جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مجله علوم دامی ایران
دوره ۴۰، شماره ۳، ۱۳۸۸ (۱۷-۱۱)

بررسی پلی‌مورفیسم ۱۷ نشانگر میکروساتلایت در جمعیت گوسفند نژاد بلوچی

وحید رزبان[۱]، سعید اسماعیل خانیان[۲]* و رسول واعظ ترشیزی[۳]
۱، ۳، دانشجوی کارشناسی ارشد و دانشیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس
۲، استادیار و عضو هیئت علمی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور
(تاریخ دریافت: ۸۵/۲/۱۳- تاریخ تصویب: ۸۸/۲/۲۸)

چکیده

گوسفند نژاد بلوچی پر جمعیت‌ترین نژاد گوسفند ایران بوده و گله اصلاحی آن در عباس آباد مشهد قرار دارد. این تحقیق به بررسی میزان پلی‌مورفیسم ۱۷ جایگاه میکروساتلایت در این جمعیت می‌پردازد. در این مطالعه تنوع ژنتیکی داخل این جمعیت و تعادل هاردی-واینبرگ برای این جایگاه‌ها بررسی گردید. هر جایگاه با ۱٤٥ نمونه DNA، مورد آزمایش قرار گرفت. واکنش PCR برای تمامی جایگاه‌ها بعد از بهینه‌سازی انجام شد و فرآورده‌های PCR روی ژل‌های پلی‌آکریل آمید الکتروفورز شده و با رنگ‌آمیزی نقره باندها آشکار گردید. نتایج نشان داد که به جز دو جایگاه BMS4000, OarAE54 در سایر جایگاه‌ها تکثیر صورت گرفته و دارای چندشکلی بالایی بودند. بیشترین PIC را جایگاه MCM120 (۰/۹۲۳۲) و کمترین مقدار را TGLA387 (۰/٦۸۳۹) داشتند. بالاترین و پایین‌ترین تعداد الل واقعی به ترتیب در جایگاه‌های MCM120 (۲۱ الل) و MCM494, MCM541L (۹ الل) مشاهده شد و بیشترین و کمترین تعداد مؤثر الل به ترتیب متعلق به جایگاه‌های CSRD144 (۱٤/۹٦٦٤) و TGLA387 (۳/٦۲٥٥) بود. میانگین هتروزایگوسیتی بر اساس کل جایگاه‌ها در این جمعیت ۰/۸۷٤٦ محاسبه گردید. تمامی جایگاه‌ها بر اساس آزمون‌های X2 و G2 از لحاظ تعادل هاردی-واینبرگ در حالت عدم تعادل قرار داشتند و تنها MCM120 با تست G2 در تعادل بود. این مطالعه نشان داد که جمعیت گوسفند بلوچی بر اساس جایگاه‌های مورد مطالعه دارای تنوع ژنتیکی بالایی می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: گوسفند بلوچی، پلی‌مورفیسم، میکروساتلایت، نشانگر ژنتیکی، هتروزایگوسیتی.

مقدمه

تنوع ژنتیکی حیوانات مزرعه‌ای برای برآورده ساختن نیاز به تولید در محیط‌های گوناگون لازم است. تنوع ژنتیکی امکان بهبود ژنتیکی پایدار را فراهم می‌سازد و سازگاری سریع را هنگام تغییر اهداف اصلاح نژادی تسهیل می‌نماید (Notter, 1999).

گوسفند نقش مهمی در کشاورزی مدرن بازی می‌کند و دارای صفات قابل توارث بسیاری است که دارای اهمیت اقتصادی هستند (Maddox et al., 2001). گوسفند نژاد بلوچی به تنهایی ۳۰ درصد جمعیت گوسفندان ایران را تشکیل داده و در مناطق گسترده ای از ایران ازجمله یزد، کرمان، جنوب خراسان و سیستان و بلوچستان پراکنده شده است. این نژاد دارای جثه‌ای کوچک و در نتیجه نسبت سطح به حجم بالایی می‌باشد.

* نویسنده مسئول: سعید اسماعیل خانیان تلفن: ۰۹۱۳-۱۱۸۷۲۴۹ E-mail: esmaeilkhanian@yahoo.com

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

این موضوع یکی از دلایل سازگاری این نژاد با شرایط گرم و خشک ایران است. همچنین گوسفند بلوچی نژادی است که علاوه بر گوشت از نظر تولید پشم هم در وضعیت مناسبی بوده و نژادی دو منظوره محسوب می‌شود. با توجه به مطالب ذکر شده، درحوزه ژنتیک و اصلاح، اطلاع از ساختار ژنتیکی این جمعیت می‌تواند کمک بزرگی به برنامه‌ریزی جهت طرح‌های اصلاح نژادی، و از همه مهمتر، حفظ این ذخیره ژنتیکی باشد. روش‌های مولکولی و استفاده از نشانگرهای ژنتیکی در این زمینه یکی از بهترین گزینه‌ها به حساب می‌آید زیرا با توجه به اطلاعات بالایی که در مورد ساختار ژنتیکی جمعیت ایجاد خواهد نمود می‌تواند نتایجی که از تجزیه و تحلیل رکوردها با روش‌های آماری به دست آمده است را تأیید وتکمیل نماید.

از میان نشانگرهای مولکولی، میکروساتلایت‌ها به عنوان یک کاندید برتر برای بررسی ساختار ژنتیکی جمعیتی از گوسفندان بلوچی انتخاب گردیدند (Tomasco et al, 2002). ازدلایل استفاده از میکروساتلایت اختصاصی بودن برای تکثیر تنها یک ناحیه خاص از ژنوم، ایجاد تعداد زیادی الل در هر لوکوس، همبارز بودن و کاوش ژنوم با وضوح بالای این نشانگر است که باعث می‌شود این جایگاه‌ها هم برای مطالعات جمعیتی و هم مطالعات مربوط به QTL (Quantitative Trait Loci) مناسب باشند (Queller at al., 1993; Buchanan et al, 1993; Arora et al., 2008). در نهایت پس از انجام آزمایشات و استخراج اطلاعات، می توان لوکوس‌های برتر از نظر آنالیز پیوستگی وبررسی تنوع ژنتیکی را جهت مطالعات آینده معرفی نمود.

جمعیت مورد مطالعه متعلق به ایستگاه عباس‌آباد مشهد بوده و از دلایل انتخاب این جمعیت از گوسفند نژاد بلوچی برای این مطالعه، شجره قابل اطمینان و رکوردگیری‌های مناسب روی صفات وزن تولد، وزن یکسالگی، وزن پشم تولیدی و دوقلوزایی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های خون کامل از سیاهرگ وداج گردن و با استفاده از لوله خلاء دار ۵ میلی‌لیتری حاوی ماده ضد انعقاد EDTA تهیه گردید و استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل به روش بهینه شده و تغییر یافتهٔ استخراج نمکی[1] (Miller, 1998) انجام گردید.

واکنش‌های PCR به وسیله دو دستگاه ترموسایکلر Eppendorf و Biometra بعد از بهینه‌سازی صورت گرفت. تمام جایگاه‌های استفاده شده در این تحقیق برای اولین بار در ایران مورد آزمایش قرار می‌گیرند بنابراین برای تمامی واکنش‌های PCR اقدام به بهینه‌سازی واکنش گردید. با توجه به اینکه ژل‌های پلی‌آکریل آمید قدرت تفکیک بالایی دارند در این تحقیق از این نوع ژل‌ها و با غلظت ۸ درصد برای تفکیک الل‌ها استفاده شد. دستگاه الکتروفورز مورد استفاده از نوع عمودی دو طرفه مدل[2] VEU-7704 بوده و تانک‌های آن بوسیله بافر TBE 0.5X پس از نصب ژل پر می‌گردد. در این مطالعه از سه نشانگر اندازه V و VIII و IIIX استفاده شد. برای نمایان‌سازی باندها از یک روش سریع رنگ‌آمیزی نقره[3] استفاده گردید (Sanguinetti et al, 1994). اساس این روش بر پیوند نقره با DNA و تشکیل رسوبی از نقرهٔ فلزی بوسیلهٔ فرمالدئید استوار است (Bassam & Caetano-Anolles, 1993). پس از رنگ‌آمیزی برای خواندن الل‌ها ژل رنگ آمیزی شده اسکن گردیده و با استفاده از خط‌کش نرم‌افزار Photoshop فاصله باندها از چاهک‌ها اندازه‌گیری می‌شود. با استفاده از فاصله باندهای نشانگر اندازه و وزن هر باند آن (base pair, bp) یک رابطه رگرسیونی در نرم‌افزار اکسل بین cm و bp به دست می‌آید. با قرار دادن فاصله باندهای مربوط به نمونه‌ها داخل این رابطه می‌توانیم وزن آن الل را به صورت bp به دست آوریم.

تعداد الل مؤثر عکس هموزایگوسیتی مورد انتظار می‌باشد. این معیار بیانگر تعداد الل‌هایی است که هتروزیگوسیتی یکسان ایجاد می نمایند در شرایطی که همه الل‌ها دارای فراوانی یکسان بوده و با الل‌های نادر تحت تأثیر قرار نگیرند. این معیار را به این دلیل مورد استفاده قرار می دهند که کمتر به اندازه نمونه حساس می‌باشد، تعداد الل موثر را اینگونه محاسبه می‌نمایند:

$$n_e = 1/\sum p_i^2$$

1. Optimized and Modified Salting-out Method
2. Double vertical electrophoresis
3. Rapid Silver Staining

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

بطوریکه p_i فراوانی هر یک از الل‌ها می‌باشد. در این مطالعه با استفاده از نرم‌افزار PopGene معیارهای چند شکلی فوق برآورد گردید (Yeh et al., 1999).

محتوای اطلاعات چند شکلی یا PIC[1] نیز از دیگر مقیاس‌های تعیین درجه پلی‌مورفیسم یک نشانگر ژنتیکی است. کارآمدی یک نشانگر ژنتیکی برای تجزیه و تحلیل‌های پیوستگی که به میزان چند شکلی آن بستگی دارد توسط این آماره اندازه‌گیری می‌شود. PIC همان هتروزیگوسیتی است به استثنای افراد هتروزیگوسیتی که همان ژنوتیپ والد خود را به ارث برده‌اند و بنابراین بر اطلاعات چند شکلی نمی‌افزایند (Buchanan & Theu, 1998). PIC را از طریق فرمول زیر محاسبه می‌کنند.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{k} p_i^2 - \sum_{i=1}^{k-1} \sum_{j=i-1}^{k} 2p_i^2 p_j^2$$

که درآن k تعداد الل‌ها p_i و p_j فراوانی‌های جمعیتی i و j امین الل‌ها می‌باشند. این معیار هم تحت تأثیر تعداد الل‌های یک جایگاه نشانگر و هم تحت تأثیر فراوانی این الل‌ها قرار دارد.

نتایج

از میان ۱۷ جایگاه مورد مطالعه، دو جایگاه BMS4000 و oarAE54 علیرغم انجام واکنش‌های بسیار جهت بهینه‌سازی در جمعیت گوسفندان بلوچی نمونه‌برداری شده تکثیر نشدند و به عنوان یک جایگاه Null در نظر گرفته شدند. دامنه اندازه اللی برای هر جایگاه در جدول ۱ آورده شده است. همچنین به عنوان نمونه در تصویر شماره ۱ ژل و مربوط به لوکوس BM۸۲۷ آورده شده است.

همانطور که مشاهده می‌شود در تعدادی از جایگاه‌ها دامنه اللی با دامنه گزارش شده تفاوت دارد. این بدان معنی است که جمعیت گوسفندان بلوچی ایران دارای الل‌های جدیدی می‌باشد. البته برخی الل‌های گزارش شده در بعضی جایگاه‌ها نیز در این جمعیت مشاهده نشد. (Fendereski, 2004). با توجه به این مطالب می‌توان نتیجه گرفت که این جمعیت یک منبع ژنتیکی متفاوت با ویژگی‌های خاص خود می‌باشد.

جدول ۱- دامنه اندازه اللی بدست آمده در هر لوکوس (جفت باز)

جایگاه	دامنه اللی به دست آمده (تحقیق حاضر)	دامنه اللی گزارش شده (Maddox,2005)
BM121	۱۲۹-۱۴۹	۱۵۲-۲۱۳
BM827	۲۰۴-۲۲۷	۲۰۴-۲۲۴
BM3412	۱۳۵-۱۷۶	۱۳۰-۱۶۴
BM7136	۹۶-۱۳۰	۱۰۰-۱۲۴
BM7237	۱۰۰-۱۳۱	۹۶-۱۲۴
CSRD144	۳۵۴-۴۰۶	۴۵۴-۵۰۲
MAF45	۱۵۱-۱۸۸	۱۴۳-۱۶۵
MCM2	۸۶-۱۲۶	۸۳-۱۱۷
MCM120	۹۶-۱۴۰	۱۰۴-۱۳۸
MCM494	۹۶-۱۱۰	۱۳۱
MCM541L	۱۸۰-۱۹۰	۱۳۶-۱۵۸
OarAE25	۹۳-۱۲۳	۹۴-۱۱۸
OarFCB19	۱۱۱-۱۴۴	۸۷-۲۴۷
OarHH41	۱۲۰-۱۴۹	۱۲۰-۱۴۴
TGLA387	۱۳۳-۲۱۳	-

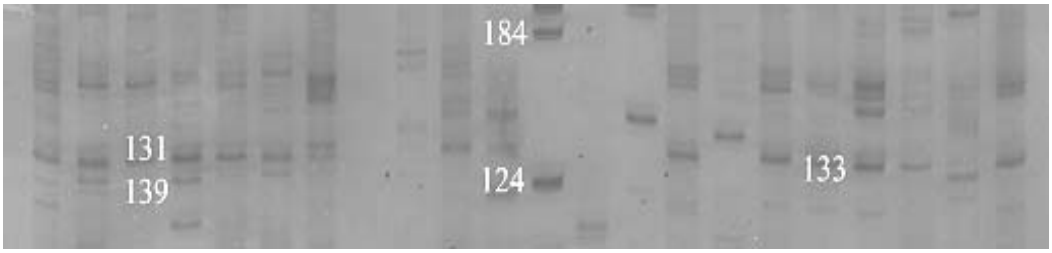
احتمال برقراری تعادل هاردی-واینبرگ در مورد هر لوکوس با استفاده از نرم‌افزار POPGENE (Yeh et al., 1999) برآورد گردید. تعادل هاردی وینبرگ با دو تست آزمون مربع کای (Chi-squar) و نسبت درستنمایی (G-squar) مورد آزمون قرار گرفت که بر اساس Chi-squar تمامی جایگاه‌ها در حالت عدم تعادل هاردی وینبرگ قرار داشتند به جز MCM120 که با تست G-squar در تعادل قرار داشت. علت عدم تعادل در جایگاه‌ها می‌تواند نشان‌دهنده حضور بعضی عوامل برهم زننده تعادل باشد که دو مورد اصلی آن مهاجرت، خصوصاً در مورد قوچهایی که از خارج گله وارد می‌شوند که منجر به ایجاد جریان ژنی[2] می‌گردند، و احتمالاً انجام انتخاب می‌باشد.

Fendereski (2004) در مطالعه خود بر روی همین جمعیت گزارش کردند که هیچ یک از جایگاهها بر اساس هر دو آزمون در تعادل هاردی واینبرگ نبودند و انحراف معنی‌داری داشتند. همچنین Ghanbari et al. (2002) نیز این جمعیت را در حالت انحراف از تعادل هاردی واینبرگ گزارش کردند.

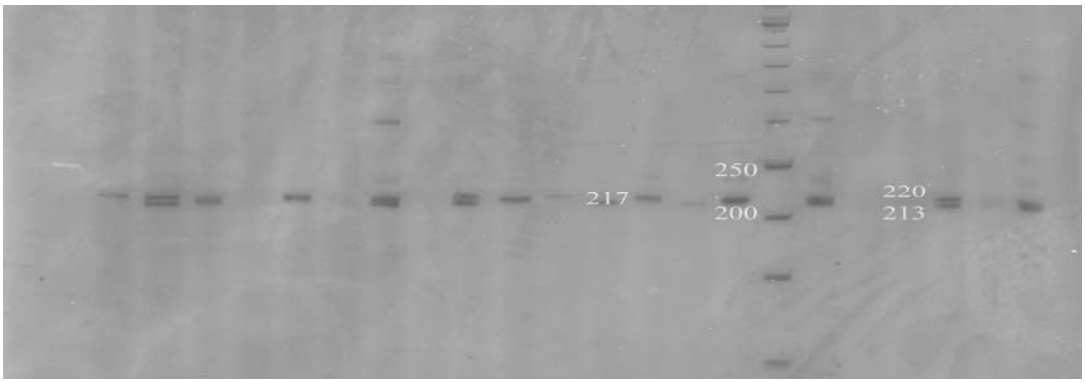
در این تحقیق پس از مراحل آزمایشگاهی پارامترهای متعددی اندازه‌گیری شد که به شرح زیر می‌باشند.

1. Polymorphism information content

2. Gene flow



شکل ۱- مربوط به لوکوس BM۱۲۱، اندازه باندها بر حسب bp در دو نمونه همراه با size marker (در وسط) آورده شده است.



شکل ۲- مربوط به لوکوس BM۸۲۷، اندازه باندها بر حسب bp در دو نمونه همراه با size marker (در وسط) آورده شده است.

هتروزیگوسیتی یا تنوع ژنی[1] از موارد دیگری بود که مورد آزمون قرار گرفت. تنوع ژنتیکی در یک جایگاه را می‌توان با معیارهایی همچون هتروزیگوسیتی مورد انتظار، هتروزیگوسیتی مشاهده شده وتنوع اللی مشخص نمود (Frankham et al., 2002). میزان هتروزیگوسیتی معمول‌ترین معیار تنوع ژنتیکی در یک جمعیت می‌باشد که به دو صورت هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_0) و هتروزایگوسیتی مورد انتظار یا هاردی- وینبرگی (He) گزارش می‌شود (Hedrick, 1999).

Wier (1996) استفاده از تنوع ژنی (D) را بجای هتروزیگوسیتی مورد انتظار مناسب‌تر می‌داند. هر دو معیار معمول تنوع ژنتیکی برای یک جایگاه یا بصورت میانگین چند جایگاه گزارش می شوند. در این مطالعه با استفاده از نرم‌افزار PopGene هتروزایگوسیتی مورد انتظار و هتروزایگوسیتی مشاهده شده محاسبه گردید (Yeh, 1999). همچنین با استفاده از نرم‌افزار PIC (Ott, 1988-1992) هتروزایگوسیتی‌های مورد انتظار و مشاهده شده محاسبه و نتایج مشابهی نیز بدست آمد که نتایج حاصل در جدول ۲ آمده است.

1. Gene diversity

همانطور که مشاهده می‌شود بیشترین هتروزایگوسیتی متعلق به جایگاه CSRD144 به میزان ۰/۹۳۹۱ و کمترین هتروزایگوسیتی متعلق به TGLA387 به میزان ۰/۷۳۲۷ می‌باشد. بر اساس این جایگاه‌ها متوسط هتروزایگوسیتی ۰/۸۷۴۶ محاسبه گردید که نشان‌دهنده تنوع بالا در این جمعیت است.

با مقایسه Ho با He می‌توان افت یا فزونی هتروزایگوسیتی را نسبت به میزان مورد انتظار بررسی کرد. بر این اساس جایگاه‌های MCM541L, MCM494, MCM120, BM121, BM3412, MAF45, OarAE25, BM827 دچار افت هتروزایگوسیتی شده اند در حالی که جایگاه‌های MCM2, BM7136 BM7237, OarHH41, CSRD144, OarFCB19 با فزونی هتروزایگوسیتی مواجه بودند.

اگر تمام جایگاه‌ها با هم در نظر گرفته شوند در کل، این جمعیت با بررسی جایگاه‌های ذکر شده دارای هتروزایگوسیتی پایین‌تر از میزان مورد انتظار می‌باشد. از معیارهایی که جهت بررسی پلی‌مورفیسم یا چند شکلی، مد نظر قرار می‌گیرند تعداد الل مشاهده شده یا واقعی[2]

2. True number of allele

و تعداد مؤثر الل[1] می‌باشند. تعداد الل واقعی، تعداد الل‌های مشاهده شده یک جایگاه در جمعیت است. این معیار بشدت تحت تأثیر اندازه نمونه است (Hedrick, 1999).

تعداد واقعی الل و تعداد مؤثر الل به دست آمده در این تحقیق در جدول ۳ نمایش داده شده است.

با ملاحظه نتایج مشخص می‌شود که بیشترین و کمترین الل واقعی به ترتیب متعلق به جایگاه‌های MCM120 با ۲۱ الل و MCM494, MCM541L با ۹ الل است در حالیکه این جایگاه‌ها دارای بیشترین و کمترین الل مؤثر نمی‌باشند و به ترتیب بیشترین و کمترین الل مؤثر متعلق به جایگاه‌های CSRD144 با ۱۴/۹۶۶۴ و TGLA387 با ۳/۶۲۵۵ الل می‌باشد. در تمامی جایگاه‌ها تعداد مؤثر الل کمتر از تعداد الل واقعی است.

دلیل این کاهش این است که تعداد مؤثر الل در حقیقت، تعداد الل با فراوانی مساوی در هر جایگاه است. در جایگاه‌هایی که تفاوت بین این دو مقدار زیاد می‌باشد دلیل بر وجود فراوانی‌های اللی با پراکندگی بالا در آن جایگاه‌هاست. جایگاه‌هایی که فراوانی‌های اللی در آنها تقریباً برای تمام الل‌ها مشابه باشد تعداد مؤثر الل بیشتری نشان خواهند داد.

1. Effective number of allele

جدول۲- هتروزایگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در لوکوس‌های مطالعه شده

جایگاه	BM827	OarFCB19	CSRD144	OarAE25	TGLA387
Ho	۰/۲۱۵۲	۰/۹۰۳۸	۰/۹۸۷۳	۰/۷۸۵۷	۰/۸۱۴۰
He	۰/۸۸۷۴	۰/۸۹۷۱	۰/۹۳۹۱	۰/۸۸۳۹	۰/۷۳۲۷

جایگاه	OarHH41	MAF45	BM7237	BM7136	BM3412
Ho	۰/۹۴۳۸	۰/۸۴۶۹	۰/۹۴۰۰	۱/۰۰۰۰	۰/۷۵۳۸
He	۰/۹۰۲۰	۰/۸۷۸۵	۰/۹۰۰۴	۰/۹۱۱۴	۰/۸۸۳۰

جایگاه	BM121	MCM2	MCM120	MCM494	MCM541L
Ho	۰/۳۳۳۳	۱/۰۰۰۰	۰/۸۷۳۲	۰/۶۹۳۹	۰/۳۵۷۱
He	۰/۸۹۳۶	۰/۹۱۶۶	۰/۹۳۷۸	۰/۸۴۱۶	۰/۸۷۷۶

جدول۳- na و ne در لوکوس‌های مورد مطالعه

جایگاه	BM827	OarFCB19	CSRD144	OarAE25	TGLA387
na	۱۲	۱۲	۱۸	۱۲	۱۲
ne	۸/۴۵۶۶	۸/۹۶۸۵	۱۴/۹۶۶۴	۸/۱۶۶۷	۳/۶۲۵۵

جایگاه	OarHH41	MAF45	BM7136	BM3412	BM121
na	۱۲	۱۱	۱۵	۱۱	۱۱
ne	۹/۷۰۱۲	۷/۹۳۷۲	۱۰/۳۶۶۷	۸/۰۷۸۴	۸/۵۴۲۴

جایگاه	MCM2	MCM120	MCM494	MCM541L	BM7237
na	۱۷	۲۱	۹	۹	۱۳
ne	۱۱/۱۸۶۸	۱۳/۸۴۹۵	۵/۹۸۷۵	۵/۴۸۶۸	۹/۲۰۸۱

مقادیر به دست آمده برای PIC در جدول ۴ نشان داده شده است. نتایج این جدول با استفاده از نرم‌افزار PIC (Ott, 1988-1992) محاسبه گردید و نشان می‌دهد که تمامی جایگاه‌هایی که مطالعه شدند دارای PIC بالایی می‌باشند. همچنین نرم‌افزار POPGENE نیز تعداد لوکوس‌های پلی‌مورف را ۱۵ و درصد جایگاه‌های پلی‌مورف را ۱۰۰ درصد بیان می‌کند.

جدول۴- مقادیر به دست آمده برای PIC در لوکوس‌های مورد مطالعه

جایگاه	MCM120	TGLA387	BM7136	MCM2	CSRD144
PIC	۰/۹۲۳۲	۰/۶۸۳۹	۰/۷۷۰۴	۰/۹۰۴۰	۰/۹۲۰۵

جایگاه	MCM541L	OarAE25	MCM494	BM827	BM3412
PIC	۰/۷۹۵۸	۰/۸۶۵۸	۰/۸۱۲۰	۰/۸۷۰۳	۰/۸۶۶۰

جایگاه	OarHH41	BM7237	BM121	MAF45	OarFCB19
PIC	۰/۸۸۷۸	۰/۸۸۱۵	۰/۸۷۱۶	۰/۸۷۶۶	۰/۸۷۷۸

PIC در جایگاه TGLA387 کمترین مقدار (۰/۶۸۳۹) را دارد که به علت داشتن تعداد الل کم می‌باشد و MCM120 نیزکه بیشترین الل را دارد، دارای بالاترین PIC (۰/۹۲۳۲) هم می‌باشد.

بحث

Daneshyar (2003) و Zahedy (2004) این جمعیت را دارای تنوع بالای ژنتیکی گزارش کردند که مطالعه حاضر نیز آن را تأیید می‌نماید. متوسط هتروزاگوسیتی در این مطالعه از نتایج Fendereski (2004) که متوسط هتروزاگوسیتی را ۰/۹۳۲۹ برآورد کردند کمتر و از مطالعه Ghanbari (2002) که متوسط هتروزایگوسیتی را در این جمعیت را ۰/۴۸۲۸ به دست آوردند بیشتر می‌باشد. Fendereski (2004) و Ghanbari (2002) در همین جمعیت بیشترین و کمترین میزان PIC را به ترتیب ۰/۳۷۵۰ تا ۰/۹۲۰۹ و صفر تا ۰/۸۳۷۸ به دست آوردند.

در کل و با توجه به شاخص‌های به دست آمده مانند هتروزایگوسیتی بالای لوکوس‌های مورد مطالعه می‌توان نتیجه گرفت که این جمعیت دارای تنوع ژنتیکی بالایی می‌باشد. همچنین میزان بالای PIC, He, ne در تحقیق حاضر نشان‌دهنده قابلیت استفاده تعداد زیادی از این لوکوس‌ها را جهت نقشه‌یابی و آنالیز QTL می‌باشد. با وجود اینکه کمترین میزان PIC, He, ne متعلق به جایگاه TGLA387 می‌باشد، باید توجه داشت که این لوکوس در مقایسه با جایگاه‌های پلی‌مورف دیگر در رتبه آخر قرار می‌گیرد و با این حال در این ارزیابی همه لوکوس‌ها به جز BMS4000, oarAE54 برای تحقیقات جمعیتی و آنالیز پیوستگی در آینده مناسب تشخیص داده شده و پیشنهاد می گردند. این تحقیق نشان می‌دهد که بر اساس لوکوس‌های ذکر شده در این مطالعه، جمعیت گوسفند بلوچی ایستگاه عباس آباد مشهد دارای تنوع ژنتیکی بالایی می‌باشد که همین امر می‌تواند قابلیت اصلاح نژاد بر پایه انواع اهداف اصلاحی را فراهم نماید و به این ترتیب بهبود صفات تولیدی و اقتصادی را به شکل پایدار امکان پذیر سازد. همچنین از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که گوسفند نژاد بلوچی دارای الل‌های خاص این جمعیت می‌باشد زیرا دامنه اللی بیشتر لوکوس‌ها با دامنه اللی که قبلاً برای این لوکوس‌ها گزارش شده است تفاوت دارد و بنابراین می‌تواند یک ذخیره ژنتیکی متفاوت تلقی شود که برنامه‌ریزی‌های مناسب را برای حفظ آن می‌طلبد و نشانگرهای مولکولی می‌توانند در این زمینه مفید باشند.

REFERENCES

1. Arora, R., Bhatia, S., Sehrawat, A., Maity, S. B. & Kundu, S. S. (2008), Genetic variability in Jalauni sheep of India inferred from microsatellite data. *Livestock Research for Rural Development*, 20, 1.
2. Bassam, B. J. & Caetano-Anolles, G. (1993), Silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 42, 181-188.
3. Buchanan, F. C. & Theu, T. D. (1998), Intrabreed polymorphic information content of microsatellite in cattle and sheep. *Canadian journal of animal science*, 78, 425-428.
4. Buchanan, F., Littlejohn, R. P., Galloway, S. M. & Crawford, A. M. (1993), microsatellite and associated repetitive elements in the sheep genome. *Mammalian Genome*, 4, 258-264.
5. Daneshyar, P. (2003). *Polymorphism determination of nine microsatellite markers in Baluchi sheep*. M. Sc. Dissertation, Zabul University, Zabul. (In Farsi).
6. Fendereski, A. (2004). *Genetic diversity in Baluchi sheep population using microsatellite markers*. M. Sc. Dissertation, Azad University, Karaj. (In Farsi).
7. Frankham, R., Balllou, J. D. & Brisco, D. A. (2002). *Introduction to conservation genetics*. First published, Cambridge unipress.
8. Ghanbari, S. (2002). *Molecular investigation and polymorphism determination in Baluchi sheep using microsatellite markers*. M. Sc. Dissertation, Zanjan University, Agriculture Faculty, Zanjan. (In Farsi).
9. Hedrick, P. W. (1999). *Genetics of population*. (2nd ed). Jones and Bartlett publishers.
10. Karp, A., Isaac, P. G. & Ingram, D. S. (1998). *Molecular tools for screening biodiversity, plants and animals*. First edition. Chapman and Hall. London.UK.
11. Maddox, J. (2005) *Australian Sheep Gene Mapping*, Department of Veterinary Science, University of Melbourne. From http://rubens.its.unimelb.edu.au/~jillm/jill.htm.
12. Maddox, J. F., Davies, K. P., Crawford, A. M., Hulme, D. J., Vaiman, D., Cribiu, E. P., Freking, B. A., Beh, K. J., Cockett, N. E., Kang, N., Riffkin, C. D., Drinkwater, R., Moore, S. S., Dodds, K. G., Lumsden, J. M., van Stijn, T. C., Phua, S. H., Adelson, D. L., Burkin, H. R., Broom, J. E., Buitkamp, J., Cambridge, L., Cushwa, W. T., Gerard, E., Galloway, S. M., Harrison, B., Hawken, R. J., Hiendleder, S., Henry, H. M., Medrano, J. F., Paterson, K. A., Schibler, L., Stone, R.T. & van Hest, B. (2001). An enhanced linkage map of the sheep genome coprising more than 1000 loci. Genome Research.
13. Miller, S. A., Dykes, D. D. & Polesky, H. F. (1998). a simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16, 1215.
14. Notter, D. R. (1999). the importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*, 77, 161-69
15. Ott, J. (1988-1992). *Program PIC version 1.51 utility programs for detection of polymorphism information content*. From Fttp//linkage. Rockefeller. Edu/software.
16. Queller, D. C., Strassmann, J. E. & Hughes, C. R. (1993). Microsatellites and Kinship. *Tree*, 8, 285-288.
17. Sanguinetti, C. J., Neto, E. D. & Simpson, A. J. G. (1994). Rapid silver staining and recovery of PCR product separated on polyacrylamide gels. *Biotechniques*, 17, 915-919.
18. Tomasco, I., Wlasiuk, G. & Lessa, E. P. (2002). Evaluation of polymorphism in ten microsatellite loci in Uruguayan sheep flocks. *Genetics and Molecular Biology*, 25 (1), 37-41.
19. Wier, B. S. (1996). Genetics data analysis methods for discrete population genetic data. Sinauer associatios. INC.
20. Yeh, F. C., Yang, R. & Boyle, T. (1999). *Pop Gene version 1.31, Microsoft windows-based free ware for population genetic analysis*, University of Alberta. Edmonton, AB, Canada.
21. Zahedy, Z. (2004). *Investigation of polymorphism on some microsatellite markers in Baluchi sheep*. M. Sc. Dissertation, Agricultural Faculty of Tarbiat Modares University, Tehran. (In Farsi).