مجله علوم دامی ایران
دوره ۴۲، شماره ۲، ۱۳۹۰ (۱۳۱-۱۲۵)

مطالعه تنوع ژنتیکی بز سرخ جبالبارز با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

محمدرضا محمدآبادی[۱]*، امین شهابی[۲]، علیرضا نوشری[۳]، ناهید عسکری[۴]، امید دیانی[۵]، امین خضری[۶]، مرتضی ستایی مختاری[۷]، محمد سفلایی[۸] و احمد آیت اللهی[۹]
۱، ۵، ۶، ۹، اعضای هیأت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان، ۲، ۳، دانشجوی کارشناسی ارشد و عضو هیأت علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، ۴، دانشجوی دکتری ژنتیک، ۷، عضو هیأت علمی بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، ۸، عضو هیأت علمی مرکز آموزش عالی، جهاد کشاورزی کرمان
(تاریخ دریافت: ۸۹/۱/۲۸ - تاریخ تصویب: ۹۰/۳/۲۵)

چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت بز سرخ جبالبارز با استفاده از ۸ نشانگر ریزماهواره، شامل BM1312، MAF64، ILSTS034، ILSTS059، OraFCB20، IL2RA، LSCV24 و LSCV11 مطالعه شد. نمونه خون از ۱۰۰ راس بز سرخ جبالبارز از ده گله به صورت تصادفی گرفته شد و تخلیص DNA با استفاده از کیت DIATOM DNA PREP انجام گرفت. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای این جایگاه‌ها انجام گرفت و تمامی هشت جایگاه مورد مطالعه از چند شکلی مناسبی برخوردار بوده و میانگین تعداد آلل مشاهده شده برای آن ها ۷/۶۲ به دست آمد. در پنج جایگاه ILSTS034، ILSTS059، OraFCB20، IL2RA و LSCV11 انحراف معنی‌داری را از تعادل هاردی- واینبرگ مشاهده شد (P<۰/۰۵). دامنه هتروزایگوتی در این جمعیت از ۰/۷۶۱۶ برای جایگاه IL2RA تا ۰/۸۷۴۳ برای جایگاه OraFCB20 متفاوت بود. شاخص شانون و محتوی چند شکلی (PIC) نیز نشان داد که جایگاه IL2RA دارای کمترین تنوع و جایگاه ORAFCB20 دارای بیشترین تنوع می‌باشند. همچنین تعداد آلل‌های مشاهده شده، تعداد آلل مؤثر و هتروزایگوتی مورد انتظار برای هر جایگاه محاسبه گردید. میانگین هتروزایگوتی برای این جمعیت ۰/۸۱۱۶ برآورد گردید. در مجموع می‌توان نتیجه گرفت که جمعیت بز سرخ جبالبارز از تنوع ژنتیکی نسبتاً بالایی برخوردار است، بنابراین، می‌توان در برنامه‌های حفاظت و اصلاح نژادی در این جمعیت از این پتانسیل به خوبی بهره‌برداری نمود.

واژه‌های کلیدی: بز سرخ جبالبارز، چند شکلی، ریزماهواره، هتروزایگوسیتی.

مقدمه

جمعیت بز سرخ جبالبارز در شهرستانهای جیرفت و کهنوج قریب ۱۵۰ هزار رأس تخمین زده شده که زیستگاه اصلی آن در ارتفاعات جبالبارز بوده و در یک طیف رنگی قرمز تا قهوه‌ای دیده می شوند و رنگ غالب قرمز است. از لحاظ ظاهری، بز سرخ جبالبارز از بز کرکی رائینی جثه کوچک‌تری دارد و سطح بدن از کرک و مو پوشیده شده است. این جمعیت اهلی است و از نظر کاریوتیپ و تعداد کروموزوم مورد مطالعه قرار نگرفته است، ولی همه بر این باورند که این نژاد احتمالاً اکوتیپی از بز کرکی راینی است. این حیوان در برابر شرایط بد آب و هوایی و تغذیه نامناسب مقاوم است و به سبب ماهیت سیستم پرورش، که عمدتاً سیستم باز می‌باشد این دام از قدرت راهپیمایی خوبی برخوردار

* نویسنده مسئول: محمدرضا محمدآبادی تلفن: ۰۹۱۳-۳۹۸۷۵۳۴ E-mail: mmohammadabadi@yahoo.ca

است (Dastafkan, 2009). نسل‌های مختلفی از نقشه‌های ژنومی برای دام‌های اهلی انتشار یافته‌اند که به تدریج بر تعداد نشانگرها، به ویژه نشانگرهای ریزماهواره افزوده شده است (Andersson, 2001; Bishop et al., 1994; Crawford et al., 1995; Kemp et al., 1995; Mirhoseinie et al.,2005;Naderi et al., 2007) و بررسی دقیق‌تر تنوع ژنتیکی را ممکن ساخته‌اند (Goldestin & Schlotterer, 1999). کاهش تنوع ژنتیکی باعث افزایش هم‌خونی شده و بسیاری از صفات حیوان بخصوص صفات تولیدمثلی را تحت تأثیر قرار داده و باعث کاهش عملکرد آنها می‌شود (Cassinello, 2005; Rabon & Waddell, 2010). این مسائل در نهایت به‌علت کاهش مخزن ژنی موجب تهدید امنیت غذایی و تأمین نیازهای جامعه می‌گردند. بنابراین، ضرورت نگهداری منابع ژنتیکی حیوانی به خصوص در کشورهای در حال توسعه روشن است (Javanrouh Aliabad et al., 2004; Ma et al., 1996; Nejadgashti, 2004). امروزه از نشانگرهای ریزماهواره‌ای در سطح وسیعی جهت تعیین تنوع و فاصله ژنتیکی نژادهای بز در دنیا استفاده شده است (Askari et al., 2008; Iamartino et al., 2005; Kemp et al., 1995; Li et al., 2008; Naderi et al., 2007; Nejadgashti, 2004). کارآیی ریزماهواره‌ها برای تخمین تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌هایی که رابطهٔ خویشاوندی نزدیکی دارند در مطالعات زیادی به اثبات رسیده است، اخیراً تعداد زیادی از نشانگرهای ریزماهواره ای گاوی درگوسفند و بز مورد استفاده قرار گرفته است به طوری که با مطالعهٔ تنوع ژنتیکی در هشت نژاد بز سوئیسی با استفاده از ۲۰ ریزماهواره گاوی مشخص شد که میانگین هتروزایگوسیتی در جمعیت بزهای اهلی (۰/۵۸-۰/۵۱) بالاتر از بزهای نژاد ایبکس[1] (۰/۱۷) و بزوار[2] (۰/۱۹) می‌باشد و ۲۷٪ از تنوع ژنتیکی در کل جمعیت مربوط به تفاوت بین جمعیت‌ها است (Visser et al., 2004). با استفاده از ۱۸ نشانگر ریزماهواره ای تنوع ژنتیکی در بزهای کالاهاری بررسی شده و میانگین تعداد آلل‌ها و هتروزایگوسیتی به ترتیب ۷/۷۷ و ۰/۶۳به دست آمد که حاکی از چند شکلی مناسب می‌باشد (Kotze et al., 2004). با استفاده از ریزماهواره‌ها تنوع ژنتیکی در شش نژاد بز ایتالیایی بررسی شده و میانگین تعداد آلل‌ها و هتروزایگوسیتی به ترتیب ۷/۳ و ۰/۷۱به دست آمده است (Iamartino et al., 2005). بز کرکی راینی نیز با این نشانگرها و نشانگرهای RAPD مورد بررسی قرار گرفته و میانگین هتروزایگوسیتی بر اساس نشانگرهای ریزماهواره ۰/۸۰ و RAPD برابر ۰/۳۳۵ برآورد گردید (Askari et al., 2008; Javanrouh Aliabad et al., 2004; Nejadgashti, 2004). از نشانگرهای ریزماهواره، از جمله MAF64 برای بررسی پنج نژاد گوسفند ایرانی استفاده شده و تنوع درون جمعیتی از ۰/۷۴۴ تا ۰/۸۴۷ متغیر بود (Banabazi et al., 2006). به همین منظور در این پژوهش تنوع ژنتیکی بز سرخ جبالبارز مورد بررسی قرار گرفت. هدف این مطالعه بررسی چندشکلی در جمعیت بز سرخ جبالبارز با استفاده از آنالیز ریزماهواره‌ای، با استفاده از ۸ نشانگر ریزماهواره (جدول۱) بود. علاوه بر این نتایج حاصل از این تحقیق می‌تواند ساختار گله بز سرخ جبالبارز جهت تصمیم‌گیری‌های بعدی و همچنین مقایسه با دیگر جمعیت‌ها، به ویژه مقایسه با بز کرکی راینی که جمعیتی بسیار نزدیک به لحاظ جغرافیایی به جمعیت مورد مطالعه است ارائه دهد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۱۰۰ رأس بز سرخ جبالبارز موجود در ۱۰ گله (از هر گله ۱۰ حیوان) از شهرستان جیرفت نمونه برداری شد. نمونه‌های خون کامل از سیاهرگ وداج گردن و با استفاده از لوله خلأدار ۵ میلی‌لیتری حاوی ماده ضدانعقاد EDTA تهیه گردید، سپس این نمونه‌ها بر روی یخ به آزمایشگاه منتقل شده و تا زمان استخراج DNA در ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شدند. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل با استفاده از کیت DIATOM DNA PREP انجام گرفت و تعیین کیفیت و کمیت DNA به روش اسپکتروفتومتری انجام شد. هشت جایگاه ریزماهواره‌ای در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند که مشخصات آنها در جدول ۱ آمده است. واکنش PCR با استفاده از CinnaGen PCR

1. Ibex
2. Bezoar

جدول ۱- مشخصات جایگاههای مورد مطالعه

جایگاه	توالی آغازگر (۵' → ۳')	موقعیت کروموزومی	اندازه آللی مشاهده شده (جفت باز) در این مطالعه	اندازه آللی مشاهده شده (جفت باز) در مطالعات قبلی	منبع
(MAF64)	AAATACCCTATAAGGCACAGTACCAC	۱	۱۱۴-۱۴۷	۱۱۵-۱۴۱	۵
(MAF64)	CACCATGGCCACCTGGAATCAGG				
(ILSTS034)	AAGGGTCTAAGTCCACTGGC	۵	۱۴۸-۲۰۰	۱۵۲-۲۰۶	۱۲
(ILSTS034)	GACCTGGTTTAGCAGAGAGC				
(ILSTS059)	AGTATGGTAAGGCCAAAGGG	۱۳	۱۵۴-۱۹۷	۱۶۰-۱۹۷	۱۵
(ILSTS059)	CGACTTGTGTTGTTCAAAGC				
(BM1312)	AAATACCCTATAAGGCACAGTACCAC	۱	۱۲۰-۱۴۸	۱۲۳-۱۴۴	۷
(BM1312)	CACCATGGCCACCTGGAATCAGG				
(oraFCB20)	AAATGTGTTTAAGATTCCATACAGTG	۲	۹۰-۱۳۵	۹۰-۱۳۵	۵
(oraFCB20)	GGAAAACCCCCATATATACCTATAC				
(IL2RA)	AGCAGAGGTACAGGTGGTAAGCA	۱۳	۱۳۲-۱۴۶	۱۳۲-۱۴۶	۷
(IL2RA)	GATATGCCTTGGAGAAGGTAGCGTAT				
(LSCV11)	CCTTCTGCTGAATATGCCAC	۵	۴۸۸-۵۱۵	۴۸۵-۵۱۶	۲۲
(LSCV11)	CACTATTTCATGCCCAAAATC				
(LSCV24)	CACAGAGAGGCAAACCCCTC	۲	۱۷۶-۱۹۶	۱۷۶-۱۹۶	۲۲
(LSCV24)	CTCAAGATAGTCCAGCCCAC				

Master Kit انجام گرفت. سپس الکتروفورز محصولات PCR با ژل ۸٪ واسرشته‌ساز اکریل‌آمید انجام گرفته و بعد از رنگ‌آمیزی با نیترات‌نقره (Bassam et al., 1991)، آلل خوانی با استفاده از نرم‌افزار Uvidoc صورت گرفت و فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی با شمارش مستقیم به دست آمد. تعادل هاردی- واینبرگ با استفاده از دو آزمون جی‌اسکور (G^2) و کای‌اسکور (X^2) و معیارهای مختلف تنوع درون جمعیتی شامل هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_O)، مورد انتظار (H_E)، مورد انتظار نااریب (H_{Nei}) و شاخص شانون (I) و نیز معیارهای مختلف چندشکلی جایگاه‌های مورد مطالعه شامل تعداد آلل واقعی (n)، تعداد آلل مؤثر (ne) با استفاده از نرم‌افزار POP-Gene3.2 مورد بررسی قرار گرفت. محتوای چند شکلی (PIC) نیز با استفاده از نرم افزار Het (Ott, 2001) محاسبه گردید. برای تعیین این که آیا جمعیت تعداد جایگاه‌های معنی‌داری با هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار[1] را نشان می‌دهد یا خیر، سه آزمون تست معنی‌داری[2]، تست تفاوت استاندارد شده[3] و تست خط معنی‌داری Wilcoxon[4] با نرم‌افزار BOTTLENECK انجام شد (Piry et al., 1999). فرمول شاخص های مهم، از قبیل هتروزایگوسیتی، PIC و تعداد آلل مؤثر (ne) به صورت زیر است:

1. Heterozygosity excess
2. Sign test
3. Standardized differences test
4. Wilcoxon sign-rank test

هتروزایگوسیتی در یک جمعیت به دو شکل هتروزایگوسیتی مورد انتظار و هتروزایگوسیتی مشاهده شده گزارش می‌شود. مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده برای یک جایگاه با فرمول زیر محاسبه می‌شود:

$$H_o = \sum N_{ij}/N$$

در این رابطه N_{ij} تعداد افراد هتروزایگوت، i و j نوع آلل‌ها در جایگاه ژنی مورد مطالعه و N تعداد کل افراد در جمعیت مورد مطالعه می‌باشد. مقدار هتروزایگوسیتی مورد انتظار که میزان هتروزایگوسیتی برای یک جمعیت خاص در تعادل هاردی - وینبرگ است با فرمول زیر محاسبه می‌گردد:

$$h_i = 1 - H_i = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2$$

در این رابطه H_i، P_i و h_i به ترتیب نشان‌دهنده هموزیگوسیتی، فراوانی آللی و هتروزایگوسیتی به ازای هر لوکوس می‌باشند. عدد ۱ نشان‌دهنده کل ژنوتیپ در یک جایگاه معین است. PIC را از طریق فرمول زیر محاسبه می‌نمایند:

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^{k} P_i^2\right) - \sum_{i=1}^{k-1}\sum_{j=i=1}^{k} 2P_i^2 P_j^2$$

در این رابطه P_i و P_j فراوانی آلل‌های i و j و n تعداد آلل‌ها می‌باشد. تعداد آلل مؤثر با استفاده از فرمول زیر محاسبه می گردد:

$$n_e = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n} P_i^2}$$

نتایج و بحث

فراوانی آللی جایگاههای مورد مطالعه در جدول ۲ نشان داده شده است. بیشترین فراوانی آللی مربوط به آلل F جایگاه IL2RA و کمترین فراوانی مربوط به آلل J جایگاه OraFCB20 بود. در نتیجه بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در جایگاههای مورد مطالعه در این جمعیت با استفاده از دو آزمون جی اسکور (G^2) و کای اسکور (X^2) مشخص شد که پنج جایگاهLSCV11، OraFCB20، ILSTS059، IL2RA و ILSTS034 از تعادل هاردی-واینبرگ انحراف معنی‌داری دارند (P<۰/۰۵). علت عدم تعادل در این جایگاه‌ها احتمالاً به واسطه عامل انتخاب (نمونه‌گیری) می‌باشد. مقادیر هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_o)، مورد انتظار (H_e)، مورد انتظار نا اریب (H_{Nei}) و میانگین هتروزایگوسیتی (H_{ave}) بازای هر جایگاه در این جمعیت با استفاده از نرم‌افزار POP-Gen32 (Yeh et al., 1999) به دست آمد و در جدول ۳ نشان داده شده است. دامنه هتروزایگوسیتی برای جایگاه‌های مورد بررسی در این جمعیت بین ۰/۷۶۱۶ برای جایگاه IL2RA با کمترین تعداد آلل و ۰/۸۷۴۳ برای جایگاه OraFCB20 با بیشترین تعداد آلل متغیر بود. Askari et al. (2008) نتایج مشابهی را برای بز کرکی رائینی به دست آوردند. بیشترین مقدار شاخص شانون (I) مربوط به جایگاه OraFCB20 (۲/۴۵۰۱) بود که با توجه به تعداد آلل نسبتاً زیاد در مورد این جایگاه (۱۲ آلل)، منطقی به‌نظر می‌رسد و کمترین مقدار نیز مربوط به جایگاهIL2RA (۱/۶۰۸۷) بود (جدول ۴). تعداد آلل مشاهده شده (na) و تعداد آلل مؤثر (ne) و نیز محتوای چندشکلی (PIC) که از جمله معیارهای چند شکلی به‌شمار می‌رود نیز محاسبه گردید (جدول۴). نتایج به دست آمده از برآورد معیارهای تنوع درون جمعیتی مانند هتروزایگوسیتی و شاخص اطلاعات شانون نشان‌دهنده تنوع بالا در جایگاههای مورد بررسی است به طوری که میانگین هتروزایگوسیتی به دست آمده برای کل جایگاه‌های مطالعه شده ۰/۸۱ محاسبه شد. در بزهای ایبکس، بزوار، کالاهاری، ایتالیایی و کرکی راینی این شاخص به ترتیب ۰/۱۷، ۰/۱۹، ۰/۶۳، ۰/۷۱ و ۰/۸۰ بود (Askari et al., 2008; Iamartino et al., 2010; Kotze et al., 2004; Visser et al., 2004). مقایسه نتایج مطالعه این جمعیت با نژادهای دیگر نشان می‌دهد که تنوع در بز سرخ جبالبارز همانند بز کرکی راینی بیشتر از نژادهای خارجی است. جمعیت‌هایی که اندازه مؤثر جمعیت‌شان[1] کاهش یافته است، تعداد آلل و هتروزایگوسیتی آنها در جایگاه‌های چند شکل نیز به طور همبسته کاهش می‌یابد. اما، تنوع آللی سریع‌تر از هتروزایگوسیتی کاهش می‌یابد، برای نمونه در جایگاهی که تحت تعادل موتاسیون-رانش[2] است هتروزایگوسیتی مشاهده شده از هتروزایگوسیتی مورد انتظار بیشتر است و این نیز بزرگتر از تعداد آلل مشاهده شده است. این امر برای جایگاههایی که تحت مدل آللی نامحدود[3] قرار دارند ثابت شده است. اگر جایگاه تحت مدل موتاسیون ناپیوسته[4] قرار گیرد، حالت‌هایی می‌تواند به وجود آید که این هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار مشاهده نشود و برابر شوند. اما، تعداد کمی جایگاه که تحت مدل موتاسیون ناپیوسته[5] هستند و به آرامی از این مدل فاصله گرفته و به سمت مدل آللی نامحدود[6] می‌روند، یک هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار را نشان می‌دهند که نتیجه bottleneck ژنتیکی است. در یک جمعیت تحت تعادل موتاسیون-رانش (برای نمونه، اندازه مؤثر جمعیت در گذشته ثابت مانده است) احتمال یکسانی وجود دارد که یک جایگاه هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار یا هتروزایگوسیتی برآورد شده کمتر از حد انتظار[7] را نشان دهد. برای این که تعیین کنیم که آیا جمعیت تعداد جایگاه‌های معنی‌داری با هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار را نشان می‌دهد یا خیر، سه تست وجود دارد: تست معنی‌داری، تست تفاوت استاندارد شده و تست خط معنی‌داری Wilcoxon. نتایج حاصل از آنالیز فراوانی‌های آللی با نرم‌افزار Bottleneck، (Piry et al., 1999) در جدول ۵ داده شده است. این نتایج نشان

1. Effective population size
2. Mutation-drift equilibrium
3. Infinite Allele Model (IAM)
4. Stepwise Mutation Model (SMM)
5. Stepwise Mutation Model (SMM)
6. Infinite Allele Model (IAM)
7. Heterozygosity deficit

جدول ۲- مقدار فراوانی آللی جایگاههای مورد مطالعه

آلل	جایگاه ژنی							
	MAF64	BM1312	LSCV24	LSCV11	OraFCB20	ILSTS059	IL2RA	ILSTS034
A	۰/۳۰۱۰	۰/۱۸۰۱	۰/۰۳۰۵	۰/۲۴۱۸	۰/۰۷۰۱	۰/۲۱۶۲	۰/۱۳۱۲	۰/۰۵۲۸
B	۰/۱۸۴۱	۰/۰۵۰۰	۰/۱۰۸۹	۰/۲۰۱۹	۰/۰۴۹۹	۰/۱۷۹۲	۰/۰۸۰۱	۰/۱۰۱۰
C	۰/۱۲۸۹	۰/۱۵۰۸	۰/۱۸۷۷	۰/۱۸۴۱	۰/۰۹۸۰	۰/۱۹۱۱	۰/۰۹۱۲	۰/۱۱۴۵
D	۰/۱۳۰۱	۰/۲۶۱۷	۰/۲۵۰۱	۰/۲۲۱۱	۰/۲۲۰۱	۰/۱۱۸۱	۰/۲۴۶۲	۰/۰۳۸۹
E	۰/۱۸۹۹	۰/۰۴۱۲	۰/۳۳۱۱	۰/۱۲۸۱	۰/۰۴۵۸	۰/۰۷۷۱	۰/۰۶۹۵	۰/۲۱۹۵
F	۰/۰۷۳۱	۰/۱۷۹۹	۰/۱۱۰۸	۰/۰۳۰۱	۰/۰۶۸۸	۰/۱۵۱۰	۰/۳۸۵۲	۰/۰۷۶۲
G	-	۰/۱۵۱۶	-	-	۰/۰۶۰۱	۰/۰۳۰۲	-	۰/۱۰۱۱
H	-	-	-	-	۰/۰۵۰۱	۰/۰۴۱۱	-	۰/۰۹۵۳
I	-	-	-	-	۰/۰۹۰۱	-	-	۰/۲۱۱۲
J	-	-	-	-	۰/۰۱۰۲	-	-	-
K	-	-	-	-	۰/۱۲۸۵	-	-	-
L	-	-	-	-	۰/۱۲۰۷	-	-	-

جدول ۳- هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_o)، هتروزایگوسیتی مورد انتظار (H_e)، هتروزایگوسیتی مورد انتظار نا اریب (H_{Nei}) و میانگین هتروزایگوسیتی (H_{ave})

جایگاه	H_o	H_e	H_{Nei}	H_{ave}
MAF64	۰/۸۱۶۵	۰/۸۰۹۹	۰/۷۸۴۵	۰/۷۸۴۵
BM1312	۰/۸۲۹۸	۰/۸۲۷۵	۰/۸۱۹۴	۰/۸۱۹۴
LSCV24	۰/۷۷۹۱	۰/۷۷۸۸	۰/۷۷۶۵	۰/۷۷۶۵
LSCV11	۰/۸۱۰۱	۰/۸۰۸۵	۰/۸۰۱۰	۰/۸۰۱۰
OraFCB20	۰/۸۷۹۵	۰/۸۷۳۷	۰/۸۷۴۳	۰/۸۷۴۳
ILSTS059	۰/۸۵۰۱	۰/۸۴۷۳	۰/۸۲۶۴	۰/۸۲۶۴
IL2RA	۰/۷۶۱۲	۰/۷۵۸۱	۰/۷۶۱۶	۰/۷۶۱۶
ILSTS034	۰/۸۵۹۳	۰/۸۵۳۴	۰/۸۴۹۸	۰/۸۴۹۸
میانگین	۰/۸۲۳۲	۰/۸۱۹۶	۰/۸۱۱۶	۰/۸۱۱۶

جدول ۴- مقادیر آلل مشاهده شده (n)، آلل مؤثر (ne)، محتوی اطلاعات چندشکلی (PIC-value)، شاخص اطلاعات شانون (I) برای جایگاه‌های مورد مطالعه

نام جایگاه	آلل مشاهده شده (n)	آلل مؤثر (ne)	PIC-value	شاخص اطلاعات شانون (I)
MAF64	۶	۴/۹۹۹۹	۰/۷۸۲۱	۱/۶۹۲۵
BM1312	۸	۵/۶۰۰۱	۰/۸۰۰۱	۱/۸۱۲۵
LSCV24	۶	۴/۵۲۱۶	۰/۷۵۰۱	۱/۶۳۷۵
LSCV11	۵	۵/۱۲۲۱	۰/۷۷۱۲	۱/۶۶۷۲
OraFCB20	۱۲	۸/۷۳۲۵	۰/۸۸۱۴	۲/۴۵۰۱
ILSTS059	۷	۶/۲۵۴۱	۰/۸۲۵۲	۲/۰۰۱
IL2RA	۶	۴/۰۹۸۷	۰/۷۱۰۷	۱/۶۰۸۷
ILSTS034	۱۰	۶/۰۰۰۱	۰/۸۱۹۹	۲/۰۹۵۲
میانگین	۷/۶۲	۵/۶۶۶۱	۰/۷۹۲۵	۱/۸۷۰۵

جدول ۵- نتایج آنالیزهای انجام شده با نرم افزار Bottleneck

		جمعیت تحت تعادل موتاسیون-رانش (mutation-drift equilibrium)	
		تحت مدل آللی نامحدود (Infinite Allele Model (IAM))	تحت مدل موتاسیون ناپیوسته (Stepwise Mutation Model (SMM))
تست معنی‌داری یا sign test	تعداد جایگاه‌های مورد انتظار با هتروزایگوسیتی برآورد شده بیش از حد انتظار (Heterozygosity Excess)	۴/۷۵	۴/۷۵
	تعداد جایگاه‌های مورد انتظار با هتروزایگوسیتی برآورد شده کمتر از حد انتظار (Heterozygosity Deficit)	۰	۰
	احتمال	۰/۰۱۵۴۴ (معنی‌دار در سطح ۵٪)	۰/۰۱۵۳۶ (معنی‌دار در سطح ۵٪)
تست تفاوت استاندارد شده یا standardized differences test	تعداد جایگاه‌های فیت شده	۸	۸
	مقدار T_2	۴/۳۳۲	۲/۴۷۶
	احتمال	۰/۰۰۰۰۱ (معنی‌دار در سطح ۱٪)	۰/۰۰۶۶۴ (معنی‌دار در سطح ۱٪)
تست خط معنی‌داری یا Wilcoxon Wilcoxon sign-rank test	تعداد جایگاه‌های فیت شده	۸	۸
	احتمال در توزیع یک طرفه برای Heterozygosity Excess	۰/۰۰۱۹۵	۰/۰۰۱۹۵
	احتمال در توزیع یک طرفه برای Heterozygosity Deficit	۱	۱
	احتمال در توزیع دو طرفه برای Heterozygosity Excess و Heterozygosity Deficit	۰/۰۰۳۹۱	۰/۰۰۳۹۱

می‌دهد که تحت هر دو مدل موتاسیون ناپیوسته[1] و مدل آللی نامحدود[2] تعداد ۴/۷۵ از ۸ جایگاه هتروزایگوسیتی برآورد شده‌شان بیش از حد انتظار می‌باشد و هیچ جایگاهی تحت هر دو مدل هتروزایگوسیتی برآورد شده‌شان کمتر از حد انتظار نبود. البته این نتایج احتمالاً ناشی از کوچک بودن اندازه مؤثر جمعیت نمی‌باشد، بلکه ناشی از اثر نمونه‌گیری است، چون از تمام افراد جمعیت نمونه‌گیری به عمل نیامده است و به طور تصادفی از تعدادی از آنها نمونه‌گیری شده است. نتایج این بررسی همچنین حاکی از این است که علی‌رغم سیستم جفت‌گیری بسته گله، هنوز سطح بالایی از هتروزایگوسیتی در گله مورد نظر وجود دارد. تنوع بالای مشاهده شده در این جمعیت، آینده‌ای امیدوارکننده را در زمینه حفظ این جمعیت و نیز برای کارهای اصلاح نژادی بعدی بر روی این جمعیت یا استفاده از آن به منظور اصلاح نژاد پیش روی قرار می‌دهد.

1. Stepwise Mutation Model (SMM)
2. Infinite Allele Model (IAM)

REFERENCES

1. Andersson, L. (2001). Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Nature Revolution Genetics*, 2, 130–138.
2. Askari, N., Mohammad Abadi, M. R., Baigi Nassiri, M. T., Baghizadeh, A. & Fayazi, J. (2008). Study of Genetic Diversity of Raeini Cashmere Goat Based on Microsatellite Markers. *Tabriz Journal of Agricultural Knowledge*, 18(4), 155-161. (In Farsi).
3. Banabazi, M. H., Mirai Ashtiani, S. R., Moradi Shahrbabak, M. & Esmailkhanian, S. (2006). Study of genetic diversity within and between five Iranian sheep populations using microsatellite markers. *Journal of Science and Technology Agriculture and Natural Resources*, 10(4), 481-488. (In Farsi).
4. Bassam, B. J., Anolles, G. C. & Gresshoff, P. A. (1991). Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical Biochemistry*, 196, 80-830.
5. Bishop, M. D., Kappes, S. M., Keele, J. W., Stone, R. T. & Sunden, S. L. F. (1994). A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, 136, 619-639.
6. Cassinello, J. (2005). Inbreeding depression on reproductive performance and survival in captive gazelles of great conservation value. *Biological Conservation*, 122, 453–464.
7. Crawford, A. M., Dodds, K. G., Pierson, C. A., Ede, A. J. & Montgomery, G. W. (1995). An autosomal genetic linkage map of the ship genome. *Genetics*, 140, 703-724.
8. Dastafkan, K. (2009). *GoLA-DRB3 gene polymorphism of Jabalbarez Red Goat using PCRRFLP*. M.Sc. Thesis. Faculty of Agriculture. Shahid Bahonar University of Kerman. (In Farsi).
9. Goldestin, D. B. & Schlotterer, C. (1999). Microsatellites: Evolution and Application. Oxford university press. UK.
10. Iamartino, D., Bruzzone, A., Lanza, A, Blasi, M. & Pilla, F. (2005). Genetic diversity of southern Italian

goat population assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 57(12), 249-255.
11. Javanrouh Aliabad, A., Esmaeelkhanian, S., Dinparast, N. & Vaez Torshizi, R. (2004).Genetic variation among six Iranian goat breeds using RAPD markers. *Pajouhesh & Sazandegi*, 64, 12-17. (In Farsi).
12. Kemp, S. J., Hishida, O. J., Wambugu, A. & Longeri, M. L. (1995). A panel of polymorphic bovine, ovine and caprine microosatellite markers. *Animal Genetics*, 26, 299-306.
13. Kotze, A., Swart, H., Grobler, J. P. & Nemaangani, A. (2004). A genetic profile of the Kalahari Red goat breed, from Southern Africa. *South African. Journal of Animal Science*, 34(suppl.1), 120-124.
14. Li, J. Y., Chen, H., Lan, X. Y., Kong, X. J. & Min, L. J. (2008). Genetic diversity of five Chinese goat breeds assessed by microsatellite markers. *Czech Journal of Animal Science*, 53(8), 315–319.
15. Ma, R. Z., Beever J. E., Da, Y., Green, C. A. & Russ, I. (1996). A male linkage map of the cattle (*Bos Taurus*) genome. Journal of Heredity (In press).
16. Mirhoseinie, S. Z., Vahidie, S. M. F. & Gharehyazie, B. (2005). Survey of efficiency of six microsatellite loci in Iranian indigenous cattle and buffalo populations. *Iranian Journal of Biotechnology*, 3(1), 41-47.
17. Naderi, S., Razaei, H. R., Taberlet, P., Zundei, S., Rafat, S. A. & Naghash, H. R. (2007). Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. PLoS ONE (www.plosone.org). (10), 1-12.
18. Nejadgashti, M. (2004). *Molecular study of some microsatellite markers in six Iranian native goat populations (Markhaz, Lori, Najdi, Tali, Raeini and Kordi)*. M.Sc. Thesis. Faculty of Agriculture. Islamic Azad University-Karaj Branch. (In Farsi).
19. Ott, J. (1988–2001). Program Het version 1.8. Utility programs for analysis of genetic linkage. Rockefeller University. New York, NY, USA. ftp://linkage.rockefeller.edu/software/utilities/
20. Piry, S., Luikart, G. & Cornuet, J. M. (1999). BOTTLENECK: A program for detecting recent effective population size reductions from allele data frequencies. http://www.fileguru.com/downloads/slow_bottleneck
21. Rabon, D. R. & Waddell, W. (2010). Effects of Inbreeding on Reproductive Success, Performance, Litter Size, and Survival in Captive Red Wolves (*Canis rufus*). *Zoo Biology*, 29, 36–49.
22. Vaiman, D., Schibler, L., Bourgeois, F., Oustry, A., Amigues, Y. & Cribiu, E. P. (1996). A Genetic Linkage Map of the Male Goat Genome. *Genetics*, 144, 279-305.
23. Visser, C., Hefer, C. A., Van Marle-Koster, E. & Kotze, A. (2004). Genetic variation of three commercial and three indigenous goat populations in South Africa. *Journal of Animal Science*, 34(suppl.1), 145-153
24. Yeh, F. C., Yang, R. & Boyle, T. (1999). POPGENE: Version 1.31. Microsoft Window–based Freeware for Population Genetic Analysis, University of Alberta. Edmonton, AB, Canada.