بررسی تنوع ژنتیکی در درون و بین پنج جمعیت گوسفند ایرانی با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره

محمد حسین بنابازی[۱]، سعید اسماعیل خانیان[۲]، سیدرضا میرائی آشتیانی[۱] و محمد مرادی شهربابک[۱]

چکیده

در مطالعه حاضر تنوع ژنتیکی درون و بین پنج جمعیت گوسفند ایرانی (سنجابی، کردی کردستان، کردی خراسان، مهربان و مغانی) با استفاده از شش جفت آغازگر ریزماهواره‌ای (McMA2، McMA26، MAF64، OarCP26، OarAE64 و OarFCB304) بررسی گردید. واکنش‌های PCR با تمام آغازگرها بجز OarAE64 به‌خوبی انجام گردید. تمامی جایگاه‌ها در همه جمعیت‌ها چند شکل بودند. سه آلل اختصاصی در دو جایگاه برای جمعیت کردی خراسان به‌دست آمد ولی فراوانی قابل ملاحظه‌ای نداشتند. به‌جز جمعیت مغانی برای جایگاه McMA2، تمامی جمعیت‌های مورد مطالعه در جایگاه‌های ریزماهواره‌ای مورد بررسی در تعادل هاردی-واینبرگ بودند(P<۰/۰۰۵). کمترین و بیشترین فاصله ژنتیکی D_A به‌ترتیب بین جمعیت‌های کردی کردستان و کردی خراسان (۰/۲۳۴) و بین سنجابی و مغانی (۰/۳۸۸) به‌دست آمد. در گروه‌بندی جمعیت‌ها بر اساس ماتریس فاصله ژنتیکی D_A، که با دو روش پیوند همجواری (NJ) و روش جفت گروهی غیر وزنی از طریق میانگین حسابی (UPGMA) انجام شد، دو جمعیت کردی خراسان و کردی کردستان با هم و سپس سنجابی با آنها در یک گروه قرار گرفت و جمعیت مهربان و مغانی یک گروه مجزا تشکیل دادند. بیشترین و کمترین تنوع درون جمعیتی، که برای هر جمعیت به‌صورت متوسط هتروزایگوسیتی مورد انتظار در همه جایگاه‌ها برآورد گردید، بترتیب مربوط به جمعیت‌های مهربان (۰/۸۴۷) و کردی خراسان (۰/۷۴۴) بود. هم‌چنین زمان انشقاق بین دو جمعیت کردی ۴۴۵ سال به‌دست آمد که با شواهد تاریخی همخوانی دارد.

واژه‌های کلیدی: گوسفندان ایرانی، نشانگرهای ریزماهواره، تنوع ژنتیکی، هتروزایگوسیتی، چند شکلی

مقدمه

در طی دهه ۸۰ میلادی، بر اهمیت منابع ژنتیکی حیوانی از لحاظ دام‌پروری و تولید غذا به طور فزاینده‌ای تأکید شد و مشخص شد که استفاده و حفظ این منابع دو مقولهٔ تفکیک ناپذیرند (۷). در سال‌های اخیر، نشانگرهای ژنتیکی و به‌ویژه نشانگرهای DNA به یاری متخصصین مربوطه آمده و به ابزاری قابل اعتماد و مناسب جهت مطالعات مربوط به تنوع ژنتیکی و مطالعات ژنتیک جمعیت تبدیل گردیدند. در این میان

۱. به ترتیب کارشناس ارشد و دانشیاران علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

۲. استادیار بخش بیوتکنولوژی، مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، کرج

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]

ریزماهواره‌ها (Microsatellites) به سبب مزایای ویژه همچون چندشکلی بسیار زیاد، توزیع تصادفی در سرتاسر ژنوم، همبارز بودن، عدم تأثیر انتخاب طبیعی و مصنوعی بر آنها، برای مطالعات ژنتیک جمعیت مناسب ترند (۱۷).

گوسفند، دامی مهم برای ایران محسوب می‌گردد و به لحاظ زیاد بودن جمعیت آن و تنوع نژادها و غیره، بخش بزرگی از ذخایر ژنتیک دامی ایران را شامل می‌شود. بنابراین ضرورت شناسایی تنوع موجود در جمعیت‌های گوسفند بومی ایران و تعیین روابط تکاملی میان آنها وظیفه‌ای است که بر عهدهٔ متخصصین ژنتیک و اصلاح دام کشور می‌باشد. تاکنون تنها چهار مطالعه از این نوع (از ۱۹۷۶ تا ۱۹۹۹) روی گوسفندان بومی ایران انجام شده است (۱، ۳، ۴ و ۱۱) که تنها در یکی از آنها از نشانگر DNA استفاده شده است (۱). تحقیق حاضر اولین مطالعه‌ای است که به بررسی تنوع درون و بین جمعیتی موجود در بخشی از گوسفندان ایرانی و نیز روابط تکاملی بین این بخش از گوسفندان به کمک نشانگر ریزماهواره می‌پردازد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های خون از منطقه پراکنش ۵ جمعیت گوسفند بومی ایران (سنجابی، کردی کردستان، کردی خراسان، مغانی و مهربان) در لوله‌های حاوی ماده ضد انعقاد جمع آوری گردید و استخراج DNA از آنها به روش بهینه شدهٔ Salting-Out (۲۰) انجام شد. تعداد نمونه‌ها برای جمعیت‌های سنجابی، کردی کردستان، کردی خراسان، مهربان و مغانی به‌ترتیب ۳۵، ۲۵، ۲۵، ۲۴ و ۳۲ بود. تکثیر DNA با استفاده از ۶ جفت آغازگر ریزماهواره‌ای (McMA2، McMA26، MAF64، OarCP26، OarFCB304 و OarAE64) (جدول ۱) در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر و با شرایط زیر انجام شد (لازم به ذکر است که واکنش‌های PCR مربوط به جایگاه OarAE64 روی هیچ‌یک از نمونه‌ها موفق نبود) :

PCR buffer 1X, $MgCl_2$ 3.5mM, Each Primer 0.25µM, dNTPs 200µM, Taq Polymerase 1U, DNA 100-200ng.

برنامه دمایی برای آغازگرهای McMA2 و McMA26، به‌صورت واسرشته سازی اولیه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲/۵ دقیقه و به‌دنبال آن ۲۹ چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای ۵۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، بسط آغازگر در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و سرانجام بسط نهایی آغازگر در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲/۵ دقیقه بهینه شد. برنامه دمایی برای سایر جایگاه‌ها نیز به‌صورت ۷ چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای اتصال مربوط به هر آغازگر و سپس ۲۰ چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای اتصال مربوط به هر آغازگر بهینه شد. هیچ مرحلهٔ بسطی در نظر گرفته نشد. دمای اتصال بهینه برای آغازگرهای MAF64، OarCP26 و OarFCB304 به‌ترتیب ۶۴، ۶۲ و ۶۱ درجه سانتی‌گراد به‌دست آمد.

فراورده‌های PCR به دست آمده روی ژل پلی آکریل آمید ۸٪ الکتروفورز گردید و نمایان سازی آلل‌ها به روش رنگ آمیزی نیترات نقره (۲۸) انجام شد. پس از به‌دست آوردن فراوانی‌های آللی هر یک از جایگاه‌ها به روش شمارش مستقیم، آزمون نسبت درست نمایی برای تعادل هاردی- واینبرگ ($P<0/005$) در هر یک از ترکیبات مختلف جایگاه-جمعیت و در هر یک از جایگاه‌ها به‌ازای تمامی جمعیت‌ها با استفاده از نرم افزار POPGENE (۳۳) انجام شد. با استفاده از نرم افزارMicrosat (۲۲) ماتریس فواصل ژنتیکی با معیار فاصله ژنتیکی استاندارد Nei یا Ds (۲۳) و فاصلهٔ ژنتیکی D_A (۲۴) و با استفاده از ۱۰۰۰ بار جایگذاری نمونه‌ها (Bootstraping) به‌دست آمد. دندروگرام نیز به دو روش پیوند همجواری (Neighbor-joining Method) (NJ) (۲۷) و روش جفت گروهی غیر وزنی از طریق میانگین حسابی (UPGMA) Unweighted Pair-Group Method using an Arithmetic Avereage (۳۲) با نرم افزار POPTREE (۳۱) و با ۱۰۰۰ بار جایگذاری

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]

جدول ۱. مشخصات جایگاه‌های مورد مطالعه

ماخذ	شمارهٔ دسترسی**	واحدتکرار شونده	آغازگرها (5′-3′)	نام جایگاه و موقعیت کروموزومی*
۱۹	AF098773	$(AC)_{28}$	TCACCCAACAATCATGAAAC TTAAATCGAGTGTGAATGGG	McMA2 (13)
۱۹	AF098961	$(GT)_{31}$	TCTCTGCTTTCCAGCCTTATTC AGAGCTTTTAGGACAGCCACC	McMA26 (18)
۲۸	M62993	$(TG)_{13}$	AATAGACCATTCAGAGAAACGTTGAC CTCATGGAATCAGACAAAAGGTAGC	MAF64 (1)
۱۴	U15698	$(CA)_{11}CG(CA)_{15}$	GGCCTAACAGAATTCAGATGATGTTGC GTCACCATACTGACGGCTGGTTCC	OarCP26 (4)
۱۵	L13869	$(AC)_{24}$	TGCAAGAAGGGCAGACCTTGGAG CAGACCACTCTCTTCCCTCCACG	OarAE64 (7)
۸	L01535	$(TC)_6GC\,[(TC)_4GC]_2\,(TC)_{11}(AC)_{15}$	CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	OarFCB304 (19)

* : اعداد داخل پرانتز شماره کروموزومی است که ریزماهوارهٔ مربوطه روی آن واقع است

** : این شماره ها کُد دسترسی به هر یک از این ریزماهواره ها در بانک ژن NCBI با آدرس اینترنتی http://www.ncbi.nlm.nih.gov:80/entrez/viewer.cgi می‌باشد.

نمونه‌ها ترسیم گردید. تنوع درون جمعیتی به صورت متوسط هتروزایگوستی مورد انتظار نا اُریب (۲۳) با نرم افزار POPTREE برآورد گردید. معیارهای چند شکلی از جمله تعداد آلل مشاهده شده و تعداد آلل مؤثر (The Number of Effective Alleles) (۱۸) با نرم افزار POPGENE و محتوای اطلاعات چند شکلی (Polymorphic Information Content) (PIC) (۹) با نرم افزار HET (۲۵) محاسبه گردید.

با فرض هم منشاء بودن دو جمعیت کردی کردستان و کردی خراسان و با استفاده از فاصلهٔ استاندارد نااُریب Nei(۲۳)، زمان انشقاق (Divergence Time) این دو جمعیت با استفاده از فرمول زیر(۱۰) برآورد گردید و با سابقهٔ تاریخی موجود (۲) مقایسه شد:

$$\hat{D} = 2\alpha t$$

که در آن $\hat{D}$ فاصلهٔ ژنتیکی استاندارد نااُریب Nei، t تعداد نسل‌هایی که از زمان انشقاق دو جمعیت گذشته است و α نرخ تغییر تعداد تکرار ریزماهواره ها می‌باشد. در انسان ۴-۱۰×۴/۵ جهش خودبه‌خودی به‌ازای هر جایگاه در هر گامت مشاهده شده است. در برآورد زمان انشقاق دو جمعیت کردی کردستان و کردی خراسان نیز از این α و فرض فاصلهٔ نسلی ۳/۵ سال برای گوسفند استفاده گردید. سپس با فرض این‌که این دو جمعیت حدود ۴۰۰ سال پیش از هم انشقاق یافته‌اند، ضرایب α برای هر یک از جایگاه‌های ریزماهواره‌ای مورد مطالعه محاسبه گردید.

نتایج و بحث

واکنش‌های PCR با تمام آغازگرها به‌جز OarAE64 به خوبی انجام گردید (شکل ۱).

سه آلل اختصاصی در دو جایگاه برای جمعیت کردی خراسان به‌دست آمد ولی فراوانی قابل ملاحظه‌ای نداشتند. مقایسهٔ تعداد، نوع و دامنهٔ اندازه آلل‌های حاصل از مطالعهٔ حاضر با مطالعات دیگران (۵، ۶، ۸، ۱۰، ۱۲، ۱۳، ۱۴، ۱۵، ۱۶ ۱۹ ،۲۰، ۲۶و ۲۹) نشان می‌دهد که گوسفندان ایرانی آلل‌های جدیدی را در جایگاه‌های مورد مطالعه دارا می‌باشند و برخی از آلل‌هایی که در مطالعات مذکور گزارش شده بودند در جمعیت‌های مورد مطالعه دیده نشد. تنها جمعیت مغانی برای جایگاه McMA ۲ از تعادل انحراف نشان داد (P<۰/۰۰۵).

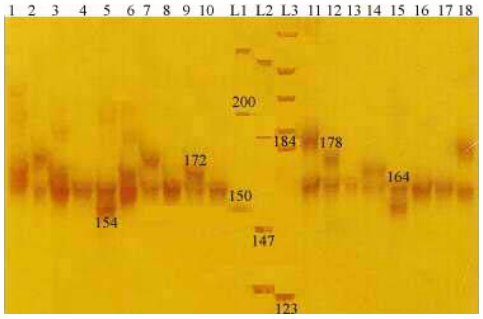
جدول ۲، ماتریس‌های فواصل ژنتیکی به‌دست آمده را برای هر دو معیار مورد نظر نشان می‌دهد. روند کم و بیش مشابهی در هر دو ماتریس به چشم می‌خورد. تاکزاکی و نی (۳۰)

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]

جدول ۲. ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه. اعداد بالای قطر فواصل ژنتیکی استاندارد Nei (D_S) و اعداد زیر قطر فواصل ژنتیکی D_A می‌باشند. این ماتریس‌ها با ۱۰۰۰ بار جایگذاری نمونه‌ها به دست آمد.

	سنجابی	کردی کردستان	کردی خراسان	مهربان	مغانی
سنجابی	_____	۰/۱۸۰	۰/۴۵۰	۰/۱۸۰	۰/۵۵۹
کردی کردستان	۰/۲۴۶	_____	۰/۲۷۱	۰/۳۴۷	۰/۴۶۷
کردی خراسان	۰/۳۰۷	۰/۲۳۴	_____	۰/۳۹۵	۰/۴۹۸
مهربان	۰/۲۶۳	۰/۳۰۴	۰/۳۵۳	_____	۰/۲۹۳
مغانی	۰/۳۸۸	۰/۳۷۱	۰/۳۷۱	۰/۲۶۰	_____



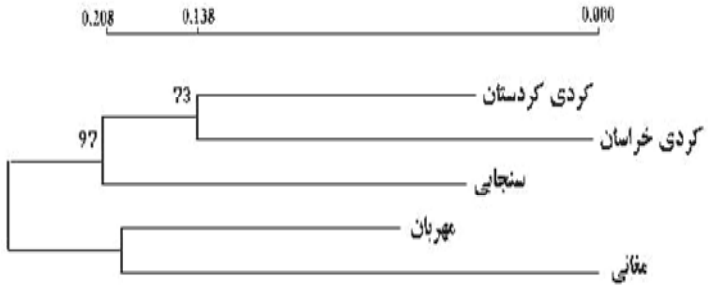
شکل ۱. الگوی باندی جایگاه OarFCB304 در جمعیت کردی خراسان. شماره‌های ۱ تا ۱۸ افرادی از جمعیت کردی خراسان و L1، L2و۳به‌ترتیب نشانگرهای اندازه شمارهٔ XIII، VIII و V شرکت Roche آلمان می‌باشند.

معیار D_A را برای به‌دست آوردن موضع شناسی (Topology) صحیح، مناسب‌تر دانسته‌اند. همان‌طور که در ماتریس فواصل مربوط به فاصلهٔ D_A مشاهده می‌شود کمترین فاصله به‌ترتیب بین جمعیت‌های کردی خراسان و کردی کردستان (۰/۲۳۴) و بین سنجابی و کردی کردستان (۰/۲۴۶) می‌باشد که با توجه به هم منشا بودن دو جمعیت کردی و مدت زمان اندکی که از جدایی جغرافیایی آنها می‌گذرد یعنی حدود ۴۰۰ سال (۲) که در مقیاس تکاملی زمان بسیار کوتاهی محسوب می‌شود و همچنین بواسطهٔ مجاورت مناطق پراکنش دو جمعیت کردی کردستان و سنجابی (استان‌های کردستان و کرمانشاه) و کم و بیش حضور هر دوی آنها در هر دو منطقه، منطقی به نظر می‌رسد. شباهت فنوتیپی بسیار نزدیک آنها نیز فاصلهٔ ژنتیکی کم بین آنها را تأیید می‌نماید.

با هر دو معیار بیشترین فاصله نیز به‌ترتیب بین جمعیت سنجابی و مغانی (D_A=۰/۳۸۸ و D_S=۰/۵۵۹)، جمعیت کردی خراسان و مغانی (D_A=۰/۳۷۱ وD_S=۰/۴۹۸) و نیز بین کردی کردستان و مغانی (D_A=۰/۳۷۱ وD_S=۰/۴۶۷) می‌باشد. از آنجایی‌که در پیش فرض‌های اولیه جمعیت مغانی، به‌واسطهٔ فاصلهٔ جغرافیایی زیاد بین محل پراکنش آن یعنی استان اردبیل با گوسفندان ناحیهٔ غرب کشور و وجود موانع جغرافیایی عمده مانند دریای خزر و کوهستان میان استان‌های اردبیل و خراسان که امکان تبادل ژنتیکی طبیعی این جمعیت را با سایرجمعیت‌های مورد مطالعه محدود می‌سازد، به‌عنوان یک گروه جدا (Outgroup) در نظر گرفته شده است، انتظار می‌رود که در یک سوی فواصل حداکثر این جمعیت قرار داشته باشد. تفاوت‌های فنوتیپی آشکار آن با سایر جمعیت‌های مورد مطالعه نیز این امر را تأیید می‌نماید. یکی از دلایل احتمالی فاصلهٔ ژنتیکی متوسط بین مغانی و مهربان (D_A=۰/۲۶۰ وD_S=۰/۲۹۳) می‌تواند این باشد که قوچ‌های مهربان به علت فنوتیپ گوشتی مناسبی که دارند، در طول سالیان متمادی توسط اکثر گوسفندداران سایر نقاط مورد استفاده قرار می‌گرفته‌اند. بنابراین انتظار می‌رود این گوسفند با گوسفندان دیگر نقاط

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]



شکل ۲. دندروگرام حاصل از فاصلهٔ ژنتیکی D_A که به روش NJ تشکیل گردیده است. اعداد روی گره‌ها درصد تکرار آن گره را در دندروگرام‌های حاصل از ۱۰۰۰ بار جای‌گذاری نمونه‌ها نشان می‌دهد.

کشور فاصلهٔ ژنتیکی متوسطی داشته باشد ولی این امر نیاز به بررسی بیشتر دارد.

شکل ۲ دندروگرام حاصل از فاصلهٔ ژنتیکی D_A را که با روش NJ ترسیم گردیده است، نشان می‌دهد. تاکزاکی و نی (۳۰) احتمال به‌دست آوردن موضع شناسی صحیح را با استفاده از D_A بالاتر دانسته اند. موضع شناسی کلی سه درخت از چهار درخت حاصل تقریباً یکسان می‌باشد و تنها درخت UPGMA حاصل از معیار D_S تفاوت اندکی را نشان داد. موضع‌شناسی هر چهار درخت حاصله بیشتر یک موضع‌شناسی جغرافیایی است.

در درختان NJ دو خوشهٔ مجزا مشاهده می‌شود که یکی شامل سه جمعیت کردی کردستان، کردی خراسان و سنجابی است که با در نظر گرفتن همجواری جعرافیایی مناطق پراکنش و نیز شباهت فنوتیپی زیاد بین دو جمعیت کردی کردستان و سنجابی و هم‌چنین هم منشاء بودن دو جمعیت کردی قابل توجیه می‌باشد. به‌ویژه آن‌که دو جمعیت هم منشاء یعنی کردی کردستان و کردی خراسان در یک زیرگروه واقع و سپس سنجابی با آنها یک گروه را تشکیل داد. مجزا بودن جمعیت مغانی (حداقل از سه جمعیت موجود درگروه اول) روشن است. ولی قرار گرفتن مغانی و مهربان در یک خوشه نیاز به مطالعات بیشتری دارد.

نتایج تنوع درون جمعیتی حاکی از تنوع بالا در داخل هر یک از جمعیت‌های مورد مطالعه است به نحوی که متوسط هتروزایگوسیتی مورد انتظار نا اُریب در تمامی ترکیبات جایگاه–جمعیت و در هر جایگاه به‌ازای تمامی جمعیت‌ها بالا و مناسب (بین ۰/۵۰۶ تا ۰/۹۱۵) می‌باشد. بررسی معیارهای مختلف چند شکلی نیز حاکی از چند شکلی بسیار بالا در جایگاه‌های مورد مطالعه است به طوری که بر اساس تعریف چند شکلی می‌توان تمام آنها را ۱۰۰ ٪ چند شکل در نظر گرفت. بیشترین تعداد آلل مشاهده شده مربوط به جایگاه‌های McMA2 و OarCP26 با ۱۳ آلل و کمترین مربوط به جایگاه OarFCB304 با ۷ آلل بود. هم‌چنین بیشترین تعداد آلل مؤثرمربوط به جایگاه OarCP26 با ۱۰/۹ آلل و کمترین مربوط به جایگاه OarFCB304 با ۴/۷ آلل بود. با توجه به تعداد نمونهٔ مورد بررسی، مقادیر مذکور حاکی از چند شکلی بسیار زیاد جایگاه‌های مورد مطالعه می‌باشد. در میان ۲۵ ترکیب جایگاه–جمعیت، بیشترین و کمترین ارزش PIC به‌ترتیب مربوط به جایگاه OarCP26 در جمعیت سنجابی (۰/۸۵۹۵) و جایگاه OarFCB304 در جمعیت کردی خراسان (۰/۴۶۷۹) می‌باشد. مقایسه مقادیر PIC در سطح جمعیت‌ها به‌ازای تمامی جایگاه‌ها که حاکی از سطح تغییرپذیری در داخل هر جمعیت است، نشان داد که بیشترین تغییرپذیری مربوط به جمعیت کردی کردستان (PIC=۰/۷۹۵۵) و کمترین مقدار به جمعیت کردی خراسان (PIC=۰/۶۹۲۳) تعلق دارد.

زمان انشقاق بین دو جمعیت کردی ۴۴۵ سال به‌دست آمد که با شواهد تاریخی که زمانی حدود ۴۰۰ سال را ذکر می‌کنند (۲) همخوانی دارد. برای برآورد زمان انشقاق نیاز به نرخ تغییر تعداد تکرار ریزماهواره‌های مورد مطالعه (α) می‌باشد که در

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]

ابتدا از نرخ ریزماهواره‌های انسانی یعنی $۴/۵\times۱۰^{-۴}$ استفاده شد. سپس با استفاده از زمان محاسبه شده، نرخ جهش هر یک از جایگاه‌های مورد مطالعه به‌دست آورده شد که در جایگاه OarFCB304 دقیقاً همان مقداری بود که ابتدا فرض شد ولی در سایر جایگاه‌ها دامنهٔ تفاوت وسیعی مشاهده شد.

سپاسگزاری

این تحقیق کار مشترکی بین گروه علوم دامی دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه تهران و بخش بیوتکنولوژی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور بود و تمامی کارهای آزمایشگاهی در آزمایشگاه ژنتیک مولکولی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور انجام شد. مؤلفین بر خود لازم می‌دانند از آقایان دکتر قره یاضی و دکتر دولتی که در زمینهٔ فراگیری تکنیک‌های مربوطه همکاری فرمودند و نیز از همراهی و همکاری تمامی دوستان و همکاران در آزمایشگاه بخش بیوتکنولوژی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور تشکر نمایند. هم‌چنین از خانم دکتر Naoko Takezaki به‌خاطر ارسال نرم افزار POPTREE سپاسگزاریم.

منابع مورد استفاده

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.

۲. رسولی، س. ح. و ع. م. محمودی. ۱۳۷۸. گله داری و پرورش بز مرخز در استان کردستان. معاونت امور دام استان کردستان، ص۱۵-۲۰.

۳. طاهری یگانه، الف. ۱۳۷۶. بررسی تنوع ژنتیکی سیستم‌های مارکری Tf، OPA، Gc در بعضی از گوسفندان بومی ایران و کاربرد آنها در آزمون رد اعقاب. پایان‌نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران.

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

5. Arranz, J. J., Y. Bayon and F. San Primitivo. 2001. Differentiation among spanish sheep breeds using microsatellites. Geneti Selection and Evol. 33: 529-542.
6. Bancroft D.R., J.m. Pemberton and P. King. 1995. Extensive protein and microsatellite variability in an isolated, cyclic unregulate population. Heredity 74: 326-336.
7. Barker, J.S.F. 1999. Conversation of livestock breed diversity. Anim. Genet. Resour. Inform. 25: 33-43.
8. Buchanan, F.C. and A.M. Crawford. 1993. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. Anim. Genet. 24: 145.
9. Buchanan, F.C. and T.D.Thue. 1998. Intrabreed polymorphic information content of microsatellites in cattle and sheep. Can. J. Anim. Sci. 78: 425-428.
10. 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. Genom. 22: 397-403.
11. Bunch, T.D. and W.C. Foote. 1976. Chromosomes, hemoglobins, and transferins of Iranian donestic sheep. The J. Heredity 67: 167-170.
12. Crawford, A.M., K.G. Dodds, A.J. Ede, C.A. Pierson, G.W. Montgomery, H.G. Garmonsway, A.E. Geattie, K. Davies, J.F. Maddox, S.W. Kappes, R.T. Stone, T.C. Nguyen, J.M. Penty. E.A. Lord, J.E. Broom, J. Buitkamp, W. Schwaiger, J.T. Epplen, P. Matthew, M.E. Matthews, D.J. Hulme, K.J. Beh, R.A. McGraw and C.W. Beattie. 1995. An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. Genetics 140: 703-724.
13. Diez-Tascon, C., R.P. Littlejohn, P.A.R. Almeida and A.M. Crawford. 2000. Genetic variation within the merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. Animal Genetics 31: 243-251.
14. Ede, A.J., C.A. Pierson and A.M. Crawford. 1995. Ovine microsatellites at the OarCP9, OarCP16, OarCP20, OarCP21, OarCP23 and OarCP26 loci. Anim. Genet. 26: 129-131.
15. Ede, A.J. C.A., Pierson, H. Henry and A.M. Crawford. 1994. Ovine microsatellites at the OarAE64, OarCP16, OarHH22, OarHH56, OarHH62 and OarVH4 loci. Anim. Genet. 25: 51-52.
16. Farid, A., E. O`Reilly, C. Dollard and Jr. C.R. Kelsey. 2000. Genetic analysis of ten sheep breeds using

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]

microsatellite markers. Can. J. Anim. Sci. 80: 9-17.
17. Goldstein, D.B. and C. Schlotterer. 1999 Microsatellites, evolution and applications, First edition. Oxford University Press, New York.
18. Hedrick, P. W. 1999. Genetic of populations, 2nd ed., Jones and Bartlett Pub., Sudbury, MA, USA.
19. Maddox, J.F., C.D. Riffkin and K.J. Beh. 2000. Dinucleotide repeat polymorphism at the ovine McMA1, McMA2, McMA5, McMA8, McMA9, McMA11, McMA14, McMA20, McMA24, McMA26 loci. Anim. Genet. 31: 148-149.
20. Maddox, J.F., K.P. Davis, A.M. Crawford, D.J. Hulme, D. Viaman, E.O. Cribw, B.A. Ferking, K.J. Beh, N. Kang, C.D. Riffkin, S.S. Moore, K.G. Odds, J.M. Lumsden. 2001. An enhanced linkage map of the sheep genome comprising more than 1000 loci. Genome Res. 11(1): 1275-1289.
21. Miller, S.A., D.D. Dykes and H.F. Polesky. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res. 16: 1215.
22. Minch, E., A. Ruiz-Linares, D.B. Goldstein, M.W. Feldman and L.L. Cavalli-Sforza. 1995. Microsat (Version 1.5d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data. http://www.lotka.stanford.edu/microsat.html.
23. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89: 583-590.
24. Nei, M., F. Tajima and Y. Tateno. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. J. Molecular Evol.19: 153-170.
25. Ott, J. 1989. Program HET Version 1.10 . Utility programs for analysis of genetic linkage. Rockefeller University. New York, NY, USA. ftp://linkage.rockefeller.edu/software/utilities/.
26. Stahlberger-Saitbekova, N., J. Schlapfer, G. Dolf and C. Gaillard. 2001. Genetic relationships in swiss sheep breeds based on microsatellite analysis. J. Anim. Breeding and Genetics 118: 379-387.
27. Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biol. and Evol. 4: 406-425.
28. Sanguinetti, C.J., E.D. Neto and A.J.G. Simpson. 1994. Rapid silver staining and recovery of PCR product separated on polyacrylamide gels. Biotech. 17: 915-919.
29. Swarbrick, P.A., F.C. Buchanan and A.M. Crawford. 1991. Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF64 locus. Animal Genetics 22: 375-376.
30. Takezaki, N. and M. Nei. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genet. 144: 389-399.
31. Takezaki, N. 2000. POPTREE: Population tree construction. University of advanced studies. Hayama, Kanagawa, Japan.
32. Weir, B.S. 1996. Genetic Data Analysis II. 2nd ed., Sinauer Associates. Sunderland, MA, USA.
33. 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.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.4.37.3]