



Original Research Paper

Estimation of Diversity Structure, Genetic Bottleneck of Three Iraqi Sheep Breeds using Microsatellite Markers

Hayder Raheem Alnajm ¹, Sadegh Alijani ², Arash Javanmard ^{2*}, Seyed Abbas Rafat ², Karim Hasanpur ²

¹ Department of Animal Production Techniques, Al-Musaib Technical College, Al-Furat Al-Awsat Technical University, Babylon, Iraq

² Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

Key Words

Genetic diversity
Microsatellite markers
Native Iraqi sheep
Bottleneck genetics

Abstract

Introduction: The aim of the present study was to estimate the molecular characteristics, structure, genetic diversity and genetic bottlenecks in the three sheep populations native to Iraq (Awassi, Naaimi, and Arabi).

Materials & Methods: For this purpose, 12 microsatellite loci with chromosomal distribution distributions (1, 2, 5, 9 and 14) were used according to the recommendations of FAO and the International Society for Animal Genetics (ISAG). Sixty samples of whole animal blood (both sex) were randomly collected from the relevant populations in Karbala, Najaf and Babel provinces. The genomic DNA extraction, quality and quantity, preparation of PCR, electrophoresis photography was done accordingly based on standard available methods. After observation of raw genotype per investigated loci, allele binning was done for minimizing genotyping errors. More than 9 types of molecular statistical indices (allele frequencies, observed and effective number of alleles, observed and expected heterozygosity, PIC, Wright coefficient, Shannon index, F-statistical indices, genetic distance and the bottleneck) Checked out.

Result: The results were presented in two parts: evaluation of microsatellite loci utility and evaluation of genetic diversity within and between the population. The results of the first part showed that the highest polymorphism was observed in OarFCB226 and TGLA13 markers and the rest had the lowest polymorphism. The results of the second part showed that the Awaasi and Arabi breed have the highest and lowest diversity, respectively.

Conclusion: The highest genetic distance was between Arabi and Naaimi breeds and the smallest was between Naaimi and Awassi breeds. Furthermore, bottleneck L-Shape curve showed that the studied populations are in a genetic predicament.

* Corresponding Author's email: a.javanmard@tabrizu.ac.ir

Received: 27 June 2020; Reviewed: 7 September 2020; Revised: 11 October 2020; Accepted: 15 November 2020

(DOI): [10.22034/AEJ.2020.249143.2355](https://doi.org/10.22034/AEJ.2020.249143.2355)

مقاله پژوهشی

تخمین ساختار تنوع، تنگنای ژنتیکی سه جمعیت گوسفند بومی کشور عراق با استفاده از نشانگرهای میکروساتلایت

حیدر رحیم النجم^۱، صادق علیجانی^۲، آرش جوانمرد^{۲*}، سیدعباس رافت^۲، کریم حسنیپور^۲

^۱گروه فن‌آورهای پرورش دام، دانشکده فنی‌المسیب، دانشگاه فنی‌الفرات الاوسط، بابل، عراق

^۲گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

چکیده

کلمات کلیدی

تنوع ژنتیکی
نشانگر میکروساتلایت
گوسفند بومی عراقی
تنگنای ژنتیکی

مقدمه: هدف از پژوهش حاضر، تخمین شاخص‌های مولکولی، ساختار ژنتیکی، تنوع و تنگنای ژنتیکی در سه جمعیت گوسفند بومی عراق (عواسی، نعیمی و عراقی) می‌باشد.

مواد و روش‌ها: بدین منظور، از تعداد ۱۲ جایگاه میکروساتلایت با توزیع استقرار کروموزومی (۱، ۲، ۵، ۹ و ۱۴) و طبق توصیه فانو و انجمن ژنتیک جهانی استفاده شد. تعداد ۶۰ نمونه خون کامل حیوان (نر و ماده) به صورت تصادفی از جمعیت‌های مربوطه در استان‌های کربلا، نجف و بابل تهیه شد. استخراج DNA، تعیین کمیت و کیفیت، واکنش زنجیره پلی‌مراز و الکتروفورز و عکس‌برداری با روش‌های متداول رایج انجام شد. از روش Allele Binning نیز برای تصحیح ژنوتیپ‌ها و به‌حداقل رساندن خطای قرائت ژنوتیپ استفاده شد. تعداد بیش از ۹ نوع شاخص آماری مولکولی (فروانی الی، تعداد آلل‌های مشاهده شده و مورد انتظار، هتروزایگوستی مشاهده شده و مورد انتظار، محتوای چندشکلی، ضریب راییت، شاخص شانون، شاخص‌های آماره F و فاصله ژنتیکی و وضعیت باتلنگ) بررسی شد.

نتایج: نتایج در دو بخش بررسی مطلوبیت جایگاه میکروساتلایت و ارزیابی تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیتی ارائه شد. نتایج بخش اول نشان داد که بیش‌ترین پلی‌مورفیسم در نشانگرهای OarFCB ۲۲۶ و TGLA ۱۳ و بقیه کم‌ترین پلی‌مورفیسم را ایجاد می‌کند. نتایج بخش دوم نشان داد که به ترتیب نژاد عواسی و عراقی بیش‌ترین و کم‌ترین تنوع را دارد.

نتیجه‌گیری و بحث: بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین دو نژاد عراقی و نعیمی و کم‌ترین بین نعیمی و عواسی بود. منحنی L-Shape باتلنگ نشان داد که جمعیت‌های مورد مطالعه در تنگنای ژنتیکی قرار دارند.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: a.javanmard@tabrizu.ac.ir

تاریخ دریافت: ۷ تیر ۱۳۹۹؛ تاریخ داوری: ۱۷ شهریور ۱۳۹۹؛ تاریخ اصلاح: ۲۰ مهر ۱۳۹۹؛ تاریخ پذیرش: ۲۵ آبان ۱۳۹۹

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.249143.2355

مقدمه

با وجود به این محدودیت‌های، پژوهشی حاضر متمرکز ارزیابی تنوع از طریق نشانگرهای DNA میکروساتلایت شد که هنوز قدرت خوبی برای شناسایی رفتارهای ژنوم و توزیع اللی در سطح ژنوم دارد. میکروساتلایت‌های در واقع موتیف‌های خاص با توزیع یکنواخت در کروموزوم‌های پستانداران است که طبیعت هم‌بارز دارد و تعداد پلی مورفیسم آن بالاست و در مناطق غیرکدشونده بیش‌تر متمرکز است. از این روش برای خیلی از مطالعات گسترده در آزمون انساب، تنوع ژنتیکی، QTL، مقاومت ژنتیکی و تایید دو رگ‌گیری در گذشته نه چندان دور استفاده شده است. نقشه ژنتیکی گوسفند شامل تعداد کروموزوم ۲۷ و تعداد کل نشانگر ۵۱۹ که ۵۰۴ میکروساتلایت بوده، در فاصله حدود ۳۰۶۳ سانتی مورگان از ژنوم گوسفند اشغال کرده‌است (Maurico و همکاران، ۱۹۹۷). جمع‌بندی مطالعات پیشین در تنوع ژنتیکی گوسفند تعدد استفاده محققان را نشان می‌دهد که این نشانگر تا حدودی توانسته تخمین تقریبی از تنوع را با شاخص‌های مولکولی که ایجاد می‌کند برآورد کند و براساس نتایج آن می‌توان راهکار اصلاحی را برای احیا جمعیت یا کاهش هم‌خونی و افزایش غیرخویشاوندی (هتروزیگوت) داشت (Sheriff و Alemayehu، ۲۰۱۷). پرورش گوسفند در عراق یک بخش مهم از دامپروری می‌باشد، به طوری که این بخش به‌میزان قابل توجهی در آسایش زندگی و رفاه ساکنان روستاها دخیل است. تعداد گوسفندان براساس نتایج ملی بررسی دام‌های عراق در سال ۲۰۱۸، ۶۵۰۱۵۸۳ میلیون می‌باشد (FAO، ۲۰۱۸). نژادهای محلی عراق عبارتند از: عواسی، حمدانی، عراقی، کردی و نعیمی هستند. گوسفندان محلی عراق در شرایط با شرایط سنتی پرورش می‌یابد و در مناطق مختلف دارای تفاوت‌های ظاهری است. علی‌رغم این‌که این گوسفندان را با رشد پایین، باروری پایین و تولید کم شیر می‌شناسند، لیکن توانایی‌شان برای بقا و تولیدمثل تحت شرایط خشکسالی و تغییرات شدید آب و هوایی چشمگیر است (Hilali و Iniguez، ۲۰۰۹).

گوسفند در زبان اوستا به معنی حیوان مقدس است. از لحاظ قدمت اهلی شدن و از لحاظ منشأ منطقه عراق حائز اهمیت است (Juma و Alkass، ۲۰۰۵). در دنیا حدود ۹۲۰ نژاد گوسفند شناخته شده است و به‌علت دلایل مذهبی و فرهنگی گوشت آن در سفره هر وعده مردم می‌باشد و به نوعی امنیت غذایی و تولید گوشت به پرورش این حیوان وابسته است (FAO، ۲۰۱۴). لذا، روش‌های که بتواند به تولید اقتصادی آن کشور کمک کند و خودکفائی را به ارمغان آورد در راس تحقیقات وزارت کشاورزی قرار دارد (Ministry of Planning، ۲۰۱۶). در حال حاضر، در روستاهای هیچ برنامه مدون و علمی در کنترل آمیزش‌ها وجود ندارد و نگهداری دام‌ها توسط روستائیان در حد رفع نیازهای خانواده و پذیرائی از مهمانان است (Al-Rawi و همکاران، ۱۹۹۶). با توجه به این مسئله، ایجاد برنامه مدون و علمی و ایجاد هسته‌های باز و بسته در منطقه می‌تواند یک برنامه فوری و راهکار برای شروع فعالیت‌های اصلاح نژادی باشد. برای ایجاد هسته اصلاحی از حیواناتی که هیچ رکورد تولیدی و اطلاعات روابط خویشاوندی و شجره وجود ندارد، کاری سهل‌الوصول نمی‌تواند باشد. لذا، فناوری‌های مولکولی و بیوتکنولوژی می‌تواند در قدم اول تخمین تقریبی از شاخص‌های ساختار جمعیتی را برای اصلاح‌گران فراهم آورد (Bichard و همکاران، ۱۹۷۳). در این راستا، خوشبختانه پیشرفت‌های اخیر در تکنولوژی‌های توالی‌یابی و ظهور فناوری‌های توالی‌یابی کل ژنوم و مطالعات پویش کل ژنوم و بیدایش اسنپ چیپ‌های مختلف کار را برای شروع هر فعالیت اصلاح نژادی به‌نظر آسان می‌کند (Amaral و همکاران، ۲۰۰۹). اما، برای کشوری که تجربه جنگ، خسارات‌های زیادی به امکانات زیر بنائی و انسانی وارد نموده است، رفتن به سراغ تکنولوژی‌های گران با توجه به اولویت در تخصیص منابع مالی کاری منطقی به‌نظر نمی‌رسد.



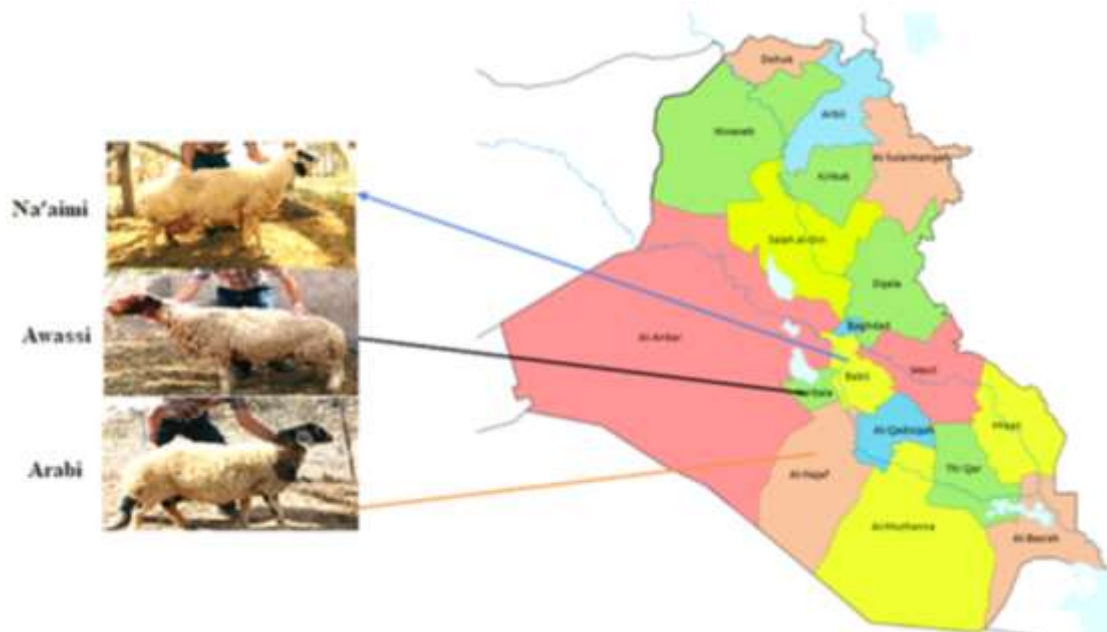
شکل ۱: فنوتیپ نژادهای بومی گوسفند عراق مورد بررسی در این مطالعه (A) عواسی، (B) نعیمی و (C) عراقی

بدن قوچ‌های حدود ۵۲/۵ کیلوگرم است و میش‌های بالغ به‌طور متوسط حدود ۳۸ کیلوگرم وزن شیر تولید ۴/۵۲ کیلوگرم دارند. نژاد گوسفند عربی گوشتی است (Ayied و همکاران، ۲۰۱۱). هدف از پژوهش حاضر مطالعه ساختار جمعیتی شاخص‌های مولکولی تنوع ژنتیکی و تنگنای ژنتیکی سه نژاد عراقی (عواسی، عربی و نعیمی) گوسفند می‌باشد.

مواد و روش‌ها

حیوانات: به‌منظور انجام مراحل اجرای پژوهش حاضر، برای مطالعه تنوع ژنتیکی در مجموع ۶۰ (نر و ماده) راس گوسفند مربوط به ۳ نژاد عراقی (عواسی، عربی و نعیمی) از گله‌های مردمی در استان‌های کربلا، بابل و نجف مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۲). در ابتدا، با بررسی پراکنش و توزیع جغرافیایی حیوانات که نژادهای گوسفند مراجعه حضوری به روستاهای انجام شد و نمونه‌گیری از جمعیت گوسفندان مردمی، به‌طور تصادفی انجام شده در هنگام نمونه‌برداری نام مالک، محل نمونه‌گیری و طول و عرض جغرافیایی ثبت دقیق گردید.

نژاد عواسی (شکل ۱(A)) بیش‌تر در بخش مرکزی عراق وجود دارد و تعداد کمی هم در شمال و جنوب عراق نگهداری می‌شود. گوسفندان عواسی که ۴۰٪ از جمعیت گوسفندان بومی را تشکیل می‌دهند. برای تولید شیر، گوشت و پشم مورد استفاده قرار می‌گیرند. رنگ این اکوتیپ عمدتاً سفید با صورت قرمز یا قهوه‌ای است. میانگین تولید شیر گوسفند عواسی ۱۲۵ کیلوگرم است، متوسط وزن بدن یک قوچ بالغ ۷۵ کیلوگرم و یک ماده بالغ (میش) ۵۵ کیلوگرم است. وزن پشم گوسفند ۲ کیلوگرم می‌باشد (Tabbaa و همکاران، ۲۰۰۹). نژاد نعیمی (شکل ۱(B)) در مرکز و شمال عراق توزیع شده است. این نژاد شبیه نژاد عواسی است ولی اندازه آن‌ها کوچک‌تر است و توانایی تحمل بیش‌تری نسبت به کمبود خوراک و آب دارند. میانگین تولید شیر ۵۰ کیلوگرم و میانگین وزن بدن قوچ و میش به‌ترتیب ۵۵-۵۰ و ۴۵-۴۰ کیلوگرم است (Al-Mourrani و همکاران، ۱۹۸۰). گوسفندان عربی (شکل ۱(C)) بیش‌تر در مرکز و جنوب عراق یافت می‌شود. حیوانات با جثه متوسط و از نظر رنگ سفید هستند، اما برخی از آن‌ها با رنگ سیاه، قهوه‌ای و سیاه و قهوه‌ای نیز دیده می‌شوند. سر آن‌ها معمولاً سفید است، اما هم‌چنین می‌تواند سیاه یا قهوه‌ای باشد. میانگین وزن



شکل ۲: نقشه عراق با توزیع جغرافیایی نژادهای گوسفند مورد مطالعه

بیوتکنوژی کشاورزی شمال غرب آزمایشگاه ژنومیکس انجام شد. تعداد ۱۲ جایگاه میکروساتلایت در این تحقیق استفاده شد که مشخصات و منبع آن‌ها در (جدول ۱) ارائه شده‌است. PCR (شرکت بیومتری آلمان) با استفاده از برنامه تاج‌دان با شیب حرارتی دمای اتصال از ۶۵-۵۵ و ثابت نگه‌داشتن ۲۵ سیکل در ۵۵ (زمان ۴۵ ثانیه برای هر سیکل) بهینه‌سازی شد برای اجزاء واکنش از کیت مستر میکس شرکت

مطالعه مولکولی: با استفاده از لوله خونگیری حاوی ماده ضد انعقاد ۵ میلی‌لیتری خون کامل گرفته شد و نمونه‌های در فلاسک یخ ۴ درجه سانتی‌گراد نگهداری و به ایران آزمایشگاه اصلاح مولکولی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز منتقل و در فریز ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. استخراج DNA به‌روش (صمدی‌شمس و همکاران، ۲۰۱۱) و تعیین کمیت و کیفیت DNA توسط نانو دارپ در پژوهشکده

آنالیز هدف گذاری شده : ۱- آنالیز فراوانی آلی جایگاه (کنترل کیفیت جایگاه‌های مورد مطالعه). ۲- آنالیز تنوع ژنتیکی (تنوع داخل نژادی، تنوع بین نژادی). از نرم‌افزار مبدل موجود CREATE برای تبدیل داده‌های خام به ساختار ورودی نرم‌افزارهای دیگر مولکولی استفاده شد. به این منظور از نرم‌افزارهای آنالیزهای مولکولی POPGEN، GENALEX، ARELQUINE، STRUCTUR (مبتنی بر روش‌های بی‌زی) و BOTTLENECK برای محاسبه شاخص‌های مولکولی تعداد الل مشاهده شده و مورد انتظار، میزان هتروزیگوستی، شاخص شانون، محتوای اطلاعاتی چندشکلی، فاصله ژنتیکی، تنگنای ژنتیکی و شاخص‌های FIS، FIT و FST و تجزیه واریانس مولکولی استفاده می‌شوند.

دانمارکی (نمایندگی شرکت پیشگام)، برای الکتروفورز (شرکت اختریان مشهد) از ژل اگارز متافور (Metaphor) ۶٪ و برای رنگ‌آمیزی از اتیدیوم بروماید استفاده شد. سایز مارکر مورد استفاده از Ladder bp ۲۵ شرکت (Life bioscience) با ۱۰ باند تولیدی از ۵۰-۷۵۵ bp دامنه باندی بود.

تجزیه و تحلیل آماری: پس از رنگ‌آمیزی و عکس‌برداری از هر دو روش تخمین چشمی و تخمین دامنه باند با استفاده از نرم‌افزار UVDOLC استفاده شده و ژنوتیپ‌ها در نرم‌افزار EXCLE ذخیره شدند. پس از آن از روش‌های Allele Binning برای تصحیح ژنوتیپ‌های و به حداقل رساندن خطای قرائت ژنوتیپ استفاده شد و سپس دو نوع

جدول ۱: مشخصات نشانگرهای میکروساتلایت انتخاب شده در تحقیق حاضر

منبع	دمای اتصال (سانتی‌گراد)	توالی آغازگرها (5'-3')	موقعیت کروموزومی
(Kappes و همکاران، ۱۹۹۷)	۵۶	F: AATCCAGTGTGTGAAAAGACTAATCCAG R:GTAGATCAAGATATAGAATATTTTCAACAC	OARAE129 (۵)
(Brezinsky و همکاران، ۱۹۹۳)	۵۰	F: GCTTGCTACATGGAAAAGTGC R:CTAAAATGCAGAGCCCTACC	ILSTS011 (۹)
(Vaimand و همکاران، ۱۹۹۲)	۵۶	F: ATTTGCACAAGCTAAAATCTAACC R:AAACCACAGAAATGCTTGAAG	INRA063 (۱۴)
(Maddox و همکاران، ۲۰۰۱)	۵۸	F: GTCCATTGCCTCAAATCAATTC R:AAACCCTTGACTACTCCCAA	McM527 (۵)
(Buchanaen و همکاران، ۱۹۹۴)	۶۳	F: AAATGTGTTTAAAGATTCCATACAGTG R:GGAAAACCCCATATATACCTATAC	OarFCB20 (۲)
(Buchanaen و همکاران، ۱۹۹۴)	۵۶	F: CTATATGTTGCCCTTTCCTTCCTGC R:GTGAGTCCCATAGAGCATAAGCTC	OARFCB226 (۲)
(Maddox و همکاران، ۲۰۰۱)	۵۰	F: TACAGTCCATGGGGTCACAAGA R:TCTGAATCTACTCCCTCCTCAGAGC	MCM064 (۲)
(GeorgesM و Massey، ۱۹۹۲)	۵۵	F: GTT GAC TTG TTA ATC ACT GAC AGC C R: CCT TAG ACA CAC GTG AAG TCC AC	TGLA137 (۵)
(Bishop و همکاران، ۱۹۹۴)	۵۵	F: CGAGTTTCTTTCCTCGTGGTAGGC R: GCTCGGCACATCTTCTTAGCAAC	INRA011 (۱)
(Bishop و همکاران، ۱۹۹۴)	۵۵	F: AGTCTACGTGGTGTACACGTGG R:TGCGGCCTGCCGTTTGTGAG	RM32 (۲)
(GeorgesM و Massey، ۱۹۹۲)	۵۹	F: CATTAAATATACATATATGACTATGTGCC R:GAGCCTCTTTTTACTTGTGCTCC	TGLA13 (۲)
(Bishop و همکاران، ۱۹۹۴)	۶۱	F: AGCCTTTTGTAGGTGTTTCATTG R: ATGGGGTTGCAAAGAGTCAG	BMI853 (۵)

نتایج

تعداد الل‌های مشاهده شده (Na)، تعداد الل‌های مورد انتظار (Ne)، نیز مقادیر هتروزیگوستی مشاهده شده (Ho) و مورد انتظار (He) برای ترکیبات مختلف میکروساتلایت در جدول ۳ نشان داده شده است. جایگاه TGLA137 در نژادهای عواسی و نعیمی و نیز جایگاه OarFCB20 در نژاد عربی مونومورف بودند. بیشترین تعداد الل مشاهده شده در جایگاه‌های OarFCB226 و TGLA13 و در نژادهای نعیمی و عواسی به ترتیب ۷ و ۶ می‌باشد و کمترین الل مشاهده شده مربوط به جایگاه‌های OarAH129، ILSTS011 و TGLA137 با تعداد الل ۲ می‌باشد. کمترین تعداد الل موثر متعلق به جایگاه

پس از تایید میکروساتلایت مورد نظر، الکتروفورز روی ژل اگارز متافور محصولات PCR انجام گرفت و سپس ژل‌ها رنگ‌آمیزی شدند. شکل ۳ نمونه‌های الگوهای باندی به دست آمده را برای جایگاه OarFCB226 در نژاد عواسی نشان می‌دهد (شماره‌های ۱-۱۶ و L نشانگر اندازه است). در مجموع ۴۷ الل در بین ۱۲ جایگاه میکروساتلایت برای همه نژادهای مورد مطالعه مشاهده شد که فراوانی اللی نشانگرهای انتخاب شده در جدول ۲ نشان داده شده است.

مناطق در این سه نژاد به ترتیب ۰/۵۵، ۰/۵۳ و ۰/۵۴ برای عواسی، نعیمی و عرابی به دست آمد. بیشترین هتروزایگوستی مشاهده شده در جایگاههای TGLA13، MCMC64 و ILSTS001 به میزان (۱/۰۰) و مربوط به نژادهای عواسی، نعیمی و عرابی می باشد و کمترین هتروزایگوستی مشاهده شده متعلق به جایگاههای INRA011 و RM32 دیده شده. بیشترین و کمترین هتروزایگوستی مورد انتظار برای همه نژادهای مورد مطالعه مربوط به جایگاههای میکروساتلایت ILSTS011 و OarAE129، OarFCB20 و TGLA13 به ترتیب می باشد.

ILSTS011 (۱/۳۰ آلل) در نژاد عرابی و بیشترین تعداد آلل موثر مربوط به جایگاه TGLA13 در نژادهای عواسی و نعیمی و به ترتیب ۵ و ۴/۴۹ بود. میانگین تعداد آلل های مشاهده شده متعلق به همه نژادهای عواسی، نعیمی و عرابی به ترتیب ۳/۵۸، ۳/۵۰ و ۳/۴۱ و مورد انتظار به ترتیب ۲/۶۲، ۲/۴۶ و ۲/۵۴ بود. متوسط مقدار هتروزایگوستی مشاهده شده (Ho) بالاتر از مقدار هتروزایگوستی مورد انتظار (He) برای نژاد نعیمی بود (جدول ۳). متوسط ارزش هتروزایگوستی مشاهده شده برای نژادهای عواسی، نعیمی و عرابی به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۵۵ و ۰/۴۸ بود. در حالی که، میانگین هتروزایگوستی مورد انتظار برای همه



شکل ۳: نمونه های از الگوهای به دست آمده، واکنش PCR جایگاه OarFCB226 در نژاد عواسی روی ژل آگارز متافور ۶ درصد

جدول ۲: فراوانی آللی در ۱۲ جایگاه میکروساتلایت

Allele							جایگاه
G	F	E	D	C	B	A	
				۰/۱۷۵	۰/۸۰۰	۰/۰۲۵	OarfCB20
					۰/۳۶۶	۰/۶۳۳	OarAE129
					۰/۳۰۴	۰/۶۵۱	ILSTS011
				۰/۰۷۱	۰/۹۲۸		TGLA137
			۰/۲۱۶	۰/۱۰۸	۰/۵۵۸	۰/۱۱۶	RM32
					۰/۴۴۸	۰/۵۵۱	MCMC527
			۰/۲۷۵	۰/۱۸۹	۰/۲۷۵	۰/۲۵۸	INRA011
۰/۱۰۰	۰/۱۰۰	۰/۱۰۰	۰/۰۷۵	۰/۰۱۰	۰/۰۶۶		INRA063
			۰/۴۱۶	۰/۰۶۶	۰/۰۵۸	۰/۴۵۸	BMI853
۰/۱۲۵	۰/۰۰۸	۰/۰۶۶	۰/۰۱۶	۰/۵۴۱	۰/۰۷۵	۰/۱۶۶	OarFCB226
۰/۱۰۸	۰/۳۴۱	۰/۲۵۸	۰/۱۹۱	۰/۱۰۰			MCMC64
۰/۱۷۵		۰/۱۵۸	۰/۱۶۶	۰/۲۸۳	۰/۰۰۸	۰/۲۰۸	TGLA13

کاهش یا افزایش فراوانی هتروزایگوستی مشاهده شده نسبت به مورد انتظار بوده و انعکاس دهنده سیستم آمیزشی (آمیزش تصادفی و غیر تصادفی) در آن است و مقدار منفی این شاخص در نژاد نشان دهنده زیادتیر بودن فراوانی هتروزایگوستی مشاهده شده نیست به مورد انتظار در داخل جمعیت و در نتیجه غیرهم خون بودن آن ها است. در جدول ۳ شاخص رایب در نشانگرهای میکروساتلایت مختلف ارائه شده است. میانگین Fis در نژادهای عواسی، نعیمی و عرابی به ترتیب (۰/۱۰، ۰/۰۴ و ۰/۱۰) بود.

میانگین شاخص اطلاعات شانون برای نژادهای عواسی، نعیمی و عرابی به ترتیب ۰/۹۷، ۰/۹۳ و ۰/۹۴ متغیر بود. بیشترین مقدار شاخص شانون از جایگاه TGLA13 (۱/۶۶۱) در نژاد عواسی و کمترین مقدار هم از جایگاه ILSTS011 (۰/۳۹۲) در نژاد عرابی بود (جدول ۴). در واقع این شاخص نشان دهنده مقدار تنوع و پراکندگی بین نشانگرهای مورد استفاده می کند که با در نظر گرفتن تعداد آلل های آن ها نتایج به دست آمده قابل ترجیح است. میانگین محتوای چندشکلی PIC (جدول ۴) برای هر سه جمعیت گوسفند ۰/۴۷ (عواسی)، (نعیمی) ۰/۴۵ و ۰/۴۶ (عرابی) بود. شاخص تثبیت رایب (Fis) در هر جمعیت نشان دهنده

جدول ۳: تعداد آل‌های مشاهده شده و مؤثر، هتروزیگوستی مشاهده شده و مورد انتظار برای گوسفندان عراقی

نژادهای عراق												جایگاه
عربی				نعیمی				عواسی				
H _e	H _o	N _e	N _a	H _e	H _o	N _e	N _a	H _e	H _o	N _e	N _a	
۰/۰۰	۰/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۴۰	۰/۵۵	۱/۶۶	۲/۰۰	۰/۴۸	۰/۴۰	۱/۹	۳/۰۰	OarfCB20
۰/۵۰	۰/۲۰	۱/۹۸	۲/۰۰	۰/۲۶	۰/۲۰	۱/۳۴	۲/۰۰	۰/۴۹	۰/۶۰	۱/۹۲	۲/۰۰	OarAE129
۰/۲۳	۰/۲۶	۱/۳۰	۲/۰۰	۰/۵۴	۱/۰۰	۲/۰۰	۲/۰۰	۰/۴۸	۰/۷۵	۱/۸۸	۲/۰۰	ILSTS011
۰/۳۸	۰/۰۰	۱/۶۰	۳/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	TGLA137
۰/۷۴	۰/۴۰	۳/۶۱	۴/۰۰	۰/۵۶	۰/۳۵	۲/۲۰	۴/۰۰	۰/۵۰	۰/۴۵	۱/۹۵	۴/۰۰	RM32
۰/۵۲	۰/۵۰	۱/۹۴	۲/۰۰	۰/۵۱	۰/۵۵	۱/۹۹	۲/۰۰	۰/۵۰	۰/۳۰	۱/۹۸	۲/۰۰	MCMC527
۰/۶۳	۰/۴۷	۲/۶۰	۴/۰۰	۰/۶۳	۰/۰۰	۲/۵۹	۳/۰۰	۰/۶۲	۰/۱۵	۲/۵۳	۴/۰۰	INRA011
۰/۶۷	۰/۵۰	۲/۹۵	۵/۰۰	۰/۶۷	۰/۵۰	۲/۸۹	۵/۰۰	۰/۷۵	۰/۶۰	۳/۷۲	۵/۰۰	INRA063
۰/۶۲	۰/۶۰	۲/۵۵	۴/۰۰	۰/۶۴	۰/۶۰	۲/۶۷	۴/۰۰	۰/۶۰	۰/۴۵	۲/۴۰	۴/۰۰	BM1853
۰/۶۷	۰/۹۰	۲/۹۴	۵/۰۰	۰/۶۵	۰/۸۵	۲/۷۹	۷/۰۰	۰/۶۴	۰/۸۵	۲/۶۶	۵/۰۰	OarfCB226
۰/۷۴	۱/۰۰	۳/۶۵	۵/۰۰	۰/۷۶	۱/۰۰	۳/۹۴	۵/۰۰	۰/۷۹	۰/۹۰	۴/۴۶	۵/۰۰	MCMC64
۰/۷۸	۱/۰۰	۴/۳۲	۵/۰۰	۰/۷۹	۱/۰۰	۴/۴۹	۵/۰۰	۰/۸۲	۱/۰۰	۵/۰۰	۶/۰۰	TGLA13
۰/۵۴	۰/۴۸	۲/۵۴	۳/۴۱	۰/۵۳	۰/۵۵	۲/۴۶	۳/۵۰	۰/۵۵	۰/۵۳	۲/۶۲	۳/۵۸	میانگین

تعداد آل‌های مشاهده شده (Na)، اثر تعداد آل‌ها (Ne)، هتروزیگوستی مشاهده شده (Ho) و هتروزیگوستی مورد انتظار (He)

جدول ۴: جزئیات مربوط به شاخص شانون (I)، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) و شاخص تثبیت (FIS)

نژادهای عراق										جایگاه
عربی			نعیمی			عواسی				
PIC	F _{IS}	I	PIC	F _{IS}	I	PIC	F _{IS}	I		
۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰۰	۰/۳۱	۰/۳۷	۰/۵۸۹	۰/۴۱	۰/۱۶	۰/۸۰۱	OarfCB20	
۰/۳۷	۰/۵۹	۰/۶۸۸	۰/۲۲	۰/۲۱	۰/۴۴۳	۰/۳۶	۰/۲۵	۰/۶۷۳	OarAE129	
۰/۲۰	۰/۱۵	۰/۳۹۲	۰/۳۷	۰/۰۰	۰/۰۰۰	۰/۳۵	۰/۶۰	۰/۶۶۱	ILSTS011	
۰/۳۰	۱/۰۰	۰/۵۶۲	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۹۹۲	۰/۰۰	۰/۴۰	۰/۳۲۱	TGLA137	
۰/۶۷	۰/۴۴	۱/۳۳۴	۰/۴۹	۰/۳۵	۰/۶۹۱	۰/۴۳	۰/۰۷	۰/۸۸۷	RM32	
۰/۳۶	۰/۰۲	۰/۶۷۹	۰/۳۷	۰/۱۰	۱/۰۱۳	۰/۳۷	۰/۳۹	۰/۶۸۸	MCMC527	
۰/۵۶	۰/۲۳	۱/۱۴۲	۰/۵۳	۱/۰۰	۱/۲۵۷	۰/۵۴	۰/۷۵	۱/۱۰۸	INRA011	
۰/۶۰	۰/۲۴	۱/۲۶۵	۰/۵۹	۰/۲۳	۱/۱۰۷	۰/۶۸	۰/۱۷	۱/۴۳۸	INRA063	
۰/۵۲	۰/۰۱	۱/۰۶۷	۰/۵۵	۰/۰۴	۱/۳۷۳	۰/۵۰	۰/۲۳	۱/۰۱۲	BM1853	
۰/۶۲	۰/۳۶	۱/۳۱۶	۰/۶۴	۰/۳۲	۱/۴۶۸	۰/۵۷	۰/۳۶	۱/۲۱۰	OarfCB226	
۰/۶۸	۰/۳۷	۱/۴۱۷	۰/۷۰	۰/۳۴	۱/۵۵۷	۰/۷۳	۰/۱۵	۱/۵۴۶	MCMC64	
۰/۷۳	۰/۳۰	۱/۵۳۸	۰/۷۴	۰/۲۸	۰/۹۳۰	۰/۷۶	۰/۲۵	۱/۶۶۱	TGLA13	
۰/۴۶	۰/۴۹	۰/۹۴	۰/۴۵	۰/۰۴	۰/۹۳	۰/۴۷	۰/۰۱	۰/۹۷	میانگین	

محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)، ضریب هم‌خونی (FIS) و شاخص شانون (I)

کم‌ترین شاخص FIT به ترتیب ۰/۲۶ (TGLA13) و ۱/۰۰ (TGLA137) بود. در جدول ۶ ماتریس‌های فواصل ژنتیکی به دست آمده را برای هر دو معیار مورد نظر نشان می‌دهد. ماتریس فواصل مربوط به فاصله Ds دیده می‌شود. کم‌ترین فاصله ژنتیکی به ترتیب بین نژادهای نعیمی و عواسی (۰/۰۶۶۷) می‌باشد. بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین نژادهای عربی و نعیمی (۰/۱۴۱۳) می‌باشد.

شاخص‌های آماره F در جدول ۵ آورده شده است. نژادهای مورد مطالعه با میانگین ۰/۰۱، که نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی در کلیه افراد نژادهای کم است. بالاترین مقدار FIS دقیقاً ۱/۰۰ برای TGLA137 و کم‌ترین FIS برای TGLA13 ۰/۲۷- بود. مقادیر F_{ST} از ۰/۰۰۲ تا ۰/۰۵ (MCMC527) تا ۰/۱۷۸ (INRA011) متغیر بود. ارزش کلی ۰/۰۵ بود که نشان می‌دهد تقریباً ۷۵٪ از تنوع ژنتیکی بین نژادهای قابل توضیح است. ضریب هم‌خونی برای همه نژادهای (FIT) ۰/۰۶۵، بیش‌ترین و

جدول ۵: شاخص‌های تثبیت (FIT, FST, FIS) برای همه میکروساتلایت در نژادهای گوسفند عراق

چایگاه	F _{IS}	F _{IT}	F _{ST}
OarfCB20	-۰/۰۸۵	۰/۰۳۶	۰/۱۱۲
OarAE129	۰/۱۸۷	۰/۲۸۲	۰/۱۱۷
ILSTS011	-۰/۶۸۰	-۰/۵۰۶	۰/۱۰۳
TGLA137	۱/۰۰۰	۱/۰۰۰	۰/۱۸۱
RM32	۰/۳۱۷	۰/۳۵۰	۰/۰۴۸
MCMC527	۰/۰۸۷	۰/۰۸۹	۰/۰۰۲
INRA011	۰/۶۶۰	۰/۷۲۱	۰/۱۷۸
INRA063	۰/۲۱۸	۰/۲۲۳	۰/۰۰۵
BM1853	۰/۰۹۳	۰/۰۹۶	۰/۰۰۳
OarfCB226	-۰/۳۴۸	-۰/۳۲۷	۰/۰۱۵
MCMC64	-۰/۲۸۹	-۰/۲۷۵	۰/۰۱۱
TGLA13	-۰/۲۷۸	-۰/۲۶۱	۰/۰۱۳
میانگین	۰/۰۱۲	۰/۰۶۵	۰/۰۵۳

ضریب هم‌خونی درون جمعیت (FIS)، ضریب هم‌خونی کل جمعیت (FIT) و ضریب تمایز ژنتیکی بین جمعیت (FST).

تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) برای یافتن چگونگی توزیع واریانس انجام گردید. با توجه به جدول ۷ دیده می‌شود که حدود ۹۵/۶۲ درصد از واریانس کل توسط جزء واریانس بین نژادی و ۴/۳۸ درصد هم توسط جزء واریانس داخل نژادی قابل توجیه است.

جدول ۶: فاصله ژنتیکی و تشابه ژنتیکی

نژادها	عواسی	نعیمی	عرابی
عواسی		۰/۹۳۵۴	۰/۹۰۵۰
نعیمی	۰/۰۶۶۷		۰/۸۶۸۳
عرابی	۰/۰۹۹۸	۰/۱۴۱۳	

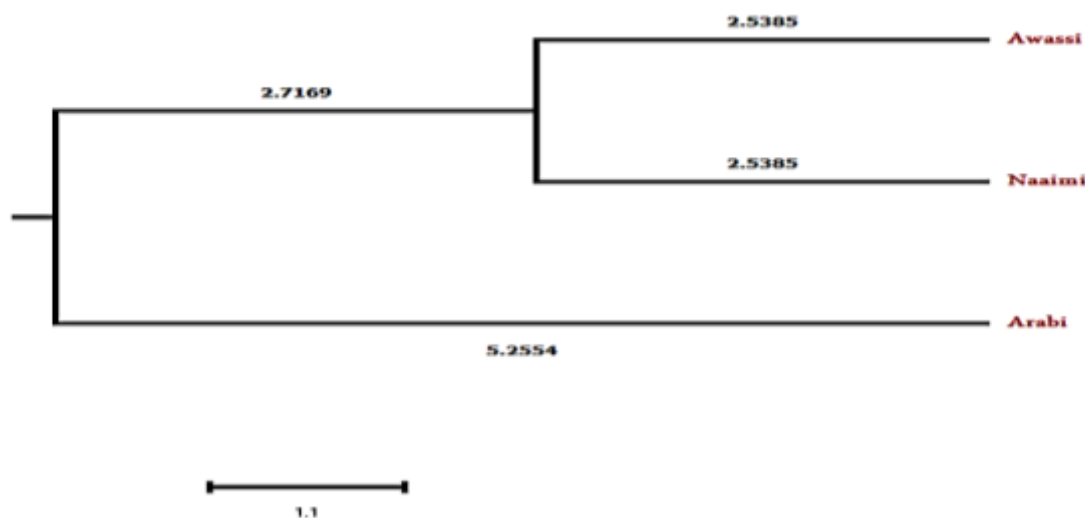
اعداد بالای قطر ضریب تشابه و اعداد پایین ضریب فاصله است

جدول ۷: تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) برای سه جمعیت گوسفند عراق

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	واریانس مورد انتظار	درصد
بین نژادها	۲	۱۶/۸۱۷	Va-۱/۱۲۶۰۳	۴/۳۸
داخل نژادها	۱۱۷	۳۴۷/۱۵۰	Vb۲/۹۶۷۰۹	۹۵/۶۲
کل	۱۱۹	۳۶۳/۹۶۷	۳/۱۰۳۱۲	۱۰۰

و بابل) و حضور آن‌ها در مناطق پراکنش یکدیگر، قابل در نظر است. از آن جایی که نژاد عرابی به‌عنوان یک گروه متفرق و کوچک در مناطق مورد مطالعه پرورش می‌کند که در یک خوشه قرار گیرد.

دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی Ds که به‌روش UPGMA تشکیل شدند (شکل ۴). همان‌طور که دیده می‌شود نژادهای عواسی و نعیمی در یک خوشه مشترک که با توجه به هم منشا بودن این جمعیت‌ها و هم‌چنین به‌واسطه مجاورت مناطق پراکنش آن‌ها (کربلا



شکل ۴: دندروگرام فاصله ژنتیکی بین نژادها را نشان می‌دهد

۰/۰۰۶۷۰ و ۰/۱۷۸۵۴ محاسبه شد که براساس آن می‌توان گفت باتلنک اتفاق نیافتاده است (جدول ۸).

در مطالعه حاضر تعداد مورد انتظار جایگاه‌های با افزایش میزان هتروزایگوسیتی با استفاده از مدل I.A.M و T.P.M به ترتیب ۵/۶۴ و ۵/۹۹ به دست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب

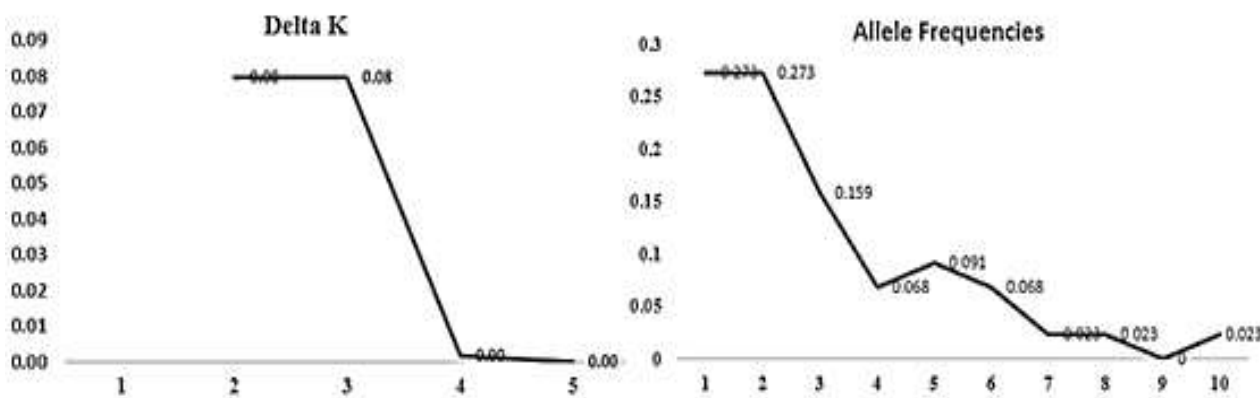
جدول ۸: آزمون فرض صفر با استفاده از سه مدل تکامل ریزماهوره‌ای

S.M.M	T.P.M	I.A.M	مدل	
۶/۰۸	۵/۹۹	۵/۶۴	مورد انتظار آزمون علامت	Sign test
۰/۱۹۴۲۵	۰/۱۷۸۵۴	۰/۰۰۶۷۰	سطح احتمال	
۱/۲۷۰	۲/۷۲۴	۳/۶۰۳	مورد انتظار آزمون تفاوت استاندارد	Test different Standardized
۰/۱۰۱۹۶	۰/۰۰۳۲۳	۰/۰۰۰۱۶	سطح احتمال	
			مورد انتظار آزمون ویلکاکسون	
۰/۱۳۹۱۶	۰/۰۰۳۴۲	۰/۰۰۱۲۲	سطح احتمال (بیش از حد هتروزایگوستی)	Wilcoxon
۰/۸۷۹۸۸	۰/۹۹۷۵۶	۰/۹۹۹۲۷	سطح احتمال (کمبود هتروزایگوستی)	

مدل آل بی‌نهایت (I.A.M)، مدل دو فاز (T.P.M) و مدل جهش مرحله‌ای (S.M.M)

فروانی آل هیچ تغییر حالت مشاهده نشده و یک منحنی نرمال (L-Shape) مشاهده شد (شکل ۵).

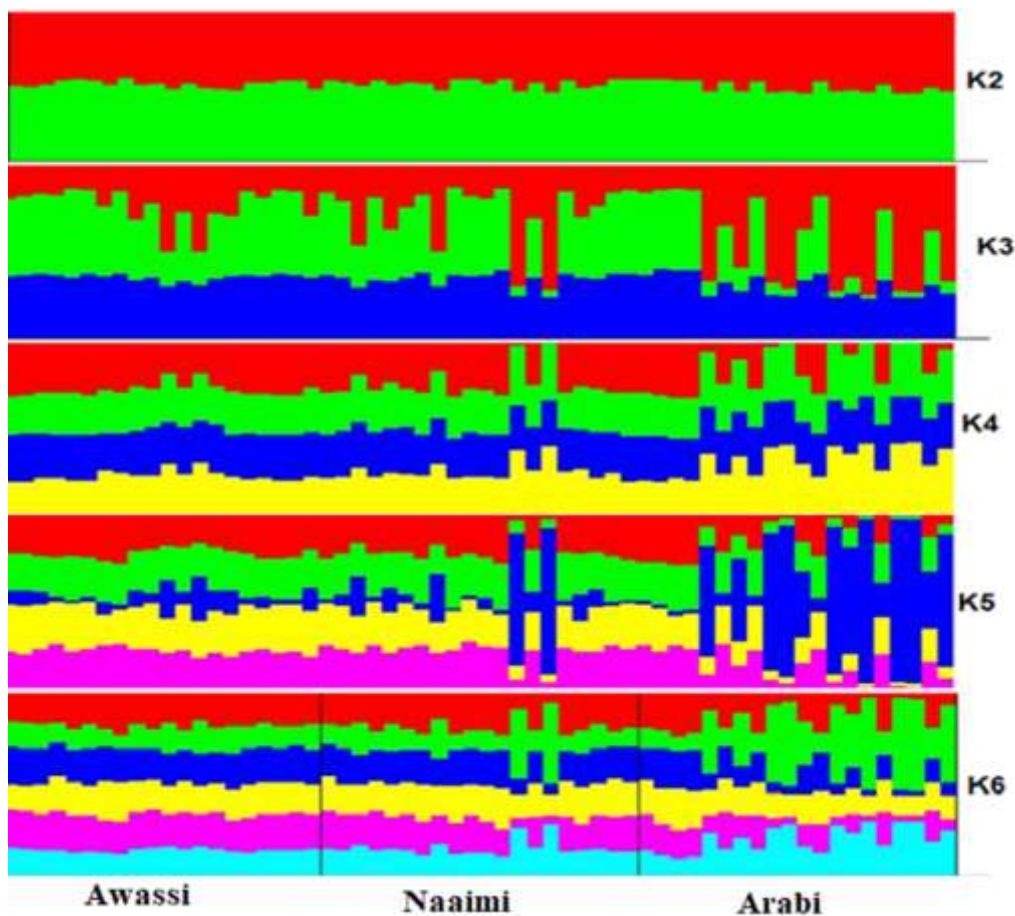
از آزمون شاخص تغییر حالت (Mode-shift) نیز به‌عنوان روش دوم برای شناسایی تنگناهای احتمالی استفاده شده است. آل‌های میکروساتلایت به ۱۰ کلاس فروانی آلی طبقه‌بندی شدند. در توزیع



شکل ۵: تجزیه و تحلیل تغییر حالت و مقادیر دلتا K از تجزیه و تحلیل ساختار نژادهای گوسفند عراق

تغییرات K در K=۳ به دست آمد. در K=3، نژادهای عوایی (۰/۵۱)، نعیمی (۰/۵۶) و عراقی (۰/۵۶) در یک خوشه سهیم بودند. در K=۳ از لحاظ ژنتیکی نیز فاصله کمتری در سطوح بالای خوشه‌بندی نشان داده‌اند.

بررسی ساختار نژادهای مورد مطالعه با استفاده از روش مبتنی بر مبدل (مبتنی بر استنباط بی‌زی) انجام شد. این نظریه که دقیقاً تعداد نژادها و همین‌طور جوامع برای نمونه‌های مورد بررسی معین نیست. براساس داده‌های میکروساتلایت بیش‌ترین میزان ΔK مقابل



شکل ۶: ساختارهای ژنتیکی سه جمعیت گوسفند برای K از ۲ تا ۶: "عواسی" از کر بلا، "نعیمی" از بابل و عربی از نجف

بحث

مورد انتظار برای همه نژادهای مورد مطالعه مربوط به جایگاه‌های میکروساتلایت به ترتیب برای TGLA13 و OarAE129، OarFCB20 و ILSTS011 می‌باشد. این نتایج نشان می‌دهد نسبت به نتایج مطالعه Jawasreh و همکاران (۲۰۱۸) در کشور اردن کم‌تر است. اندازه‌گیری شاخص شانون (I) برای اندازه‌گیری جایگاه‌های بسیار متغیر هم‌چون میکروساتلایت مفید می‌باشد (Shannon و Weaver، ۱۹۴۹). میانگین شاخص اطلاعات شانون برای نژادهای عواسی، نعیمی و عربی به ترتیب ۰/۹۷، ۰/۹۳ و ۰/۹۴ متغیر بود. بیش‌ترین مقدار شاخص شانون از آن جایگاه TGLA13 (۱/۶۶۱) در نژاد عواسی و کم‌ترین مقدار هم از آن جایگاه ILSTS011 (۰/۳۹۲) در نژاد عربی بود (جدول ۴). در واقع این شاخص نشان‌دهنده مقدار تنوع و پراکندگی بین نشانگرهای مورد استفاده می‌کند که با در نظر گرفتن تعداد الل‌های آن‌ها نتایج به‌دست آمده قابل توجیه است. نتایج به‌دست آمده توسط Hussain و همکاران (۲۰۱۸) نشان داده میانگین شاخص اطلاعات شانون برای نژادهای گوسفند بوجی و هشت‌نگری به ترتیب ۱/۰۷ و ۱/۰۳ متغیر بود. بیش‌ترین شاخص شانون برای نژادهای مورد مطالعه در جایگاه INRA32 و کم‌ترین

از معیارهای که جهت بررسی پلی‌مورفیسم یا چندشکلی در نظر می‌گیرند تعداد آلل مشاهده شده و مورد انتظار یک جایگاه در جمعیت است. این معیار به‌شدت تحت تاثیر اندازه نمونه است (Hedrick، ۱۹۹۵). در مطالعه نژاد گوسفند چوکلا (Chokla) در هند و با استفاده از ۱۸ نشانگر میکروساتلایت بیش‌ترین تعداد الل مشاهده شده در نشانگر میکروساتلایت FCB48 و با تعداد آلل ۱۳ و کم‌ترین تعداد آلل مشاهده شده در نشانگر میکروساتلایت FCB128 و با تعداد آلل ۴ بود. تعداد کل آلل‌ها ۱۴۸ آلل بود. این یک شاخص معقول از تغییرات ژنتیکی در جمعیت محسوب می‌شود اما مقدار تعداد آلل‌ها موثر از ۲/۴۸ مربوط به جایگاه BM757 تا ۸/۶۱ متعلق به جایگاه FCB48 و با میانگین ۵/۲ آلل متغیر بود (Gahlot و همکاران، ۲۰۱۸). میزان هتروزیگوسیتی معمول‌ترین معیار تنوع ژنتیکی در یک جمعیت می‌باشد که به‌صورت هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار گزارش می‌شود (Hedrick، ۱۹۹۵). در تحقیق اخیر، بیش‌ترین و کم‌ترین هتروزیگوسیتی

ژنتیکی نیز معمولاً کاهش می‌یابد و بسیاری از آلل‌ها از مخزن ژنی حذف می‌شوند و لذا فراوانی‌های ژنی دستخوش تغییر می‌شوند. در جمعیت‌های مبتلا به باتلنک، احتمال باقی ماندن ژن‌هایی با فراوانی بالاتر، بیش‌تر و هم‌چنین احتمال کاهش و عدم وجود ژن‌های نادر بسیار زیاد است و به‌دلیل ثبات آلل‌های کشنده و کاهش واریانس ژنتیکی روی مقاومت و سازگاری فرد تاثیر منفی می‌گذارد. ضمناً به‌دلیل کاهش اندازه موثر جمعیت، موتاسیون‌های مفید کم‌تری رخ می‌دهد و به سبب رانده شدن ژنی بسیاری از آلل‌های مفیدی که در اثر موتاسیون قبلاً ایجاد شده بود نیز حذف خواهند شد (MWER و همکاران، ۱۹۸۸)، لذا بسیاری از جمعیت‌های باتلنک یافته به این ترتیب منقرض شده و یا در معرض خطر انقراض قرار می‌گیرند. برای انجام آزمون باتلنک مدل T.P.M (جهش دو مرحله‌ای) که حد واسط دو مدل S.M.M (جهش مرحله‌ای) و I.A.M (آلل نامحدود) می‌باشد و نسبت به این دو مدل، برای میکروساتلازیت مناسب‌تر می‌باشد، پیشنهاد می‌گردد. برای تعیین معنی‌دار بودن یا نبودن تعداد جایگاه‌هایی که افزایش تنوع ژنتیکی دارند سه آزمون به‌کار گرفته شد. آزمون Sign test که از لحاظ آماری آزمون ضعیف شناخته می‌شود، آزمون Test different Standardized یا آزمون تفاوت‌های استاندارد شده که این آزمون به حداقل ۱۰ جایگاه چند شکل برای داشتن دقت بالا نیاز دارد و آزمون رتبه‌ای Wilcoxon (آزمون ناپارامتری) که نسبت به دو آزمون دیگر توانمندتر است، زیرا برای تعداد جایگاه کم و یا برای هر جمعیت با هر تعداد فرد می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد. در مطالعه حاضر تعداد مورد انتظار جایگاه‌های با افزایش میزان هتروزایگوسیتی با استفاده از مدل I.A.M و T.P.M به ترتیب ۵/۶۴ و ۵/۹۹ به‌دست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب ۰/۰۶۷ و ۰/۱۷۸۵۴ محاسبه شد که براساس آن می‌توان گفت باتلنک اتفاق نیافتاده است. از آزمون شاخص تغییر حالت (Mode-shift) نیز به‌عنوان روش دوم برای شناسایی تنگناهای احتمالی استفاده شده‌است، زیرا نژادهای غیرتنگنا که در نزدیکی تعادل جهش-رانس قرار دارند، انتظار می‌رود که دارای بخش بزرگی از آلل‌ها با فراوانی پایین باشند. آلل‌های میکروساتلازیت به ۱۰ کلاس فراوانی آلی طبقه‌بندی شدند. در توزیع فراوانی آلل هیچ تغییر حالت مشاهده نشده و یک منحنی نرمال (L-Shape) مشاهده شد (شکل ۵). این نتایج مشابه با تحقیق Surekha و همکاران (۲۰۱۸) است.

براساس داده‌های میکروساتلازیت و با استفاده از روش Evanno و همکاران (۲۰۰۵) نشان داد که بیش‌ترین میزان ΔK مقابل تغییرات K در $K=3$ به‌دست آمد که نشان می‌دهد نژادهایی در زیر جمعیت قرار دارند (شکل ۵). لذا دو پیمایش با افزوده شدن تعداد K از ۲ به ۶ جهت بررسی ساختار جمعیتی در نژادهای عراق مورد استفاده قرار

در جایگاه INRA032 داشته است. محتوای چندشکلی (PIC) در صورت بالا بودن مقادیر بالاتر از ۰/۵ به این معنی است نشانگرهای دارای محتوای اطلاعات زیاد در نظر می‌گیرند (Botstein و همکاران، ۱۹۸۰). محتوای اطلاعات چندشکلی یکی دیگر از شاخص‌های خوب کارایی نشانگر در مطالعات ژنتیکی است. میانگین محتوای چندشکلی PIC (جدول ۴) برای هر سه جمعیت گوسفند ۰/۴۷ (عواسی)، ۰/۴۵ (نعیمی) و ۰/۴۶ (عربی) بود. در مطالعه Yilmaz (۲۰۱۶) بر ۴ نژاد گوسفند ترکی و با استفاده از ۱۷ نشانگر میکروساتلازیت مقادیر PIC بین ۰/۶۸ و ۰/۹۱ مشاهده شد. مطابق با این یافته‌ها، به‌عنوان مقادیر PIC همه مکان‌های مورد استفاده در این مطالعه بسیار آموزنده بودند. میانگین Fis در نژادهای عواسی، نعیمی و عربی به ترتیب (۰/۱۰، ۰/۰۴ و ۰/۱۰) بود. در مطالعه Hristova و همکاران (۲۰۱۷) بر روی ۷ نژاد گوسفند بلغاری با استفاده از ۶ نشانگر میکروساتلازیت که مقادیر شاخص رایت در تمام نژادهای مورد بررسی متفاوت از ۰/۰۹۶ استاروزاگورسکا (Starozagorska) تا ۰/۳۰۰ الین-پیلینسکا (Elin-Pelinska) با میانگین ۰/۲۲۵ مشاهده شد که نشان‌دهنده خطر ابتلا به هم‌خونی است را گزارش کردند. بالاترین مقدار Fis دقیقاً ۱/۰۰ برای TGLA137 و کم‌ترین Fis برای TGLA13 ۰/۲۷- بود. مقادیر Fst از ۰/۰۰۲ و (MCMC527) تا ۰/۱۷۸ (INRA011) متغیر بود. ارزش کلی ۰/۰۵ بود که نشان می‌دهد تقریباً ۷۵٪ از تنوع ژنتیکی بین نژادهای قابل توضیح است. ضریب هم‌خونی برای همه نژادهای (Fit) ۰/۰۶۵، بیش‌ترین و کم‌ترین شاخص Fit به ترتیب ۰/۲۶- (TGLA13) و ۱/۰۰ (TGLA137) بود. Kovacs و همکاران (۲۰۱۹) در بررسی تنوع ژنتیکی ۳ نژاد گوسفند در مجارستان با استفاده از ۹ نشانگر میکروساتلازیت، نتایج آماره Fis، Fst، و Fit به ترتیب ۰/۱۸-، ۰/۰۴ و ۰/۱۳- درصد گزارش کردند. کم‌ترین فاصله ژنتیکی به ترتیب بین نژادهای نعیمی و عواسی (۰/۰۶۶۷) می‌باشد. بیش‌ترین فاصله ژنتیکی بین نژادهای عربی و نعیمی (۰/۱۴۱۳) می‌باشد. در مطالعه Aldona و Katarzyna (۲۰۱۱) بر نژادهای گوسفند لهستان با استفاده از ۹ میکروساتلازیت که مقدار کم فاصله ژنتیکی بین نژادهای گزارش کردند.

حدود ۹۵/۶۲ درصد از واریانس کل توسط جزء واریانس بین نژادی و ۴/۳۸ درصد هم توسط جزء واریانس داخل نژادی قابل توجیه است. Westhuizen و همکاران (۲۰۱۹) گزارش کرد که تنوع ژنتیکی بین نژادهای ۵/۶۳ درصد کل را تشکیل داد و باقی‌مانده آن ۹۴/۶۷ درصد منجر به تفاوت‌های بین افراد داخل نژادهای می‌شود.

باتلنک که به کاهش ناگهانی تعداد افراد جمعیت در اثر وقوع حوادث مختلف گفته می‌شود سبب تغییرات ژنتیکی در داخل و بین نژادی می‌شود. علایم افت هم‌خونی پس از کاهش اندازه جمعیت موثر موجب افزایش آمیزش خویشاوندی در جمعیت پدیدار می‌شود. واریانس

از تعیین ژنوتیپ‌های این حیوان می‌توان شاخص‌های را ایجاد کرد که به تصمیم‌گیری براساس انتخاب برترین والدین با حداکثر فاصله ژنتیکی (غیرخویشاوندی) برای ایجاد آمیخته‌گری (Out Breeding) داخل و بین نژادی کمک می‌کند. به طوری که با دیدن شاخص‌های مورد مطالعه می‌توان به وضعیت خوب و بد گله اولیه از لحاظ دنیامیک تولیدمثل و باروری و عدم هم‌خونی پی برد. یکی از راه‌های اصلاح نژاد گوسفند ایجاد هسته‌های باز و بسته در سطح منطقه و تبادل ژن‌ها و آزمون نتایج برای قوچ‌های برتر و کاندیدی می‌باشد.

در زمانی که اطلاعات رکورد تولیدی و تولیدمثلی و روابط بین افراد معلوم نباشد انجام اصلاح نژاد گوسفند با استفاده از مدل‌های کلاسیک اصلاح نژادی امکان‌پذیر نمی‌باشد. مارکرهای مولکولی به‌عنوان یک ابزار در جمعیت با مشخصات ناشناخته برای شناسایی تنوع موجود بین والدین، روابط بین افراد و تست والدین و تشکیل شجره و برآورد میزان هم‌خونی مفید می‌باشد.

تشکر و قدردانی

از مسئولین محترم حرم مطهر امام حسین علیه السلام و جهاد کشاورزی در شهرهای بابل و نجف به دلیل همکاری‌های و کمک‌های این تحقیق کمال تشکر و قدردانی به عمل می‌آید.

منابع

1. Aldona, K. and Katarzyna, P., 2011. Characteristics of the genetic structure of native sheep breeds. *Annals of Animal Science*. Vol. 11, No. 3, pp: 371-382.
2. Alkass, J.E. and Juma, K.H., 2005. Small ruminant breeds of Iraq. Characterization of small ruminant breeds in West Asia and North Africa. Vol. 15, No. 1, pp: 63-101.
3. Al-Mourrani, W.; Mahamoud, A.K. and Al-Wahab, R.M., 1980. *Animal Management*. Baghdad, Iraq. Vol. 18, No. 3, pp: 35-45 (In Arabic).
4. Al-Rawi, A.A.; Al-Haboby, A.H. and Al-Salman, M.H., 1996. Small ruminant breeding and reproductive physiology research and technology transfer in Iraq (Mourrani, W. and Haddad, N., ed.). ICARDA-West Asia Regional Program, Amman: Jourdan. Vol. 15, No. 1972, pp: 23-41.
5. Amaral, A.J.; Megens, H.J.; Kerstens, H.H.; Heuven, H.C.; Dibbits, B.; Crooijmans, R.P.; den Dunnen, J.T. and Groenen, M.A., 2009. Application of massive parallel sequencing to whole genome SNP discovery in the porcine genome. *BMC Genomics*. Vol. 10, No. 1, pp: 374.
6. Ayied, A.Y.; Al-Hello, M.F. and Al-Jassim, E.F., 2011. Growth patterns of Arabi sheep in South of Iraq. *Journal of Tikrit University for Agricultural Sciences*. Vol. 11, No. 2.
7. Barker, J.S.F., 1999. Conversation of livestock breed diversity. *Animal Genetic Resources Information*. Vol. 25, No. 1999, pp: 33-43.
8. Bichard, M.; Pease, A.H.R.; Swales, P.H. and Ozkutuk, K., 1973. Selection in a population with overlapping generations. *Animal Production*. Vol. 17, No. 3, pp: 215-227.

گرفت (نتایج $K=2$ تا $K=6$ در شکل ۶ ارائه شده است). در $K=3$ (فرض می‌شود که وجود تنها سه جمعیت عراقی کل تغییرات موجود در داده‌ها را توجیه می‌کند) نژادهای عواسی (۰/۵۱)، نعیمی (۰/۵۶) و عراقی (۰/۵۶) در یک خوشه سهیم بودند. نتایج حاصل از این مطالعه نشان‌دهنده مطابقت خوشه‌بندی ژنتیکی جمعیت‌ها با فواصل جغرافیایی پرورش آن‌هاست. در $K=3$ از لحاظ ژنتیکی نیز فاصله کم‌تری در سطوح بالای خوشه‌بندی نشان داده‌اند (در این خوشه نژادهای عراق خوب تمایز تشکیل دادند).

پرورش گوسفند یک منبع مهم درآمد برای دامپروران در عراق محسوب می‌شود. با توجه به نتایج به‌دست آمده، تعداد آلل مشاهده شده و مورد انتظار در جمعیت‌ها یا اکوتیپ‌های گوسفند عراقی تنوع آلی مناسب ندارند. با مقایسه هتروزایگوستی مشاهده شده با مورد انتظار می‌توان افت یا فزونی هتروزایگوستی را نسبت به میزان مورد انتظار بررسی کرد. بر این اساس برخی از جایگاه‌های دچار افت هتروزایگوستی شده‌اند و برخی از جایگاه‌های با فزونی هتروزایگوستی مواجه بودند. هتروزایگوستی مورد انتظار در نژادهای عواسی و عراقی افزایش می‌یابد که این نژادها خطری از بابت افت هتروزایگوستی وجود ندارند و آن را می‌توان به‌عنوان یک ذخیره ژنتیکی مناسب برای اهداف مختلف پرورشی و اصلاح نژادی در عراق محسوب می‌شود. نتایج به دست آورده برای شاخص‌رایت در این مطالعه نشان می‌دهد که اکثریت نشانگرهای میکروساتلایت مورد استفاده با مقادیر مثبت بودند. مثبت بودن این پارامتر، به معنی بیش‌تر بودن هم‌خونی نسبت بر حالت آمیزش تصادفی است و مقدار منفی به معنی این است که هم‌خونی به‌وجود آمده کم‌تر از میزان هم‌خونی مورد انتظار در حالت آمیزش تصادفی است اما محتوای چندشکلی (PIC) شش نشانگر میکروساتلایت (INRA011، INRA063، BM1853، OarFCB226، MCMC64 و TGLA13) آموزنده بالا را نشان داد ($PIC > 0.5$)، اما بقیه جایگاه‌های کمتر از متوسط ($PIC < 0.5$) نشان داد. کم‌ترین فاصله ژنتیکی بین نژاد عواسی و نعیمی که با توجه به هم‌منشا بودن و مناطق جغرافیایی نزدیک پرورش می‌کند. شباهت فنوتیپی بسیار نزدیک آن‌ها نیز فاصله ژنتیکی کم بین آن‌ها را تایید می‌نماید اما نژاد عراقی دارای فاصله جغرافیایی زیاد است و در مناطق نزدیک با گروه‌های جدا و کوچک پرورش می‌یابد و امکان تبادل ژنتیکی طبیعی بین نژادهای مورد محدود می‌سازد. نتیجه تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) مشابه با نتایج نشان داده شده توسط برآورد F_{ST} بود. می‌توان نتیجه گرفت که نژادهای با توجه به فاصله جغرافیایی خود توسط نواحی دارای میکروساتلایت قابل تفکیک می‌باشد. این نتایج نشان می‌دهد که در گوسفند عراق تنوع ژنتیکی داخل نژادهای بالا بوده و بایستی از نظر اصلاحی در نظر بگیرد. در کاربرد نشانگر میکروساتلایت پس

- Broom, J.B.; Lisa, C.; William, T.; Cushwa, E. G.; Susan, M.; Galloway, B.H.; Rachel, J.H.; Stefan, H.; Hannah, M.; Henry, J.F.; Medrano, K.A.; Paterson, L.S.; Roger, T. and Stone, B.H., 2001. An Enhanced Linkage Map of the Sheep Genome Comprising More Than 1000 Loci. Article published on-line before print: *Genome Research*. Vol. 1, No. 7, pp: 1275-1289.
26. **Maurico, J.; De Gortari, T.; Brad, A.; Freking, L.; Rachel, P.; Cuthbertson, S.M.; Kappes, J. W.; Keele, R.; Roger, T.; Stone, K.A.; Leymaster, L.K.; G., Dodds, A.M.; Crawford, C. and Beattie, W., 1997.** A second generation linkage map of the sheep genome. *Mammalian Genome*. Vol. 9, No. 3, pp: 204-209.
 27. **Miller, S.A.; Dykes, D.D. and Polesky, H.F., 1988.** A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*. Vol. 16, No. 3, pp: 1215.
 28. **Ministry of Planning. 2016.** Survey of Animal Resources in Iraq. Directorate of Agricultural Statistics Central Statistical Bureau, Baghdad. Iraq. Vol. 78, No. 4, pp: 213-218 (In Arabic).
 29. **Samadi Shams, S.; Zununi Vahed, S.; Soltanzad, F.; Kafil, V.; Barzegari, A.; Atashpaz, S. and Barar, J., 2011.** Highly Effective DNA Extraction Method from Fresh, Frozen, Dried and Clotted Blood Samples. *BioImpacts*. Vol. 1, No. 3, pp: 183.
 30. **Shannon, C.E. and Weaver, W., 1949.** Mathematical theory of communication. 1st Edn. University of Illinois Press, Urbana. Vol. IL10, pp: 0252725484.
 31. **Sheriff, O. and Alemayehu, K., 2017.** Genetic diversity studies using microsatellite markers and their contribution in supporting sustainable sheep breeding programs: A review. *Sheriff and Alemayehu, Cogent Food and Agriculture*. Vol. 4, No. 1, pp: 1459062.
 32. **Surekha, J.; Punyakuamari, B.; Gnana Prakash, M.; Suresh, J. and Bharathi, G., 2018.** A study of genetic Variation in Nellore Sheep using Microsatellite markers. *Indian journal of Small Ruminants*. Vol. 24, No. 2, pp: 215-220.
 33. **Tabbaa, M.J.; Alnimer, M.A.; Shboul, M. and Titi, H.H., 2008.** Reproductive characteristics of Awassi ewes mated artificially or naturally to Jordanian or Syrian Awassi rams. *Animal Reproduction*. Vol. 5, No. 1, pp: 23-29.
 34. **Vaimand, R.; Osta, D.; Mercier, G. and Lleveziei, H., 1992.** Characterization of five new bovine dinucleotide repeats. *Animal Genetic*. Vol. 23, No. 6, pp: 537-541.
 35. **Van der Westhuizen, L.; Magwaba, T.; Grobler, J.P.; Bindeman, H.; Du-Plessis, C.; Van Marle-Köster, E. and Neser, F.W., 2019.** Genetic variability in a population of Letelle sheep in South Africa. *South African Journal of Animal Science*. Vol. 49, No. 2, pp: 281-289.
 36. **Yilmaz, O., 2016.** Power of different microsatellite panels for paternity analysis in sheep. *Animal Science Papers and Reports*. Vol. 34, No. 2, pp: 155-164.
 9. **Bishop, M.D.; Kappes, J.W.; Keele, R.T.; Stone, S.L.F. and Sunde, N.Z., 1994.** A genetic linkage map for cattle. *Genetics*. Vol. 136, No. 2, pp: 619-639.
 10. **Botstein, R.; White, L.; Skolnik, M. and Davis, R.W., 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Society of Human Genetics*. Vol. 32, No. 3, pp: 314.
 11. **Brezinsky, S.J.; Kemp, A.J. and Teale, A., 1993.** Five polymorphic bovine microsatellites. *Animal Genetic*. Vol. 24, pp: 75-76.
 12. **Buchanaen, C.; Galloway, S.M. and Crawford, A.M., 1994.** Ovine microsatellites at the OarFCB5, OarFCB19, OarFCB20, OarFCB48, OarFCB129 and OarFCB226 loci. *Animal Genetic*. Vol. 25, pp: 51-52.
 13. **Evanno, G.; Regnaut, S. and Goudet, J., 2005.** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*. Vol. 14, No. 8, pp: 2611-2620.
 14. **FAO. 2014.** FAO works to increase food security in Iraq. 2014-2015 Strategic Response Plan for Iraq. Rome. Italy. Vol. 7, pp: 850.
 15. **FAO. 2018.** FAOSTAT website, FAO Global Statistical Yearbook, FAO Regional Statistical Yearbooks. Rome: Italy. Vol. 5, pp: 978.
 16. **Gahlot, K.; Purva, M.; Maherchandani, S. and Kashyap, S.K., 2018.** Assessment of Genetic Diversity in Chokla Sheep Breed of Rajasthan Using Microsatellite Markers. *International Journal of Livestock Research*. Vol. 65, No. 3, pp: 185-192.
 17. **Georges, M. and Massey, J., 1992.** Polymorphic DNA markers in Bovidae, (World Intellectual Property Org., Geneva). WO Publ. No. 92, pp: 13120.
 18. **Hedrick, P.W., 1995.** Gene flow and genetic restoration: The Florida panther as a case study. *Conservation Biology*. Vol. 9, No. 5, pp: 996-1007.
 19. **Hristova, D.; Metodiev, S.; Nikolov, V.; Vassilev, T. and Todorovska, E., 2017.** Genetic variation of Bulgarian Autochthonous Sheep Breeds using microsatellite marker. *Genetika*. Vol. 49, No. 1, pp: 247-258.
 20. **Hussain, T.; Musthafa, M.M.; Babar, M.E.; Shaheen, M. and Marikar, F.M., 2018.** Molecular genetic diversity and relationship of indigenous sheep breeds of Pakistan based on nuclear microsatellite loci. *Veterinary Review*. Vol. 30, No. 1, pp: 54-58.
 21. **Iniguez, L. and Hilali, M., 2009.** Evaluation of Awassi genotypes for improved milk production in Syria. *Livestock Science*. Vol. 120, No. 3, pp: 232-239.
 22. **Jawasreh, K.I.; Ababneh, M.M.; Ismail, Z.B.; Younes, A.M. and Al Sukhni, I., 2018.** Genetic diversity and population structure of local and exotic sheep breeds in Jordan using microsatellites markers, *Veterinary world*. Vol. 11, No. 6, pp: 778-781.
 23. **Kappes, S.M.; Keele, J.W.; Stone, R.T.; McGraw, R.A.; Sonstegard, T.S.; Smith, T.P.L.; Lopez-Corrales, N.L. and Beattie, C.W., 1997.** A second-generation linkage map of the bovine genome. *Genome Research*. Vol. 7, No. 3, pp: 235-249.
 24. **Kovacs, E.; Tempfi, K.; Shannon, A.; Zenke, P.; Maroti Agots, A.; Safair, L.; Bali-Papp, A. and Gaspardv, A., 2019.** STR diversity of a Historical sheep breed bottlenecked, the Cokta. *The Journal of Animal and Plant Sciences*. Vol. 29, No. 1, pp: 41-47.
 25. **Maddox, J.F.; Kizanne, P.D.; Allan, M.; Crawford, D.J.; Hulme, D.V.; Edmond, P.C.; Bradley, A. F.; Ken, J.B.; Noelle, E.C.; Nina, K.; Christopher, D.; Riffkin, R.D.; Stephen, S.; Moore, K.G.; Dodds, J.M.; Lumsden, T.C.; Stijn, S.H.; Phua, D.L.; Adelson, H.R.; Burkin, J.E.;**