بررسی تمایز ژنتیکی سه جمعیت سگ‌های گله سرابی، سنگسری و افشاری با استفاده از تعیین توالی DNA کروموزوم جنسی Y

- **قباد عسگری جعفرآبادی***: گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد ورامین- پیشوا
- **دامون اللهیارخان خراسانی**: گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد ورامین- پیشوا

تاریخ دریافت: شهریور ١٣٨٩ تاریخ پذیرش: آذر ١٣٨٩

چکیده

در ایران انواع مختلفی از نژادهای سگ مشاهده می‌شود که برخی از آنها از نظر فنوتیپی کاملاً با یکدیگر متفاوت و برخی دیگر تا حدودی با یکدیگر شباهت دارند و از آنها بصورت تجربی در گله‌های عشایری استفاده می‌شود. برای شناسایی و تعیین میزان تنوع ژنتیکی موجود در قسمتی از ژنوم کروموزوم جنسی Y در بین جمعیت سگ‌های سرابی، سنگسری و افشاری، از ٢١ قلاده سگ نر غیرهم‌خون از این سه جمعیت، نمونه خون گرفته شد. نمونه‌های خون در لوله‌های آزمایش EDTA دار طی زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل شدند. استخراج DNA توسط کیت استخراج انجام شد، آغازگرهای رفت و برگشت طراحی شدند و سپس توالی‌های بدست آمده با استفاده از نرم‌افزارهای MEGA٤ و FinchTV_١_٤_٠ آنالیز شدند. پس از تعیین توالی‌های تکثیر شده، نتایج گویای این واقعیت بودند که کلیه توالی‌ها حفاظت شده می‌باشند. وجود توالی‌های تکراری باعث بوجود آمدن صفحات لرزان شده بود که قابل توجه است. در این پژوهش از ٢ روش پیوند همجواری و روش جفت گروهی غیروزنی از طریق میانگین حسابی برای ترسیم درخت فیلوژنتیک استفاده شد. نتیجه درخت ترسیم شده در این روش حاکی از عدم وجود شباهت بین توده‌های بررسی شده می‌باشد. در مجموع می‌توان نتیجه گرفت سه جمعیت سگ‌های گله سرابی، سنگسری و افشاری ایران از نظر ژنتیکی متمایز می‌باشند.

کلمات کلیدی: سگ، تمایز ژنتیکی، کروموزومY، تعیین توالی DNA

*پست الکترونیکی نویسنده مسئول: gh.asgari@iauvaramin.ac.ir

Archive of SID
www.SID.ir

مقدمه

در اغلب کشورهای دنیا، پس از تربیت و اصلاح نژاد سویه‌ها و نژادهای مختلف سگ، از آنها بعنوان سگ پلیس، سگ نگهبان و غیره استفاده می‌شود. در برخی از کشورها مانند نیوزیلند و استرالیا از این حیوانات بعنوان سگ گله در مراتع نیز استفاده می‌شود. در ایران انواع مختلفی از نژادهای سگ مشاهده می‌شود که برخی از آنها از نظر فنوتیپی کاملاً با یکدیگر متفاوت و برخی دیگر تا حدودی با یکدیگر شباهت دارند و از آنها بصورت تجربی در گله‌های عشایری استفاده می‌شود. متاسفانه تاکنون مطالعه جامعی در ارتباط با تفاوت‌ها و شباهت‌های ژنتیکی بین این نژادها انجام نشده است. ممکن است که این حیوانات بدون دارا بودن تفاوت ژنتیکی زیاد و بدلیل زیستگاه و منطقه جغرافیایی که در آن پرورش یافته‌اند، اسامی متفاوتی داشته باشند. عکس این مطلب نیز می‌تواند صادق باشد. بنابراین، با توجه به اینکه این جمعیت‌ها سالهاست که در کشور پرورش و با شرایط محیطی سازش یافته‌اند، مطالعه در ارتباط با ساختار ژنتیکی جمعیت سگ‌های ایران به منظور تشخیص ویژگی‌های هرکدام از آنها و تعیین میزان تفاوت‌های ژنتیکی موجود بین آنها از ضروری است. همچنین با توجه به عدم استفاده از اصول اصلاح نژاد در این حیوانات و انجام آمیزش‌های غیرعلمی بین آنها، احتمال آمیخته شدن و کم شدن تفاوت‌های ژنتیکی فراهم می‌باشد که می‌توان با استفاده از اصول ژنتیک مولکولی تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنتیک بین آنها را مطالعه نمود. بررسی کاریوتیپ و مطالعه در سطح ژنوم کروموزوم جنسیY که از سوی پدر به هر حیوان به ارث می‌رسد و تعیین میزان شباهت‌ها و تفاوتهای بین سه جمعیت مهم از سگ‌های گله ایرانی (سنگسری، سرابی و افشاری) یکی از روشهای ممکن در این زمینه می‌باشد.

در زمینه شناخت توده‌های سگ و محاسبه فواصل ژنتیکی آنها و طبقه‌بندی آنها براساس شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی مطالعات اندکی انجام شده است. نتایج یک مطالعه آنالیز هاپلوتایپ کروموزوم Y در نژادهای خالص سگ نشان داد که در ۸۲۴ سگ آزمایش شده فقط ۶۷ هاپلوتایپ یافت شد که علت آن هاپلوتایپ مشترک بین نژادهای سگ‌ها و تنوع کم هاپلوتایپ در داخل گونه بود و فقط ۱۵ نژاد براساس هاپلوتایپ اختصاصی تعریف شدند و برای ۲۶ نژاد از ۵۰ نژاد آزمایشی هاپلوتایپ اختصاصی یافت شد (۲). در پژوهش دیگری توالی حاصل از کروموزوم Y در ۱۰ سگ از آسیا، اروپا، سیبری، آمریکا و آفریقا ۹ هاپلوتایپ را نشان داد. فواصل ژنتیکی بین هاپلوتایپ‌ها نشان داد که خاستگاه آنها حداقل ۵ هاپلوتایپ گرگی است (۳). هاپلوتایپینگ کروموزوم Y در گرگهای اسکاندیناوی نشان داد که در مورد گرگهای نمونه‌گیری شده ۱۷ نوع مختلف هاپلوتایپ کروموزوم Y وجود دارد که تنها ۲ مورد از آنها در گرگهای اسکاندیناوی یافت می‌شود. در نتیجه حداقل دو گرگ در جمعیت اصلی و پایه‌ای گرگها وجود داشته است (۶). تعین توالی DNA میتوکندری در ۶۵۴ قلاده سگ متعلق به نژادهای اصلی سگ در سطح جهانی نشان داد که گرگها اجداد مادری سگها می‌باشند. تمامی توالی‌ها متعلق به سه گروه فیلوژنتیک جهانی بودند و این نتیجه بیانگر این است که سگها متعلق به یک منبع ژنتیکی هستند. طی یک پژوهش مشخص شده است که تنوع ژنتیکی شدیدتری در سگهای شرق آسیا نسبت به سایر مناطق وجود دارد. همچنین مطالعه الگوی فیلوژنتیکی نشان داد که خاستگاه سگهای اهلی، شرق آسیا (حدود۱۵۰۰۰سال قبل) می‌باشد (۷).

استفاده ترکیبی از نشانگرهای ژنتیکی والدی برای شناخت آمیخته سگ-گرگ نشان داد که توالی‌های مورد مطالعه در کروموزوم Y مشاهده شده در این افراد آمیخته، درگونه گرگهای اسکاندیناوی یافت نمی‌گردد، در حالیکه DNA میتوکندریال آنها با گرگ همبستگی دارد (۷).

مکان و ویژگی توالی‌های نوکلوتید حاصل از DNA کروموزوم Y در سگسانان نشان داد که توالی ویژه ۶۵۸bp در سگ‌سانان در بخش انتهایی اتوزومال کاذب قرار دارد در حالیکه توالی هیبرید ژن SRY در نزدیکی سانترومر قرار دارد (۴).

در پژوهش حاضر، هدف شناسایی و تعیین میزان تنوع ژنتیکی موجود در قسمتی از ژنوم کروموزوم جنسی Y در بین جمعیت سگهای سرابی، سنگسری و افشاری، تشکیل ماتریس فاصله ژنتیکی براساس تفاوتهای مشاهده شده و نهایتاً رسم درخت فیلوژنتیک برای جمعیت‌های مورد نظر می‌باشد.

مواد و روشها

برای انجام این پژوهش از ۲۱ قلاده سگ نر غیرهمخون از سه جمعیت از سگهای گله ایران (سرابی، سنگسری و افشاری)، خونگیری انجام شده و نمونه‌های خون در لوله‌های آزمایش

Archive of SID

www.SID.ir

EDTA دار طی زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل شدند.

استخراج DNA توسط کیت شرکت ژن پژوهان پویا انجام شد که مبتنی بر روش اصلاحی شستشوی نمکی و کلروفورم می‌باشد. بمنظور بررسی کمی و کیفی DNA از دستگاه نانودراپ استفاده شد.

پرایمرها یا آغازگرها رشته‌ای توالی‌های نوکلئوتیدی هستند که بعنوان نقطه شروع سنتز DNA یا RNA عمل می‌کنند. در بسیاری از تحقیقات آزمایشگاهی مانند تعیین توالی DNA یا واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، نیاز به آغازگر می‌باشد. این آغازگرها الیگونوکلئوتیدهای شیمیایی سنتز شده با طول حدود ۲۰ باز می‌باشند که با DNA هدف آمیخته شده و بوسیله پلی‌مراز آن قطعه تکثیر می‌شود. آغازگرها باید برای منطقه خاصی از DNA طراحی شوند.

آغازگرهای رفت و برگشت توسط نرم‌افزار الیگو نسخه ۵ طراحی شده و اختصاصی بودن آنها توسط وب سایت USCC و NCBI بررسی شد. سنتز آغازگرها توسط شرکت متابیون آلمان صورت گرفت. مشخصات آغازگرها در جدول ۱ آورده شده‌اند.

برای بهینه‌سازی واکنش، ابتدا دما مورد بررسی قرار گرفت. مرحله بعدی در فرآیند بهینه‌سازی، حذف باندهای غیراختصاصی و بدست آوردن باندهای کاملاً تیز بود که انجام این امر از طریق ایجاد شیب غلظت یون منیزیوم در واکنشهای PCR انجام گرفت. بهینه‌سازی واکنش چرخه زنجیره پلی‌مراز مطابق جدول ۲ صورت گرفت.

حجم واکنش برابر ۲۰ میکرولیتر بود. آنزیم تک پلی‌مراز ۲۵۰ واحد و غلظت $MgCl_2$ برابر با ۲۵ میلی مولار بود. مراحل PCR مطابق جدول ۳ می‌باشد.

مراحل ۲ تا ۴، ۳۵ مرتبه تکرار شدند. سپس محصول PCR جهت بررسی وضعیت و اندازه باند تولید شده روی ژل آگاروز ۱ درصد برده شده و خط‌کش ۱۰۰ جفت بازی نیز بار شد. سپس ژل آگاروز در دستگاه ژل داک قرارگرفته و وضعیت و اندازه باندهای محصول PCR مورد ارزیابی قرار گرفت، از باندها عکس گرفته شده، سپس ۲۰ میکرولیتر از محصولات PCR با غلظت حداقل ۴۰ نانوگرم به ازای هر میکرولیتر همراه با ۷ میکرولیتر از آغازگر رفت با غلظت ۱۰ پیکومول به همراه عکس باندها برای توالی‌یابی به شرکت ژن پژوهان داده شد. سپس توالی‌های بدست آمده با نرم‌افزار MEGA۴ و FinchTV_۱_۴_۰ آنالیز شدند.

جدول ۱: مشخصات آغازگرهای مورد استفاده

CaY۱-F	۵′ -TGCCTGTCTTTGTAATCCCC- ۳′
CaY۱-R	۵′ -CTCCCACCTCCTATCCCAC- ۳′
CaY۲-F	۵′ -TCAAATGATAAAATGGTCCAG- ۳′
CaY۲-R	۵′ -AACATCCCACATTTCTCAGAC- ۳′

جدول ۲: مقادیر بهینه واکنش چرخه زنجیره پلی‌مراز (میکرولیتر)

آب	بافر	آغازگر رفت	آغازگر برگشت	تک پلی‌مراز	$MgCl_2$	DNA	dNTP
۹/۲	۲	۲	۲	۰/۲	۱/۲	۳	۰/۴

Archive of SID
www.SID.ir

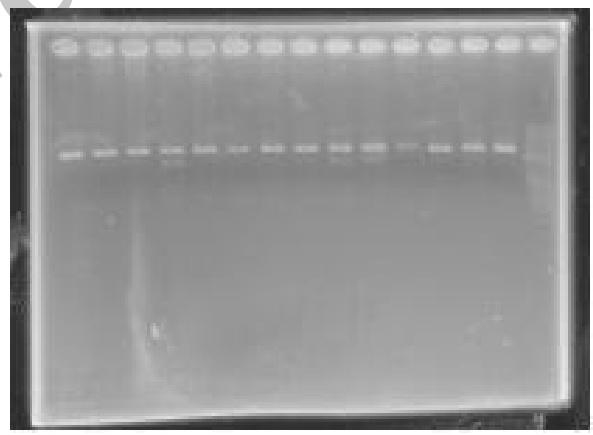
جدول ۳: مراحل PCR

مراحل PCR	زمان	درجه حرارت سیلسیوس
مرحله آغازین	۵ دقیقه	۹۵
مرحله واسرشتگی	۳۰ ثانیه	۹۵
مرحله اتصال	۵۰ ثانیه	۵۸
مرحله بسط	۵۰ ثانیه	۷۲
مرحله بسط نهایی	۱۰ دقیقه	۷۲

نتایج

پس از تعیین توالی و دریافت نتایج، آنالیزها با استفاده از نرم‌افزارهای مناسب صورت گرفت. نتایج آنالیز با نرم‌افزار MEGA ۴.۰ مطابق زیر می‌باشد:

درخت فیلوژنتیک که به آن درخت تکامل نیز گفته می‌شود، روابط تکاملی بین گروههای مختلف جانداران دارای جد مشترک را نشان می‌دهد. در این درخت گره‌ها محل اتصال شاخه‌ها بوده و نشان‌دهنده محتمل‌ترین جد مشترک می‌باشد. طول شاخه‌ها با زمان انشقاق گروه‌ها رابطه مستقیم دارد. در این درخت به هر گره یک واحد تاکسونومیک می‌گویند. روشهای متنوعی به منظور رسم این درخت مورد استفاده قرار می‌گیرد که در این پژوهش از ۲ روش استفاده شد. شکل ۱ نمونه‌ای از عکسهای تهیه شده از باندها را جهت تعیین توالی نشان می‌دهد.



شکل ۱: نمونه‌ای از عکس‌های تهیه شده از باندها

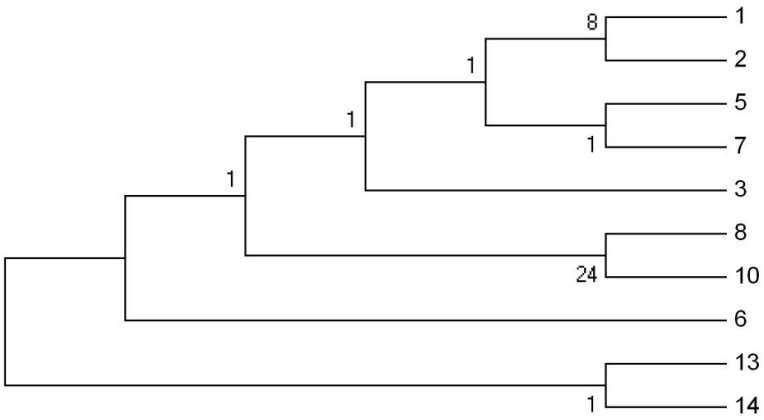
الف) روش پیوند همجواری (Neighboor-Joining)

اساس این روش حداقل نمودن طول درخت می‌باشد. درخت بهینه در شکل ۲ نشان داده شده است. مقیاس این درخت تغییر داده شده و طول شاخه‌های آن مطابق با واحدهای فواصل تکاملی است که برای رسم درخت فیلوژنتیکی بکار برده می‌شود. فواصل فیلوژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درستنمائی مرکب (Maximum composite likelihood method) محاسبه شده‌اند و براساس واحدهای تعداد جایگزینی بازها در هر مکان بیان می‌شوند. تمامی موقعیت‌های شامل فواصل و داده‌های از دست رفته از مجموعه داده‌ها حذف شدند. مجموعاً تعداد ۱۳۷جایگاه در داده‌های نهایی وجود داشتند و سپس آنالیز فیلوژنتیک انجام شد (شکل ۲).

لازم بذکر است که مقادیر فواصل کمتر از ۲۵ حاکی از عدم تشابه می‌باشد. نتایج حاصل از رسم درخت فیلوژنتیکی حاکی از عدم وجود تشابه بین سه جمعیت می‌باشد.

Archive of SID

www.SID.ir

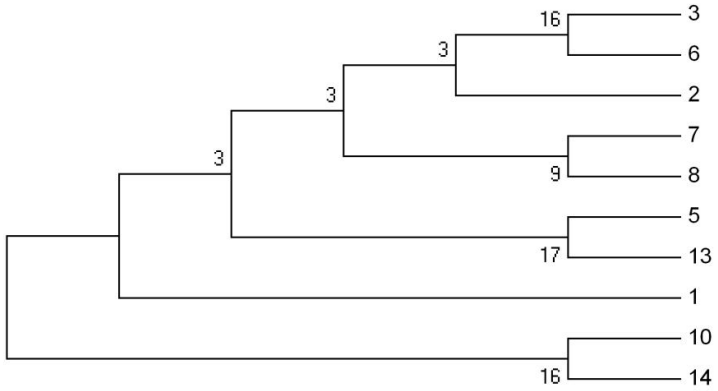


شکل ۲: درخت فیلوژنتیک به روش پیوند همجواری

ب) روش جفت گروهی غیر وزنی از طریق میانگین حسابی (UPGMA)

این روش از ساده‌ترین روشهای رسم درخت فیلوژنتیک است. در این روش دو واحدی که فاصله میان آنها در ماتریس فاصله کمترین است یک خوشه را تشکیل می‌دهند. درخت ترسیم شده در این روش در شکل ۳ نمایش داده شده که حاکی از عدم وجود شباهت بین توده‌های بررسی شده می‌باشد.

آزمون دیگر مورد استفاده، آزمون یکنواختی الگوهای جایگزینی بین توالی‌ها (Test of the homogeneity of Substitution Patterns between Sequences) بود. این آزمون بیانگر احتمال رد کردن فرض صفری است که بیان می‌دارد توالی‌ها دارای الگوهای جایگزینی یکسانی می‌باشند. این روش از شبیه‌سازی مونت کارلو با ۱۰۰۰ تکرار برای برآورد مقدار احتمال p که مقادیر آن در زیر قطر ماتریس شکل ۴ نشان داده شده‌اند، استفاده می‌کند. مقادیر p کمتر از ۰/۰۵ معنی‌دار تلقی می‌شوند پس در جوامع مورد بررسی شباهت معنی‌داری وجود نداشت.



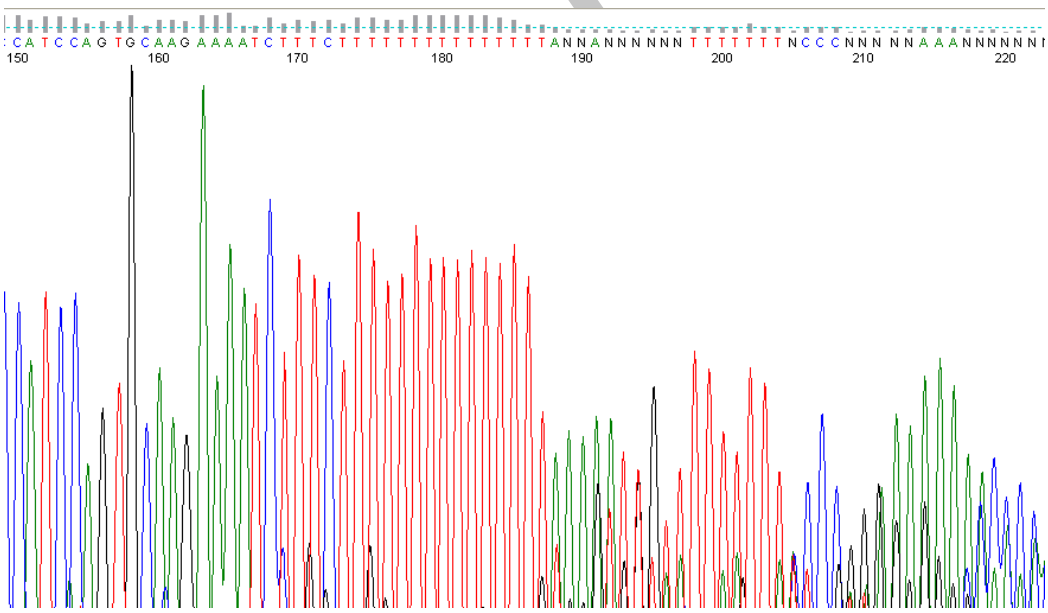
شکل ۳: درخت فیلوژنتیک به روش UPGMA

www.SID.ir

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	[0.000]	[0.000]
1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	

شکل ٤: ماتریس آزمون یکنواختی الگوهای جایگزینی بین توالی‌ها (اعداد ماتریس مقادیر P-value می‌باشند).

توالی‌های تکثیر شده با نرم‌افزار FinchTV_۱_۴_۰ آنالیز شدند. نتایج گویای این واقعیت بودند که کلیه توالی‌ها حفاظت شده هستند. وجود توالی‌های تکراری (بعنوان مثال poly T از قطعه ۱۷۰ تا ۱۸۹) باعث بوجود آمدن صفحات لرزان شد که تعیین توالی قطعات بعدی را همانطور که در شکل ۵ نمایش داده شده دچار مشکل کرد. لذا تعیین توالی برگشتی در مطالعه‌ای دیگر توصیه می‌شود. از آنجایی که هر فرد فقط یک کروموزوم Y دارد لذا احتمال frame shift کم می‌شود. بنابراین افتادگی گرافها روی هم می‌تواند ناشی از اشتباه در تعیین توالی باشد.



شکل ٥: نتایج حاصل از تعیین توالی

بحث

لغزش در همانند سازی DNA اصلی‌ترین جهش در ریزماهواره‌هاست. در تحقیق حاضر وجود توالی‌های تکراری (بعنوان مثال poly T از قطعه ۱۷۰ تا ۱۸۹) باعث بوجود آمدن صفحات لرزان شد که تعیین توالی قطعات بعدی را دچار مشکل کرد. در اثر پدیده لغزش اشتباهاتی در خوانش آلل‌ها پیش می‌آید. طی فرآیند تکثیر، آنزیم DNA پلی‌مراز می‌لغزد و در نتیجه فرآورده‌هایی با اندازه‌های متفاوت حاصل می‌شود که به

www.SID.ir

اندازه ۱ تا ۵ واحد تکرار شونده از فرآورده‌های اصلی متفاوتند.

نتایج حاصل از رسم درخت فیلوژنتیک به هر دو روش NJ و UPGMA حاکی از وجود تفاوت بین جمعیت‌های مورد مطالعه می‌باشند. محاسبه فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها برآوردی از زمان انشقاق را نشان می‌دهد. برآوردهای کوچک فاصله ژنتیکی نشان می‌دهد که دو جمعیت کاملاً از یکدیگر مجزا شده‌اند اما زمان اندکی از جدا شدن آنها می‌گذرد. دو مکانیزم جهش و رانش ژنتیکی باعث تفاوت در فراوانی‌های آللی در جایگاههای خنثی می‌گردد. از فواصل ژنتیکی می‌توان بعنوان ابزاری برای مقایسه جمعیت‌ها و یا بعنوان سوابق تکاملی بین آنها استفاده کرد. وجود تفاوت در جمعیت‌های مورد مطالعه ضرورت پرداختن به هر جمعیت را بطور جداگانه ایجاب می‌کند. در این جهت سیاست‌های اصلاح نژادی و پرورش حیوانات هر منطقه با توجه به نیازهای هر توده و خصوصیات پرورشی مختص به آن تعیین می‌گردد.

بین هر دو روش ترسیم درخت فیلوژنتیک شباهت‌های زیادی وجود دارد که حاکی از همبستگی این دو معیار است و موضع‌شناسی هر دو یکسان می‌باشد. Bannasch و همکاران نیز در سال ۲۰۰۵ طی پژوهشی با استفاده از آنالیز هاپلوتایپ کروموزوم Y در نژادهای خالص سگ نشان دادند که در ۸۲۴ سگ آزمایش شده فقط ۶۷ هاپلوتایپ یافت شد که علت آن هاپلوتایپ مشترک بین نژادهای سگها و تنوع کم هاپلوتایپ در داخل گونه بود و ۱۵ نژاد براساس هاپلوتایپ اختصاصی تعریف گشتند. برای ۲۶ نژاد از ۵۰ نژاد آزمایشی هاپلوتایپ‌هایی اختصاصی یافت شد (۲).

در پژوهشی به منظور توالی‌یابی حاصل از کروموزوم Y در ۱۰ سگ از آسیا، اروپا، سیبری، آمریکا و آفریقا ۹ هاپلوتایپ دیده شدند که براساس ۱۴ جابجایی تعریف می‌شدند. فواصل ژنتیکی بین هاپلوتایپ‌ها نشان داد که خاستگاه آنها حداقل ۵ هاپلوتایپ گرگی است (۵).

هاپلوتایپینگ کروموزوم Y در گرگهای اسکاندیناوی نشان داد که در مورد گرگهای نمونه‌گیری شده ۱۷ نوع مختلف هاپلوتایپ کروموزوم Y یافت شد که تنها ۲ مورد از آنها در گرگهای اسکاندیناوی یافت شد (۸).

در نتیجه وجود تفاوت بین جمعیت‌های مورد بررسی از نظر ژنتیکی، می‌توان سیاست‌های کلی در جهت حفظ منابع خالص نژادی و به گزینی آنها اعمال کرد. اجتناب از آمیزش‌های بین نژادی و از بین رفتن حیوانات خالص یکی از این سیاست‌هاست. تنوع ژنتیکی شامل تنوع بین نژادی و درون نژادی است که از ابزارهای مهم متخصصین اصلاح نژاد است. تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها و شباهت‌های ژنتیکی بین آنها حاصل فرآیندهای مختلفی است که طی سالیان متمادی حاصل شده است. حفظ این تنوع در هر کشور بسیار مهم بوده و وابسته به سیاست‌های درست اصلاح نژادی می‌باشد و لذا استراتژی‌های درست اصلاح نژادی زمانی تدوین می‌گردد که اطلاعات مناسبی از ساختار ژنتیکی توده‌های دامی هر کشور در دسترس باشد که در این راستا و برای بدست آوردن اطلاعات کافی در زمینه تنوع ژنتیکی و ساختارهای ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه می‌توان از نشانگرهای ژنتیکی کمک گرفت تا بتوان اطلاعات کافی در زمینه تنوع ژنتیکی و شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه را بدست آورد (۱).

برآورد فواصل ژنتیکی جفتی میان تمام نژادهای یک گونه و فیلوژنی حاصل از این فواصل ما را در تصمیم‌گیری منطقی در مورد انتخاب نژادها به منظور حفظ یا استفاده و نیز برای مطالعات تکاملی جهت تعیین ارزش ژنتیکی مقایسه‌ای از نظر صفات مطلوب کمک خواهد نمود. این فواصل بهترین ارائه کننده روابط میان نژادها می‌باشد. از آنجائیکه معیارهای فاصله‌ای نمی‌توانند آثار انتخاب مصنوعی را روی صفات اقتصادی یا ریخت‌شناسی و نیز آثار انتخاب طبیعی را روی شایستگی منظور نمایند، می‌باید آنها را تنها بعنوان راهنمای ابتدایی برای ساختار طبیعی و تفاوت نژادی مورد استفاده قرار داد. در تصمیم‌گیری نهایی برای انتخاب نژادها باید هر نوع اطلاعات در دسترس راجع به صفات دارای ارزش اقتصادی، ویژگی‌های سازگاری خاص، حضور ژن‌ها یا فنوتیپ‌های منحصر بفرد، اهمیت محلی یا منطقه‌ای یک نژاد در سیستمهای تولیدی و قابلیت دسترسی به منابع و زیر ساخت‌ها در منطقه استقرار نژاد در نظر گرفته شود.

در مجموع می‌توان نتیجه گرفت سه جمعیت سگهای گله ایران (سرابی، سنگسری و افشاری) کاملاً از نظر ژنتیکی متمایز می‌باشند. این نتیجه بر تفاوت جغرافیایی بین توده‌ها و تنوع ژنتیکی ناشی از آن صحه می‌گذارد. این تنوع ژنتیکی گویای عدم اختلاط توده‌ها می‌باشد که در مقایسه با سایر دام‌های بومی مانند گوسفند که مهاجرت توسط انسان باعث از بین رفتن بسیاری از توده‌های اصیل آنها شده است، وضعیت مطلوبی است. بنابراین در گام دوم می‌باید اقداماتی در جهت شناخت میزان

Archive of SID

www.SID.ir

تنوع درون نژادی و همخونی بین حیوانات و تنظیم سیاست‌های به‌نژادی صحیح برداشت تا بتوان با حفظ این توده‌های خالص، صفات اقتصادی مهم را در آنها شناسایی و تقویت کرد. وجود تفاوت بین توده‌ها گویای این واقعیت است که نمی‌توان برای تمامی توده‌های سگهای ایران سیاست واحدی در نظر گرفت و تنظیم برنامه‌های اصلاحی هر توده می‌باید جداگانه و ویژه همان توده باشد.

منابع

۱-امین افشار، م.، ۱۳۸۶. بررسی فیلوژنتیکی گاومیش‌های ایران با استفاده از نشانگر ریزماهواره. رساله دکتری، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران. ۱۲۰صفحه.

۲-Bannasch, D.L.; Bannasch, M.J.; .Ryun, J.R.; Famula, T.R. and Pedersen, N.C., ۲۰۰۵. Y chromosome haplotype analysis in purebred dogs. J. Mamm. Geno., ۱۶:۲۷۳-۲۸۰.

۳-Olivier, M. and Lust, G., ۱۹۹۹. Two DNA sequences specific for the canine Y chromosome. J. Anim. Gene., ۲۹:۱۴۶-۱۴۹.

۴-Olivier, M., Breen, M., Binns, M.M. and Lust, G., ۱۹۹۹. Localization and characterization of nucleotide sequences from the canine Y chromosome. J. Chromo. Res., ۷(۳):۲۲۳-۲۳۳.

۵-Natanaelsson, C., Matthias, C.R., Angleby, H., Lundeberg, J., Kirkness, E. and Savolainen, P., ۲۰۰۶. Dog Y chromosomal DNA sequence: Identification sequencing and SNP discovery. J. Gene., ۷:۴۰-۴۵.

۶-Saitou, N. and Nei, M., ۱۹۸۷. The neighbor-joining method: A new method for reconstructting phylogenetic trees. J. Mole. Biol. Evol., ۴:۴۰۶-۴۲۵.

۷-Savolainen, P., Zhang, Y.P., Luo, J. and Lundberg, J., ۲۰۰۲. Genetic evidence for an east Asian origin of domestic dogs. J. Anim. Gene., ۲۹۸:۱۶۱۰-۱۶۱۳.

۸-Sundqvist, A., Ellegren, H., Oliveir, M. and Vila, C., ۲۰۰۱. Y chromosome haplotyping in Scandinavian wolves based on microsatellite markers. J. Mol. Ecol., ۱۰:۱۹۵۹-۱۹۶۶.

Archive of SID
www.SID.ir