



بررسی ساختار ژنتیکی جمعیتی از گاو هلشتاین ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره نشاندار شده فلوروستی

منا هاشمی^{۱*}، سیروس امیری نیا^۲، محمد طاهر هرکی نژاد^۳، محمد حسین بنابازی^۲

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح دام دانشگاه زنجان ۲ - عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور ۳ -

عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه زنجان

منا هاشمی: M_hashemi@znu.ac.ir

چکیده

به منظور بررسی ساختار ژنتیکی جمعیتی از گاو هلشتاین ایران، تعداد ۹۴ راس برای ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای نشاندار شده فلوروستی تعیین ژنوتیپ گردیدند. پس از استخراج DNA ژنومی از نمونه‌های خون و اسپرم، ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای در قالب یک واکنش چندگانه PCR (Multiplex PCR) تکثیر شدند. نتایج حاصل از تعیین ژنوتیپ به صورت اندازه آلی دقیق برای هر فرد در هر جایگاه مشخص گردید. در مجموع ۱۱۹ آلل در این جمعیت بدست آمد. بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در این جمعیت ۵ جایگاه را در تعادل و ۷ جایگاه را خارج از تعادل نشان داد ($p < 0.05$). نتایج حاصل از شاخص‌های تنوع درون جمعیتی و شاخص‌های چندشکلی در جایگاههای مورد مطالعه از جمله تعداد آلل‌های واقعی و موثر، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) و هتروزیگوسیتی حاکی از سطح بالایی از تنوع و چندشکلی در جمعیت و جایگاههای مورد بررسی بود. در مجموع، نتایج این تحقیق کارایی این مجموعه از نشانگرهای ریزماهواره‌ای نشاندار شده فلوروستی را که از میان فهرست مشترک فائو و انجمن بین المللی ژنتیک حیوانی (ISAG) انتخاب شده است و بصورت یک واکنش PCR چندگانه ارائه گردید، نشان داد که در مقایسه با بررسی تک تک جایگاهها از نظر اقتصادی نیز به صرفه تر خواهد بود.

کلمات کلیدی: ساختار ژنتیکی - گاو هلشتاین ایران - نشانگر ریزماهواره - چندشکلی

مقدمه

یکی از عواملی که برای مدیریت موفق یک پروژه اصلاحی لازم است، دسترسی و آگاهی از میزان تنوع در مجموعه های ژنتیکی در مراحل مختلف پروژه های اصلاحی است. در شرایطی که کار اصلاح نژادی به یک جمعیت یا گله محدود میشود، روند اصلاح انتخابی به احتمال زیاد منجر به کاهش معنی دار تنوع ژنتیکی خواهد شد که به نوبه خود یکی از فاکتورهای اساسی در تعیین بازده اصلاح نژادی است (۱). نشانگرهای مولکولی در این بین به یک ابزار ژنتیکی مهم در مطالعات ژنتیک حیوانی تبدیل شده‌اند که امکان آنالیز تغییرپذیری ژنتیکی در درون و بین گله‌ها را فراهم می‌سازند. نشانگرهای ریزماهواره به دلیل محتوای اطلاعات چندشکلی بالا، توزیع گسترده در سطح ژنوم یوکاریوت و روش کار آسان به طور گسترده در مطالعات جمعیتی و تایید شجره در گاو مورد استفاده قرار می‌گیرند. بیش از ۱۴۰۰ ریزماهواره در ژنوم گاو نقشه یابی شده‌اند و تنها تعدادی از آنها در مطالعات ژنتیک جمعیت و تایید شجره بکار رفته‌اند (۲). در این مطالعه از ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای از فهرست مشترک انجمن بین المللی ژنتیک حیوانی^{۱۷۱} و فائو^{۱۷۲} که برای آزمون انسب در گاو پیشنهاد شده است در قالب یک واکنش PCR جهت بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت گاو هلشتاین ایران استفاده گردید.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های خون و اسپرم از ۹۴ راس گاو هلشتاین جمع آوری گردید. استخراج DNA از نمونه‌های اسپرم به روش فنل - کلروفرم و از نمونه‌های خون به روش تغییر و بهینه یافته میلر و همکاران (۱۹۸۸) صورت گرفت. پس از تعیین کمیت و کیفیت DNA های استخراج شده توسط دستگاه نانودراپ، تکثیر PCR بر روی نمونه‌ها برای ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای که

¹⁷¹ - International Society for Animal Genetics (ISAG)

¹⁷² - Food and Agriculture Organization (FAO)