید. هتروزیگوسیتی محاسبه شده بر اساس داده های حاصل از این تحقیق، تنوع ژنتیکی بالائی با میانگین ۰/۷۴۷ تا ۰/۷۹۲ را در شش نژاد گوسفند مورد مطالعه نشان می‌دهد. در حالیکه تفاوت معنی‌داری بین هتروزیگوسیتی مورد انتظار مشاهده نشد. تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که حدود ۸ درصد از واریانس کل توسط جزء واریانس بین نژادی و ۹۲ درصد نیز توسط جزء واریانس درون نژادی قابل توجیه است.

واژه های کلیدی: میکروساتلایت، گوسفند، تنوع ژنتیکی، هتروزیگوسیتی، پلی مورف

مقدمه

گوسفند اهلی تقریبا ۹۰۰۰ سال قبل از گله های وحشی اروپایی (موفلون) و آسیایی (اوریال) در جنوب آسیا بوجود آمده است (۱۵). تاکنون ۸۵۰ نژاد گوسفند در بانک اطلاعات جهانی ذخایر ژنتیک دام به ثبت رسیده است که از این میان اطلاعات مربوط به اندازهٔ جمعیت ۶۵۶ نژاد در دسترس می باشد و با استفاده از این اطلاعات، ۱۱۹ نژاد گوسفند در معرض خطر انقراض می‌باشند (۶). کشور ایران مهد اولیه پرورش گوسفند در جهان بوده و به لحاظ جمعیت بالای گوسفند و تنوع نژادی (۲۷ نژاد مختلف) بخش وسیعی از ذخایر ژنتیکی گوسفندان جهان را دارا می باشد (۳). اولین قدم برای حفظ ذخایر ژنتیکی دام های اهلی جمع آوری اطلاعات در زمینه تنوع ژنتیکی نژادها می باشد (۱۲). تا کنون مطالعه جامعی بر روی تمام نژادهای گوسفند ایران به طور همزمان انجام نگرفته است. عصفوری (۴) تنوع موجود در ۱۰ تودهٔ ژنتیکی گوسفندان ایرانی را برای ۱۰ جایگاه بیوشیمیایی چند شکل بررسی نمود. آزادی (۱) تنوع ژنتیکی ۵ نژاد گوسفند ایرانی (سنجابی، کردی کردستان، کردی خراسان، مهربان و مغانی) را با استفاده از نشانگر RAPD مورد مطالعه قرار داد. بنابازی (۲) تنوع ژنتیکی درون و بین پنج جمعیت گوسفند ایرانی (سنجابی، کردی کردستان، کردی خراسان، مهربان و مغانی) را با استفاده از ۵ جایگاه میکروساتلایت (McMA2، McMA26، MAF64، OarCP26، OarFCB304) بررسی نمود. تحقیق حاضر قسمتی از یک طرح جامع بررسی تنوع ژنتیکی کل نژادهای گوسفند ایران است که به منظور بررسی تنوع ژنتیکی از نشانگرهای میکروساتلایت که قویترین ابزار برای ردیابی آلل های یک نژادند (۵، ۱۸ و ۳۱) استفاده شده است.

مواد و روش ها

تعداد ۵۰ نمونه خون به صورت کاملا تصادفی از ۵ تا ۹ گله از هر نژاد تهیه گردید. اطلاعات مربوط به تعداد DNA، محل جمع آوری نمونه های ۶ نژاد و تعداد گله در جدول ۱ نشان داده شده است. اخذ نمونه خون با استفاده از ونوجکت‌های ۵cc حاوی EDTA و از طریق سیاهرگ وداج گردن صورت گرفت. کمیت وکیفیت DNA

۱، ۴ و ۵- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان
۲- دکتری ژنتیک و اصلاح دام، استادیار پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران
(* - نویسنده مسئول: Email: v_molaei@yahoo.com)
۳- دکتری ژنتیک و اصلاح دام و دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان

استخراجی به روش استخراج نمکی (۱۷) با استفاده از روش اسپکتروفتومتری و ژل آگارز تعیین شد. در این تحقیق از تعداد ۱۰ جفت نشانگر میکروساتلایت گوسفند (BM8125 , BM1824، MAF33 ,OarJMP58 ,MCM527, OarCP34, OarJMP29, MAF214, DYMS1,وMAF 70) پیشنهاد شده توسط فائو استفاده شد (۱۰). واکنش‌های PCR در دستگاه ترموسایکلر BIO-RAD با بلوک ۹۶ تایی برای تیوپ های PCR به حجم ml ۰/۲ انجام شد. الکتروفورز فرآورده های PCR با استفاده از دستگاه الکتروفورز عمودی BIO-RAD دارای ۴۸ چاهک انجام شد. برای رنگ‌آمیزی ژل‌های اکریلامید دناتوره شده از روش رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد. برای بدست آوردن اندازهٔ آللها و تعیین انواع آلل و ژنوتیپ، پس از اسکن عکس ژل ها باندهای مربوط به فرآورده های PCR دقیقاً تعیین و مشخص گردید، سپس باندهای هر نشانگر، با در نظر گرفتن خط کش اندازه[1] بررسی شد. برای یکنواخت سازی داده های حاصل از ژل های مختلف و در نهایت بدست آوردن اندازه آلل ها از رگرسیون خطی Y= bx + a استفاده شد. احتمال برقراری تعادل هاردی-واینبرگ، هتروزیگوسیتی مشاهده شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و افت هتروزیگوسیتی با استفاده از دو نرم افزار PopGen32 (۳۱) و GeneAlEx (۲۴) بدست آمد. تجزیه واریانس مولکولی با استفاده از نرم افزار GeneAlEx انجام شد (۲۴).

نتایج و بحث

DNA استخراج شده دارای کیفیت بسیار خوب وتقریبا بدون آلودگی RNA، پروتئین و نمک بود. شکستگی DNA در هیچ یک از نمونه ها مشاهده نشد و در همه جایگاه ها تکثیر به خوبی انجام گردید. از میان ۶۰ ترکیب جایگاه- نژاد، تنها جایگاه MAF214 در نژاد کبوده شیراز و جایگاه های BM1824، MAF214 و MCM527 در نژاد سنجابی در سطح ۵ درصد در تعادل هاردی واینبرگ قرار نداشتند. وجود تعادل هاردی- واینبرگ در عمده ترکیبات جایگاه- نژاد را می‌توان به واسطه نمونه گیری کاملا تصادفی و همچنین تعداد مناسب نمونه (تعداد پیشنهادی فائو) عنوان کرد. در مطالعات بوچانن (۱۹۹۴) و گوستاو (۲۰۰۳)، کلیه ترکیبات جایگاه- نژاد در تعادل بودند ولی تحقیقات بنابازی (۱۳۸۲) ، معزمی (۱۹۹۷)، اشمید (۱۹۹۹)، ون هالا (۱۹۹۸)، راسل (۲۰۰۰)، پاری ست (۲۰۰۳) و پیتر (۲۰۰۷) نشان داد که در نژادهای مطالعه شده برخی ترکیبات جایگاه-نژاد در تعادل قرار نداشتند. بیشترین آلل مشاهده شده مربوط به جایگاه BM1824 با ۹ آلل در نژادهای بختیاری و سنجابی می باشد. کمترین آلل مشاهده شده (۴آلل) مربوط به جایگاه های MAF214 در نژادسنجابی و OarJMP58 در نژاد قشقایی می باشد (جدول۲). در مجموع تعداد ۷۳ آلل در ۱۰ جایگاه در کل نژادها مشاهده شد. در نژاد لری طور میانگین کمترین تعداد آلل (۵/۹) مشاهده شد. میانگین تعداد آلل مشاهده شده در شش نژاد برابر با ۶/۳۱ شد. گوستاو (۱۳)، گری گالونیت (۱۲) و پیتر (۲۴) در مطالعات خود به طور میانگین به ازای هر جایگاه میکروساتلایت به ترتیب تعداد ۴/۳۸، ۶/۹۸، ۶/۴۲ آلل را مشاهده کردند. این نتایج نشان می دهد که نژادهای گوسفندان ایرانی از تنوع آللی مناسبی برخوردارند. آزمون وجود تفاوت معنی دار بین تعداد آلل های مشاهده شده در۱۰ جایگاه مذکور در نژادهای مطالعه شده با نرم افزار SAS9 انجام شد و تفاوت معنی دار دیده نشد. در مطالعه بوت کاسکاس (۹) که مربوط به سه گونه مختلف طیور است، این آزمون انجام شد و تفاوتی بین تعداد آلل های مشاهده شده در گونه های مطالعه شده دیده نشد.

بیشترین و کمترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده به ترتیب از نژادهای کبوده شیراز ۰/۶۹۶ و نژاد عربی ۰/۵۸۶ بدست آمد (جدول۳). میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در شش نژاد برابر با ۰/۶۴۲ می باشد. بنابازی (۲) برای نژادهای گوسفند ایرانی مطالعه شده، گوستاو (۱۳) برای گوسفندان آمریکای شمالی، وافولا (۲۹) برای گوسفندان آفریقایی، پاری ست (۲۲) برای گوسفندان ایتالیا، هندلی (۲۰۰۷) برای گوسفندان اروپا، به ترتیب مقادیر ۰/۶۲، ۰/۵۲، ۰/۶۴، ۰/۶۰ و ۰/۶۰۶ بدست آوردند، این نتایج نشان می دهد که نژادهای گوسفند مطالعه شده در تحقیق حاضر و به طور کلی نژادهای گوسفند ایران، از سطح تنوع بالاتری نسبت به نژادهای گوسفند اروپایی و آمریکایی برخوردارند، همچنین از نظر میزان تنوع با نژادهای آفریقایی مشابهت دارند.

دامنه هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی (۱۹) در شش نژاد بین ۰/۷۴۷ (نژاد قشقایی) و ۰/۷۹۲ (نژاد کبوده شیراز) بدست آمد (جدول۴). میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی (۱۹) در شش نژاد برابر با ۰/۷۷۳می باشد. آزمون وجود یا عدم وجود تفاوت بین میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده نژادهای ذکر شده با استفاده از نرم افزار SAS سطح ۹ انجام شد و تفاوت معنی داری بین میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده نژادها دیده نشد. همچنین آزمون مقایسه تنوع ژنی نژادها با یکدیگر بر اساس هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی (۱۹) با نرم افزار SAS سطح ۹ انجام گردید و نشان داده شد که تنوع درون نژادی برای نژادهای مورد مطالعه تقریبا یکسان است. نتایج مقایسات بنابازی (۲) در نژادهای مطالعه شده ایرانی، فرید (۱۱)، وافولا (۲۹)، پایوا (۲۱) و اوزرو (۲۰) به ترتیب در نژادهای گوسفند شمال اروپا، آفریقا، برزیل و روسیه نشان داد که بین نژادهای مطالعه شده از لحاظ هتروزیگوسیتی مشاهده شده تفاوت وجود ندارد، تنها در مطالعه گوستاو (۱۳)، نتایج نشان داد که بین نژاد های دارای بیشترین و کمترین تنوع ژنی اختلاف معنی دار وجود دارد.

1- Ladder

(جدول۱)- نژادهای گوسفند مطالعه شده، محل جمع آوری نمونه و تعداد گله

نژاد	تعداد نمونه	محل نمونه گیری	تعداد گله
سنجابی	۴۵	کرمانشاه (گله مرکزتحقیقات علوم دامی، کوزران، ماهیدشت)	۵
کبوده شیراز	۴۵	فارس(داریون، خرامه، زرقان)	۶
ترکی قشقایی	۴۵	فارس (سپیدان، اقلید)	۷
لری	۴۵	لرستان (الشتر ، سلسله)	۷
بختیاری	۴۵	لرستان (درود ، ازنا)	۹
عربی	۴۵	خوزستان (حمیدیه،کوت عبدا...، دارخوین)	۸

در ژنتیک جمعیت به انتقال آلل های ژنی از یک نژاد به نژاد دیگر جریان ژنی گفته می شود. برقراری جریان ژنی بین دو نژاد، منجر به ترکیب شدن دو منبع ژنی و کاهش تنوع ژنتیکی بین دو گروه می شود (۱۴). نژادهای مطالعه شده بیشتر توسط ایلات و عشایر(عشایر لر، بختیاری، سنجابی، قشقایی، عشایر خمسه و باصری و عشایر عرب خوزستان) نگه داری می شوند، با توجه به نوع زندگی کوچ نشینی عشایر (عشایر قشقایی مسافت ۵۰۰ کیلومتر را کوچ می کنند) احتمالا بین نژادها جریان ژنی برقرار بوده و این موضوع می‌تواند یکی از دلایل تفاوت کم بین نژادها از نظر میزان تنوع به حساب آید.

در نژادهای ترکی قشقایی، بختیاری، کبوده شیراز، سنجابی، لری و عربی بیشترین افت هتروزیگوسیتی به ترتیب مربوط به جایگاه های MAF33، BM8125، DYMS1، MAF70، BM1824، BM8125 می باشد (جدول ۵). دامنه افت هتروزیگوسیتی (F_{IS}) بین ۰/۱۱۶ (نژاد کبوده شیراز) و ۰/۲۲۵(نژادعربی) محاسبه گردید. آزمون مربع کای(X^2) به منظور تعیین معنی دار بودن تفاوت بین هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مشاهده شده انجام شد. نتایج نشان داد که تفاوت معنی دار در سطح ۰/۰۰۱ بین هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مشاهده شده وجود دارد.

نتایج مشابهی برای هتروزیگویستی‌ها توسط فرید و همکاران (۱۱) گزارش گردیده است (۶). پاری ست (۲۲) تفاوت بین F_{IS} نژادها را نشان دهنده سطوح مختلف همخونی می داند، بنابراین بطور نسبی نژاد عربی خوزستان دارای بیشترین همخونی بوده و نژاد کبوده شیراز دارای کمترین سطح پرورش خویشاوندی می باشد. در مطالعه اوزرو (۲۰) که مربوط به نژادهای گوسفند روسیه است میزان افت هتروزیگوسیتی در نژاد قره گل روسیه نسبت به کبوده شیراز (قره گل خاکستری) به میزان بیشتری گزارش گردیده است. بیشتر بودن میزان افت هتروزیگوسیتی و همخونی بالاتر نژاد قره گل روسیه نسبت به قره گل خاکستری (کبوده شیراز) احتمالا به علت سیستم پرورش متمرکز در اغلب نژادهای خارجی و همچنین عدم آمیختگی با نژادهای دیگر است. میانگین افت هتروزیگوسیتی در شش نژاد برابر با ۰/۱۶۷ می‌باشد. پاویا (۲۱)، پاری ست (۲۲)، هندلی (۲۰۰۷) در تحقیقات خود به ترتیب در نژادهای مطالعه شده افت هتروزیگوسیتی را به میزان ۱۰ درصد، ۲۰ درصد و۱۰ درصد گزارش کردند، پاری ست (۲۲) و هندلی (۲۰۰۷) علت افت هتروزیگوسیتی را در نژادهای مطالعه شده به دلایل زیر می‌دانند:

۱) وجود زیر گروه[1] در داخل نژادها که استراتژی نمونه گیری می تواند این مسئله را تشدید کند.

۲) آمیزش غیر تصادفی به دلیل پرورش خویشاوندی.

تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) برای یافتن چگونگی توزیع واریانس انجام گردید. با توجه به جدول ۶ مشاهده می‌شود که حدود ۸ درصد از واریانس کل توسط جزء واریانس بین جمعیتی و ۹۲ درصد نیز توسط جزء واریانس درون جمعیتی قابل توجیه است. می‌توان نتیجه گرفت که جمعیت ها با توجه به میزان فاصله جغرافیایی خود توسط نواحی دارای ریز ماهواره قابل تفکیک می‌باشند. اوزرو (۲۰) گزارش کرد که تنوع ژنتیکی بین نژادهای روسی ۵/۳ درصد تنوع ژنتیکی کل را تشکیل می دهد و باقیمانده آن(۹۴/۷ درصد) منجر به تفاوت های بین افراد در داخل نژاد ها می شود. کانتانن (۱۵) و بارکر (۷)، جز واریانس درون نژادی برای گاو و بز را به ترتیب (۸۸/۶ درصد) و (۸۵/۷ درصد) گزارش کردند. این نتایج نشان می‌دهد که در گوسفند تنوع داخل نژادها بالاتر بوده و بایستی از نظر اصلاحی مد نظر قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از گله دارانی که اجازه خونگیری از گوسفندان را دادند، جهاد کشاورزی استان های کرمانشاه، فارس، لرستان و خوزستان به واسطه کمک در نمونه گیری از مناطق پراکنش گله‌ها، پژوهشکده تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی ایران (ABRII) به سبب انجام امور آزمایشگاهی تحقیق و حمایت های مالی دانشگاه زنجان صمیمانه سپاسگزاریم.

1- Sub division

(جدول ۲)- تعداد آلل مشاهده شده در ۱۰ جایگاه میکروساتلایت در شش نژاد مطالعه شده و میانگین تعداد آلل مشاهده شده در شش نژاد

جایگاه	ترکی قشقایی	بختیاری	کبوده شیراز	سنجابی	لری	عربی
BM1824	۶	۹	۶	۹	۶	۶
BM8125	۷	۷	۷	۷	۶	۷
DYMS1	۷	۶	۷	۶	۶	۵
MAF33	۵	۵	۶	۶	۵	۶
MAF70	۵	۶	۶	۶	۷	۶
MAF214	۶	۷	۵	۴	۶	۷
MCM527	۸	۷	۸	۸	۵	۷
OarCP34	۶	۷	۷	۷	۵	۶
OarJMP29	۶	۶	۷	۷	۵	۵
OarJMP58	۴	۶	۶	۶	۸	۸
میانگین	۶/۰	۶/۶	۶/۵	۶/۶	۵/۹	۶/۳

(جدول۳)- هتروزیگوسیتی مشاهده شده در ۱۰ جایگاه میکروساتلایت در شش نژاد مطالعه شده و میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده شش نژاد

جایگاه	ترکی قشقایی	بختیاری	کبوده شیراز	سنجابی	لری	عربی
BM1824	۰/۵۶۸	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۹۴	۰/۴۳۹	۰/۵۷۶
BM8125	۰/۵۴۱	۰/۴۶۳	۰/۷۲۷	۰/۴۶۳	۰/۵۲۶	۰/۴۲۹
DYMS1	۰/۳۶۷	۰/۵۲۵	۰/۳۴۳	۰/۵۱۲	۰/۵۶۸	۰/۵۰۰
MAF33	۰/۳۶۷	۰/۸۲۱	۰/۷۰۳	۰/۷۸۴	۰/۷۶۳	۰/۵۳۸
MAF70	۰/۷۶۹	۰/۷۵۸	۰/۶۸۶	۰/۴۲۹	۰/۵۱۴	۰/۷۵۰
MAF214	۰/۷۸۸	۰/۵۲۴	۰/۸۵۴	۰/۷۸۱	۰/۵۵۳	۰/۶۱۴
MCM527	۰/۶۷۵	۰/۶۳۴	۰/۵۶۴	۰/۷۲۵	۰/۶۲۵	۰/۵۳۸
OarCP34	۰/۹۷۴	۰/۸۱۶	۰/۸۵۷	۰/۹۴۹	۰/۶۸۴	۰/۷۵۰
OarJMP29	۰/۷۰۷	۰/۴۲۹	۰/۷۷۱	۰/۹۷۴	۰/۸۳۸	۰/۵۲۶
OarJMP58	۰/۸۲۴	۰/۶۳۲	۰/۷۹۵	۰/۵۴۸	۰/۵۱۲	۰/۶۴۳
میانگین	۰/۶۵۸	۰/۶۲۷	۰/۶۹۶	۰/۶۸۵	۰/۶۰۲	۰/۵۸۶

(جدول٤)- هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی۱۹۷۸ در جایگاه های میکروساتلایت مطالعه شده در شش نژاد و میانگین هتروزیگوسیتی در نژادهای مطالعه شده

جایگاه	ترکی قشقایی	بختیاری	کبوده شیراز	سنجابی	لری	عربی
BM1824	۰/۷۶۷	۰/۸۷۲	۰/۷۶۱	۰/۸۵۰	۰/۸۰۲	۰/۷۶۵
BM8125	۰/۸۱۸	۰/۸۳۷	۰/۸۰۹	۰/۷۹۶	۰/۸۲۰	۰/۸۲۵
DYMS1	۰/۵۳۴	۰/۷۵۵	۰/۷۹۸	۰/۷۵۲	۰/۷۴۱	۰/۷۳۵
MAF33	۰/۷۱۶	۰/۷۶۹	۰/۸۱۷	۰/۷۹۴	۰/۷۳۶	۰/۷۹۲
MAF70	۰/۷۴۳	۰/۷۵۸	۰/۷۹۴	۰/۷۶۸	۰/۸۲۸	۰/۷۲۴
MAF214	۰/۷۸۲	۰/۷۶۰	۰/۷۴۶	۰/۶۲۶	۰/۷۵۳	۰/۷۸۲
MCM527	۰/۷۹۷	۰/۸۳۰	۰/۷۸۸	۰/۷۸۵	۰/۷۴۳	۰/۷۵۹
OarCP34	۰/۷۹۷	۰/۸۰۱	۰/۷۶۸	۰/۸۱۴	۰/۷۵۱	۰/۷۷۹
OarJMP29	۰/۷۹۹	۰/۷۲۲	۰/۸۲۴	۰/۷۹۴	۰/۷۱۸	۰/۷۰۴
OarJMP58	۰/۷۱۷	۰/۷۹۳	۰/۸۱۹	۰/۷۹۰	۰/۸۱۸	۰/۸۱۶
میانگین	۰/۷۴۷	۰/۷۸۹	۰/۷۹۲	۰/۷۷۶	۰/۷۷۱	۰/۷۶۸

(جدول۵)- افت هتروزیگوسیتی در جایگاههای مطالعه شده در شش نژاد و میانگین افت هتروزیگوسیتی در نژادهای مطالعه شده (اعداد مثبت و منفی به ترتیب نشاندهنده افت و فزونی هتروزیگوسیتی می‌باشد).

جایگاه	ترکی قشقایی	بختیاری	کبوده شیراز	سنجابی	لری	عربی
BM1824	۰/۲۶۰	۰/۲۳۵	۰/۱۲۴	۰/۱۸۳	۰/۴۵۲	۰/۲۴۷
BM8125	۰/۳۳۹	۰/۴۴۷	۰/۱۰۱	۰/۴۱۸	۰/۳۵۸	۰/۴۸۱
DYMS1	۰/۳۱۴	۰/۳۰۴	۰/۵۷۰	۰/۳۱۹	۰/۲۳۴	۰/۳۲۰
MAF33	۰/۴۸۸	-۰/۰۶۷	۰/۱۴۰	۰/۰۱۳	-۰/۰۳۷	۰/۳۲۰
MAF70	-۰/۰۳۵	۰/۰۰۱	۰/۱۳۷	۰/۴۴۲	۰/۳۸۰	-۰/۰۳۶
MAF214	-۰/۰۰۸	۰/۳۱۱	-۰/۱۴۴	-۰/۲۴۷	۰/۲۶۶	۰/۲۱۵
MCM527	۰/۱۵۳	۰/۲۳۶	۰/۲۸۴	۰/۰۷۶	۰/۱۵۹	۰/۲۹۰
OarCP34	-۰/۲۲۲	-۰/۰۱۹	-۰/۱۱۶	-۰/۱۶۵	۰/۰۸۹	۰/۰۳۷
OarJMP29	۰/۱۱۴	۰/۴۰۶	۰/۰۶۳	-۰/۲۲۶	-۰/۱۶۷	۰/۲۵۲
OarJMP58	-۰/۱۴۸	۰/۲۰۳	۰/۰۲۸	۰/۳۰۷	۰/۳۷۵	۰/۲۱۳
میانگین	۰/۱۲۵	۰/۲۰۵	۰/۱۱۸	۰/۱۱۲	۰/۲۱۰	۰/۲۳۳

(جدول ٦)- تجزیه واریانس مولکولی برای مطالعه روابط ژنتیکی

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	واریانس مورد انتظار	درصد
بین نژادها	۵	۲۳۲/۲۳۲	۰/۸۲۵	٪۸
داخل نژادها	۲۶۴	۲۴۵۵/۳۵۴	۹/۳۰۱	٪۹۲
کل	۲۶۹	۲۶۸۷/۵۸۷	۱۰/۱۲۶	

منابع

۱- آزادی، س. ۱۳۷۸. بررسی تنوع ژنتیکی در پنج نژاد گوسفند ایرانی با استفاده از مارکر RAPD. پایان‌نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، ۱۲۵ ص.

۲- بنابازی، م. ۱۳۸۱. بررسی تنوع ژنتیکی درون و بین پنج نژاد گوسفند ایرانی با استفاده از ۶ نشانگر میکرو ساتلایت. پایان نامه کارشناسی ارشد اصلاح دام. دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، ۱۲۴ص.

۳- توکلیان، ج. ۱۳۷۸. نگرشی بر ذخایر ژنتیکی دام و طیور ایران. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور. تهران. ایران. ص ۴۵۱

۴- عصفوری، ر. ۱۳۷۶. مارکرهای ژنتیکی در ده نژاد از گوسفندان بومی ایران. پژوهش و سازندگی. ۳۴: ۱۶۲-۱۵۶.

5- Arranz, J., Y. Bayon, and F. San Primitivo. 1998. Genetic relationships among spanish sheep using microsatellites. Animal Genetics. 29: 435-440.

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

7- Barker J. S. F., Tan S. G., Moore S. S., Mukherjee T. K., Matheson J.-L. & Selvaraj. 2001. Genetic variation within and relationships among populations of asian goates (Capra bircus). Journal of Animal Breeding and Genetics 118: 213-233.

8- Buchanan, F.C., L. J. Adams, R. P. Littlejohn, J. F. Maddox and A. M. Crawford. 1994. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. Genomics, 22: 397-403.

9- Butkauskas, D., R. Juodka, A. Sruoga1, E. Mozalien and A. Paulauskas. 2005. Genetics study of variablity and similarity in three different poultry species. 15: 24-30.

10- FAO. 1998. Food and Agriculture Organisation of the United Nations Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD). Recommended Microsatellite Markers.

11- Farid A., E. O`Reilly, C. Dollard and Jr. Kelsey. 2000. Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. Canadian Journal of Animal Science 80: 9-16

12- Grigalinait, M. T., H. Viinalass, and Z. Grislis. 2003. Microsatelitte variation in the Baltic sheep breeds 22: 69-73.

13- Gustavo A., T. Steven., M. Walter. and W. Philip. 2000. Genetic variation and population structure in desert bighorn sheep. Conservation Genetics 1: 3–15

14- http://www.wikipedia.gene flow.com

15- Kantanen, J. 1999. Genetic diversity of domestic cattle (B. Taurus) in North Europe. Joensuu. 100p

16- Lawson Handley, L. J., K. Byrne, F. Santucci, S. Townsend, M. Taylor, and G. M. Hewitt, 2007. Genetic structure of European sheep breeds. Heredity. pp. 1-12.
17- Miller, S. A., D. D. Dykes, H. F. and Polesky, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research. 16: 1215-1220.
18- Moazami-goudarzi K., Laloe D., Furet J.P. & Grosclaude F. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. Animal Genetics 28: 338-345.
19- Nei. M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89:583-590.
20- Ozerov, M., N. Marzanov1, M. Tapio., T. Kiselyova and J. Kantanen. 2005. Microsatellie analysis of genetic diversity in Russian and Ukranian sheep breeds.15:459-568.
21- Paiva S., R. Faria, and V. C. Silverio J. A. 2005. Genetic variability among brazilian sheep using microsatellites. Villa Gualino, Turin, Italy.73:136-142. Pariset, L. M., Savarese, C., Cappuccio, I., Valentini, A., 2003. Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. J. Anim. Breed. Genet. 120: 425–432.
22- Pariset, L. M., C. Savarese, I. Cappuccio, and A. Valentini, 2003. Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. J. Anim. Breed. Genet. 120: 425–432.
23- Peaka, R. and P. Smouse. 2006. GenAlEx 6.Genetic Analysis in Excel. Population genetic and software for Teaching and research.
24- Peter, C. M., T. Bruford, S. Perez, G. Dalamitra, G. Hewitt Erhardt and the Encogene. 2007. Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. Animal Genetics. 38: 37–44 .
25- Russell N. D., J. Rios, G. Erosa, M. D. Remmenga & D. E. Hawkins. 2000. Genetic differentiation among geographically isolated populations of Criollo cattle and their divergence from other Bos taurus breeds. Journal of Animal Science 78: 2314-2322.
26- SAS Institute Inc. 1996 Statistical Analysis System (SAS). SAS User`s Guide. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
27- Schmid M., Saitbekova N., Gaillard C. & Dolf G. 1999. Genetic diversity in swiss cattle breeds. Journal of Animal Breeding and Genetics. 116, 1-8.
28- 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.
29- Wafula P. O., H. Jianlin., N. Sangare., J.M. Sowe., and O. Hanotte. 2005. Genetic characterization of west African Djalong sheep using microsatellite markers. Villa Gualino.16:458-470.
30- Yeh, F.C., R. Yang, and T. Boyle. 1999. POPGENE. Version 1.31. Microsoft Window–based Freeware for Population Genetic Analysis. University of Alberta, Edmonton, AB, Canada.
31- Zajc, I., C. S. Mellersh, J. Sampson. 1997. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. Mamm. Genome. 8: 182-185.