بسم الله الرحمن الرحيم
الحمد لله رب العالمين الرحمن الرحيم مالك يوم الدين
اهدنا الصراط المستقيم صراط الذين أنعمت عليهم غير المغضوب عليهم ولا الضالين

١١٨١٣

دانشگاه زابل
دانشکده کشاورزی
گروه علوم دامی

پایان نامه کارشناسی ارشد رشته ژنتیک و اصلاح دام

عنوان

تعیین پلی مورفیسم ژنتیکی در گاوهای بومی و غیر بومی استان کرمان با استفاده از مارکرهای ISSR

اساتید راهنما
دکترعیسی جرجانی
دکتر محمد رضا محمد آبادی

استاد مشاور
دکترامین باقی زاده

نگارش
مریم قاسمی

۱۳۸۸ /۲/ ۱۵

دی ۸۵

۱۱۱۵۱۳

بسمه تعالی

وزارت علوم،تحقیقات و فناوری
دانشگاه زابل
مدیریت پژوهشی و تحصیلات تکمیلی
صفحه الف

تاریخ
شماره
پیوست

این پایان نامه با عنوان: ((**بررسی پلی مورفیسم ژنتیکی در گاوهای بومی و غیر بومی استان کرمان با استفاده از مارکرهای ISSR**)) قسمتی از برنامه آموزشی دوره کارشناسی ارشد **کشاورزی**گرایش **ژنتیک و اصلاح نژاد دام** توسط دانشجو **مریم قاسمی** تحت راهنمایی استاتید پایان نامه آقایان **دکتر عیسی جرجانی و دکتر محمد رضا محمد آبادی** استفاده از مطالب آن به منظور اهداف آموزشی با ذکر مرجع و اطلاع کتبی به حوزه تحصیلات تکمیلی دانشگاه زابل مجاز می باشد.

امضا دانشجو

این پایان نامه ٦ واحد درسی شناخته می شود و در تاریخ **۸۵/۱۰/۲۷** توسط هیئت داوران بررسی و نمره ۱۹٫۵ و درجه **عالی** به آن تعلق گرفت.

نام و نام خانوادگی	امضا	تاریخ
۱- استاد راهنما: دکتر عیسی جرجانی		۸۵/۱۰/۲۷
۲- استاد راهنما: دکتر محمد رضا محمد آبادی		
۳- استاد مشاور: دکتر امین باقی زاده		
۴- داور:دکتر مسعود علی پناه		
۶- تحصیلات تکمیلی: دکتر علیرضا کرباسی		

تقدیم به

مهرگستر گیتی

و

تقدیم به

پدر ومادرعزیزم

که عزیزترینند.

عزیزتراز هوایی که، هر لحظـه وجـودم بـه آن وابـسته است.

مریم

خداوند سبحان را شاکرم که جز به لطف و عنایت خاص او پیمودن این راه میسر نبود. اکنون که این مهم به پایان رسیده به رسم ادب، خود را ملزم می دانم که از صمیم قلب از راهنمائیهای ارزنده و بی دریغ دکترمحمد رضامحمد آبادی و دکتر عیسی جرجانی در سمت اساتید راهنمای این پایان نامه صمیمانه تقدیر و تشکر نمایم، بدون شک بدون راهنمائی های ارزنده ایشان انجام این مهم میسر نبود.

همچنین از استاد مشاور پایان نامه، جناب آقای دکتر امین باقی زاده که در مراحل مختلف پایان نامه همیشه و همه وقت مدیون زحمات بی کران ایشان هستم، صمیمانه سپاسگزاری می نمایم .

ازکلیه پرسنل مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان که در تمامی مراحل این مجموعه یاری ام نموده صمیمانه تشکر می کنم و برای ایشان آرزوی موفقیت می کنم.

و در نهایت از کلیه دوستان عزیزم که در طی این مدت با شکیبایی تمام از ابراز محبت و همکاری دریغ ننموده اند و به عناوین مختلف یار و یاورم بوده اند صمیمانه تشکر و سپاسگزاری می نمایم.

فهرست مطالب

فصل اول

مقدمه ۲
۱-۱گاو در رده بندی جانوری ۵

فصل دوم

۲-۱ بیوتکنولوژی و ژنتیک ملکولی در توسعه صنعت دامپروری ۸
۲-۲ رفتار داده ها وعملکرد داده سازی در سیستم ژنتیک کلاسیک ۹
۲-۳ پیامدهای بیولوژی در صنعت دامپروری ۱۱
۲-۴ مارکرهای ملکولی در اصلاح دام و نبات ۱۲
۲-۴-۱ کاربرد نشانگر ها در اصلاح دام ۱۵
۲-۴-۲ تداخل ژنی به کمک نشانگر ۱۶
۲-۴-۳انتخاب به کمک نشانگرها ۱۶
۲-۴-۴ نقشه ژنومی ۱۷
۲-۴-۵ شیوه های بررسی روابط بین گوناگونی ژنتیکی و فنوتیپ ها ۱۸
۲-۴-۶ استراتژیهای موقعیت یابی ژنهای کنترل کننده صفات ۱۹
۲-۵ نشانگرهای ژنتیکی ۲۰
۲-۵-۱ انتخاب بر اساس نشانگر ۲۱
۲-۵-۲ انواع نشانگرهای ژنتیکی ۲۲
۲-۶ مزیت نشانگرهای ژنتیکی ۲۵
۲-۷ انواع نشانگرهای ملکولی ۲۶
۲-۷-۱ RFLP ۲۶
۲-۷-۱RAPD ۲۸
۲-۷-۳ AFLP ۲۹
۲-۷-۴ SSCP ۳۰
۲-۷-۵SNP ۳۰
۲-۷-۶ PBR ۳۱
۲-۷-۷ RLGS ۳۲
۲-۷-۸ DAF ۳۳
۲-۷-۹ تعداد متفاوت ردیفهای تکراری یا(VNTR)و ماهوارکها ۳۳
۲-۷-۱۰DGGE ۳۴
۲-۷-۱۱ SSR ۳۴
۲-۷-۱۲ مارکرهایISSR ۳۷

۲ـ۸ تنوع ژنتیکی ۳۸
۲-۹ نقش تنوع ژنتیکی در امنیت غذایی ۴۰
۲-۱۰ موارد استفاده از پلی مورفیسم DNA ۴۰
۲ـ۱۱ تکامل ۴۲
۲-۱۱- ۲بوجود آمدن تنوع ژنتیکی ۴۲
۲-۱۱- ۲انواع موتاسیون ۴۲
۲-۱۱- ۲نوترکیبی ۴۳
۲-۱۱-۴ ۲انتخاب انواع ژنتیکی مشخص ۴۴
۲ـ۱۲ تغییرات قابل مشاهده و انتخاب طبیعی ۴۵
۲ـ۱۲ـ۱ ۲انتخاب طبیعی ۴۵
۲ـ۱۲ـ۲ گوناگونی، فرصت و تغییر ۴۶
۲-۱۳ واکنش زنجیره ای پلیمراز PCR ۴۸
۲-۱۳-۱ تعریف PCR ۴۹
۲-۱۳-۲ تشریح مراحل PCR ۵۰
۲-۱۴ سایر واکنشگرهای PCR ۵۴
۲-۱۴-۱ داکسی نوکلئوزید تری فسفاتها(dNTPs) ۵۴
۲-۱۴-۲ بافرها ۵۴
۲-۱۴-۳ $Mgcl_2$ ۵۵
۲-۱۴-۴ الگو ۵۵
۲-۱۴-۵ پرایمرها ۵۶
۲-۱۵ انواع PCR ۵۹
۲-۱۵-۱ Hot start PCR ۵۹
۲-۱۵-۲ Nested-PCR ۶۰
۲-۱۵-۳ RT-PCR ۶۱
۲-۱۵-۴ ARMS-PCR ۶۲
۲-۱۵-۵ Multiplex-PCR ۶۲
۲-۱۵-۶ Real-Time PCR ۶۳
۲ـ۱۵ـ۷ Asymmetric PCR ۶۳
۲ـ۱۶ کاربردهای PCR ۶۴
۲ـ۱۷ ژل الکتروفورز وانواع آن ۶۷
۲ـ۱۷ـ۱ آگارز ژل الکتروفورز ۶۷
۲ـ۱۷ـ۲ SDS-PAGE ۶۸
۲ـ۱۷ـ۳ ژلهای طبیعی ۶۸
۲ـ۱۷ـ۴ ژلهای پلی آکریل آمید واسرشت کننده DNA یا ژلهای ردیف یابی ۶۸
۲ـ۱۷ـ۵ Electrofocusing gels ۶۹
۲ـ۱۷ـ۶ الکتروفورز موئین ۶۹
۲-۱۸ مروری بر مطالعات انجام شده ۶۹

فصل سوم

۳-۱ گرفتن خون از حیوان جهت استخراج DNA ۷۳
۳-۲ استخراج اسیدهای نوکلئک به روش Guscn-Silicagel ۷۳
۳-۳ استخراج DNA با استفاده از کیت Diatom DNA Prep ۷۴
۳-۴ مراحل استخراج DNA ۷۷
۳-۵ تعیین غلظت DNA ی استخراج شده ۷۹
۳-۶ انجام PCR ۸۱
۳-۶-۱ انجام PCR با استفاده از PCR universal ۸۳
۳-۶-۲ راه اندازی واکنشهای PCR ۸۴
۳-۷ الکتروفورز فرآورده های تکثیر شده ۸۶

فصل چهارم

۴-۱ خواندن الل ها ۸۹
۴-۲ تجزیه و تحلیل الل ها و ژنوتیپ ها ۹۱
۴-۳ هتروزیگوسیتی یا تنوع ژنی ۹۲
۴-۴ معیارهای چند شکلی یا پلی مورفیسم ۹۵
۴-۵ فراوانی اللی ۹۹
۴-۶ تعادل هاردی وینبرگ ۱۰۱
۴-۷ تنوع ژنتیکی و درصد جایگاههای پلی مورف ۱۰۲
۴-۸ آنالیز تنوع ژنتیکی Nei در زیر جمعیتها ۱۰۸
۴-۹ برآورد فاصله ژنتیکی و رسم درخت فیلوژنی ۱۰۹
۴-۱۰ تجزیه داده های مولکولی با استفاده نرم افزار NTSYS ۱۱۶
نتیجه گیری کلی ۱۱۹
منابع و ماخذ ۱۲۲

فهرست جداول

جدول(۴-۱) دامنه اندازه اللی برای نشانگر C و(AG) ۹۸
جدول(۴-۲) دامنه اندازه اللی برای نشانگر C و(GA) ۹۸
جدول(۴-۳) براوردی از درصد تعداد قطعات در هر گله آنالیز شده با نشانگر C و(AG) ۱۰۰
جدول(۴-۴) براوردی از درصد تعداد قطعات در هر گله آنالیز شده با نشانگر C و(GA) ۱۰۱
جدول(۴-۵) میانگین شاخص شانون برای هر گله آنالیز شده با نشانگر C و(AG) ۱۰۳
جدول(۴-۶) میانگین شاخص شانون برای هر گله آنالیز شده با نشانگر C و(GA) ۱۰۳
جدول(۴-۷) نتایج آزمون Brown ۱۰۴
جدول(۴-۸) میانگین تعداد الل واقعی و موثر در جمعیتهای بومی و غیر بومی برای نشانگر C و(AG) ۱۰۴
جدول(۴-۹) میانگین تعداد الل واقعی و موثر در جمعیتهای بومی و غیر بومی برای نشانگر C و(AG) ۱۰۴
جدول(۴-۱۰) میانگین تعداد الل واقعی و موثر در مجموع جمعیتها ۱۰۵
جدول(۴-۱۱) تعداد جایگاههای پلی مورف و درصد پلی مورفیسم در جمعیتها(نشانگر C و(AG)) ۱۰۶
جدول(۴-۱۲) تعداد جایگاههای پلی مورف و درصد پلی مورفیسم در جمعیتها(نشانگر C و(GA)) ۱۰۶

جدول(۱۳-۴) براوردی از متوسط تعداد قطعات برای هر فرد و درصد پلی مورفیسم..... ۱۰۷
جدول(۱۴-۴) فاصله ژنتیکی و درخت فیلوژنی گله های غیر بومی آنالیز شده با نشانگر $C_9(AG)$..... ۱۰۹
جدول(۱۵-۴) فاصله ژنتیکی و درخت فیلوژنی گله های غیر بومی آنالیز شده با نشانگر $C_9(GA)$..... ۱۱۰
جدول(۱۶-۴) فاصله ژنتیکی و درخت فیلوژنی گله های بومی آنالیز شده با نشانگر $C_9(AG)$..... ۱۱۲
جدول(۱۷-۴) فاصله ژنتیکی و درخت فیلوژنی گله های بومی آنالیز شده با نشانگر $C_9(GA)$..... ۱۱۳
جدول(۱۸-۴) فاصله ژنتیکی و درخت فیلوژنی گله های بومی و غیربومی..... ۱۱۴
جدول (۱۹-۴) نتایج تجزیه مولفه های اصلی و میزان تغییرات توسط هر مولفه..... ۱۱۶

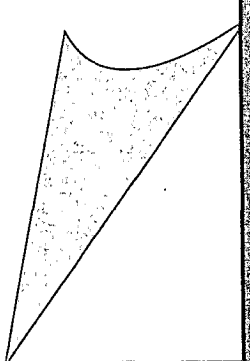
چکیده

در این تحقیق به بررسی پلی مورفیسم ژنتیکی در گاوهای بومی و غیر بومی استان کرمان با استفاده از مارکرهای ISSR پرداخته شده است.

آنالیز مقایسه ای پلی مورفیسم ژنومی دو نژاد گاو نشان داد که نژادهای مورد مطالعه هم بر اساس وجود/عدم وجود قطعات جداگانه و در طیف های ISSR و هم بر اساس فراوانی آنها با هم تفاوت دارند، و از هم قابل تمایز و تفکیک هستند. تعداد جایگاههای پلی مورف و درصد پلی مورفیسم بر اساس نشانگرهای ISSR در نژادهای بومی نسبت به غیر بومی بیشتر است که حکایت از درصد بالاتر تنوع در این نژادها دارد. البته برای بعضی از گله ها که در طی مدت طولانی از اسپرم های یک گاو نر استفاده کرده اند درصد پلی مورفیسم مقداری پایین تر آمده و نسبت به گله های دیگر کمتر است و تا حدودی در نژاد غیر بومی پایین آمده که این امر زنگ خطری برای حفظ ذخائر ژنتیکی با ارزش می باشد. درخت فیلوژنی برای گله های بومی و غیر بومی بخوبی نشان می دهد که گله های بومی یک خویشاوندی و نزدیکی نسبت به هم دارند، در صورتی که گله های غیر بومی فاصله ژنتیکی زیاد و شباهت کمی دارند و این امر هم قابل انتظار بود چرا که گله های غیر بومی منطقه از نژادهای مختلف خارجی می باشند و نیز از اسپرم های با منشا ژنتیکی بسیار متفاوت برای تلقیح استفاده می شود. بطور کلی می توان گفت که این نشانگر ها برای مطالعه تنوع و صفات مختلف، نژادها، گله ها، خانواده ها و لاین های گاو بسیار مفید و با ارزش هستند و برای اینگونه تحقیقات پیشنهاد می شوند.

کلمات کلیدی: پلی مورفیسم ژنتیکی، نشانگر ISSR، گاوهای بومی و غیر بومی استان کرمان، درخت فیلوژنی

فصل اول: مقدمه



مقد مه

سالهای متمادی است که انسان جهت رفع نیازهای خود برای تغییر در جوامع حیوانی تلاش می کند. از آنجا که تفاوتهای انفرادی بین حیوانات در تبدیل مواد گیاهی به مواد غذایی قابل استفاده برای انسان وجود دارد و انتخاب حیوانات و اصلاح آنها بر اساس سیستمهای مختلف پرورش از مدتها پیش فکر بشر را به خود متوجه نموده است. در این راه پیشرفتهای چشمگیری نیز حاصل شده است. حدود یک قرن است که اصلاح نژاد نوین بر اساس اصول ژنتیکی مشخص شده طراحی گردیده است، البته باید توجه داشت که این اقدامات دنباله کار چندین هزار ساله اهلی نمودن حیوانات است، که حاصل انتخاب طبیعی و مصنوعی می باشد. امروزه اصلاح نژاد در حیوانات مزرعه ای به منظور بهبود بازده اقتصادی حیوانات با استفاده از نژادهای تجاری موجود انجام می شود. اصلاح نژاد به کارگیری دانش علمی برای بهبود ژنتیکی حیوانات در جهت بالا بردن توان تولیدی آنها می باشد. کاربرد تکنیکهای پیشرفته اصلاح نژاد، مدیریت، تغذیه و بهداشت، روند تولید دامی را برای سالهای اخیر به مقدار قابل ملاحظه ای افزایش داده است(٤).

در طول تاریخ کشاورزی، بشر از فرآیند طبیعی مبادله ژنی در قالب اصلاح نباتات و دام و بوجود آمدن تنوع خصایص بیولوژیکی استفاده نموده است واقعیت فوق پشتوانه کلیه تلاشها برای اصلاح گونه های کشاورزی خواه از طریق اصلاح به صورت سنتی و یا از طریق تکنیکهای بیولوژیکی ملکولی بوده است. در این دو مورد بشر برای تولید انواع گیاهان و جانورانی که دارای صفات و خصایص مطلوب باشند مانند گیاهان مقاوم به بیماریها و دامهای خوراکی که در آنها نسبت ماهیچه زیادتر است، تلاش کرده اند. در واقع تفاوت اصلاح نژاد به صوت سنتی و روشهای بیولوژیکی ملکولی(انتقال ژن) نه در هدف هاست و نه در فرآیندها بلکه در سرعت، دقت، قابلیت اطمینان و دامنه کار قرار دارد. انسان از زمانهای بسیار گذشته از دامهای اهلی، به طرق مختلف استفاده کرده است(۱۰).

بی گمان، در زمان حال و آینده، مواد غذایی به ویژه نوع حیوانی آن نقش سرنوشت سازی در استقلال، سلامت و سازندگی ملت ها داشته و خواهد داشت. ملت هایی که دچار کمبود و فقر مواد غذایی باشند توانمندی فکری، سیاسی و اقتصادی خود را از دست داده بیش از حد تصور، سلطه پذیر خواهند شد. زیرا چه بسا بتوان بدون وسایل و تجهیزات مورد نیاز جوامع امروزی زندگی کرد ولی بدون غذا هرگز (۷).گاو در تمام نقاط جهان، جزئی اصلی از دامپروری و کشاورزی به شمار می آید. این حیوان، محصولاتی مانند شیر، گوشت، تن پوش، کود، سوخت و مانند آنها را در اختیار انسان قرار می دهد(۵).

جمهوری اسلامی ایران با تمامی امکانات بالقوه ای که از لحاظ شرایط اقلیمی و تنوع آب و هوایی دارد هنوز نیازمند واردات انواع مواد غذایی اعم از حیوانی و گیاهی می باشد.

با توجه به محدود بودن منابع غذایی دام و عدم امکان افزایش تعداد دام در کشور برای افزایش تولیدات دامی و خودکفایی، علم ژنتیک و اصلاح نژاد برای بالا بردن راندمان در هر واحد تولیدی، نقش مهمی را برعهده خواهد داشت.

شکل گونه ها همواره به دلیل وجود تغییرات محیطی همچون تغییرات ناشی از آلودگی هوا، گرم شدن زمین، تغییر در بیماری ها و انگل ها و پیدایش رقیبان جدید تغییر می کند(۳۲).

برای غلبه بر چنین تغییراتی گونه ها یا باید تکامل یابند و یا منقرض شوند، بنابراین بررسی خصوصیات ملکولی در نژادهای گاو برای جلوگیری از انقراض بوسیله کراس بریدنیگ مهم و ضروری می باشد. تنوع ژنتیکی موجود در یک جمعیت توانایی تکامل جمعیت را منعکس می کند. لذا اصلاحگران از تنوع ژنتیکی برای رسیدن به حیوانات اهلی منطبق بر اهدافشان بهره می گیرند.

به دو دلیل حفظ تنوع ژنتیکی اهمیت دارد:

۱ـ تغییرات شرایط محیطی پروسه ای است که همواره در جریان است و تنوع ژنتیکی برای سازگاری جوامع با چنین تغییراتی لازم است.

۲ـ فقدان تنوع ژنتیکی غالباً با افزایش همخونی و کاهش سازگاری تولید مثلی همراه است. لذا بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از پلی مورفیسم از آنجائیکه ناشی از ژن های طبیعی با فراوانی بینابینی می باشد، در مقایسه با بررسی اختلافات ژنتیکی ناشی از ژن های جهش یافته یا غیر طبیعی که غالبا کمیاب و بخش کوچکی از تغییرات ژنتیکی در جمعیت های طبیعی را شامل می شود از نظر اصلاح اهمیت بیشتری دارد.

دانشمندان از تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی و وحشی و پرورش نژادهای جدید حیوانات برای توسعه محصول و تنوع در محصولات استفاده کرده اند(۳۲).

روشهای اصلاحی معمول در حیوانات مبتنی بر معیارهای فنوتیپی می باشد که با توجه به اطلاعات دقیق از ژنتیک مندلی، ژنتیک جمعیت و ژنتیک کمی همراه با تکنیکهای پیچیده تجزیه و تحلیل آماری گسترش یافته اند. این روش ها هر چند در ایجاد پیشرفت ژنتیکی برای صفات گوناگون موفق بوده اند، ولی معایبی را در دراز مدت به دنبال دارند که از آن جمله می توان کاهش عمومی واریانس ژنتیکی، تثبیت آللهای معیوب و همچنین فشار همخونی را نام برد. انتخاب براساس اطلاعات ژنتیکی حیوان این خطرات را کاهش می دهد. پیشرفت های تحسین برانگیزی اخیراً در ژنتیک ملکولی و تکنولوژی زیستی صورت گرفته است و ابزارهای قدرتمند و جدیدی را برای اصلاح ژنتیکی حیوانات فراهم کرده است. یکی از مفیدترین این ابزارها نشانگرهای DNA می باشد که وراثت پذیر بوده و نشان دهنده تفاوت های اطلاعات ژنتیکی (ردیف های بازیDNA) موجود بین افراد در داخل و بین جمعیت ها میباشند. اطلاعات بدست آمده از نشانگرهای DNA امروزه علاوه بر اصلاح دام و نبات در سایر زمینه ها نیز استفاده گسترده ای یافته اند که عمده ترین آنها استفاده در پزشکی، پزشکی

قانونی، تشخیص والدین، تشخیص بیماریهای گیاهی، مطالعات ژنتیکی تکامل و طبقه بندی موجودات زنده می باشد(٦).

استفاده از نشانگرها در اصلاح دام جایگاه خاصی را به خود اختصاص داده است و استفاده مناسب از آنها باعث افزایش دقت و سرعت در میزان بهبود اصلاح ژنتیکی دام می شود. انتخاب براساس نشانگرها در مورد صفات دارای وراثت پذیری پایین، صفات مشکل از نظر اندازه گیری، صفات محدود به جنس و همچنین صفاتی که در ابتدای زندگی بروز نمی کنند، موفق بوده است(٥٦).

۱-۱ جایگاه گاو در رده بندی جانوری

گاو متعلق به خانواده بوویده[۱]،زیر بخشی از زیر راسته نشخوارکنندگان از راسته آرتیو داکتیل می باشد. خانواده بوویده چندین جنس دارد که یکی از آنها جنس بس [۲] بوده که شامل تمام گاوهای وحشی و اهلی می باشد. گاوهای اهلی متعلق به زیر جنس تاروس[۳] از جنس بس هستند. اعضای این زیر جنس در اروپا،آسیا و شمال آفریقا تا همین اواخر به طور وحشی وجود داشته اند. این حیوانات شاخ های استوانه ای دور از هم در محل تاج سر،پیشانی پهن،استخوان های بلند بینی،کمر راست،موههای کوتاه و چشم هایی خیلی پایین تر از شاخ دارند. زیر جنس تاروس شامل دو گونه است ایندیکوس[٤] و تیپیکوس[٥] است اولی شامل حیوانات کوهان دار و دومی شامل تمام حیوانات بی کوهان است(٤).

نژادهای گاو را می توان براساس استفاد ه هایی که از آنها می شود به شیری، گوشتی و دو منظوره تقسیم کرد. شورت هورن قبلا جز گاوهای دو منظوره تلقی می شد،لیکن طی سالهای اخیر پرورش دهندگان تصمیم گرفته اند که بر روی مشخصات شیری نژاد تأکید کنند. علاوه بر شورت هورن

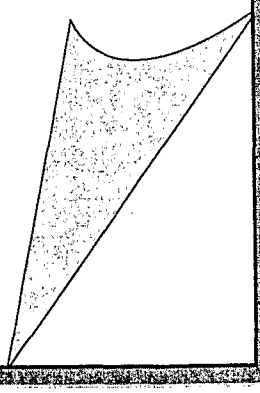
---

۱ - Bovidae
۲ -Bos
۳ -Tauras
٤ - Indicus
٥ -Typicus

شیری، پنج نژاد شیری اصلی دیگر یعنی، ایرشایر،براون سوئیس گرنزی،هلشتاین و جرسی رامی توان نام برد.(٤)

در این طرح،گاوهای هلشتاین به عنوان گاوهای غیر بومی استان کرمان در نظر گرفته شده است. نژادهای گاو بومی ایران، همانند اکثر نژادهای بومی در سایر کشورهای آسیایی،آفریقا،آمریکای جنوبی، از نظر تولید، در مقایسه با نژادهای گاو اروپایی و آمریکائی در سطح پایین تری واقع اند. علیرغم پتانسیل تولیدی پایین، نژادهای بومی این مناطق بدلیل انتخاب طبیعی و مصنوعی اعمال شده برای سالیان طولانی با شرایط معمولاً نامساعد آب و هوایی محیط زیستشان بخوبی تطابق داشته و نسبت به تنشهای محیطی مختلف و بیماریهای محیطی مقاومت دارند از طرف دیگر پرورش نژادهای اروپایی در مناطق گرمسیری با کاهش رشد، افزایش تلفات و کاهش باروری روبرو بوده است. چنین شرایطی حداکثر توجه و بهره وری از استعداد های ژنتیکی گاوهای بومی را در برنامه های اصلاح نژادی ایجاب می کند(٤).گاوهای بومی استان کرمان عمدتا از نژاد جرزی بوده که با شرایط آب و هوایی منطقه سازگاری پیدا کرده اند و با شرایط محیطی از جمله وضعیت بد تغذیه ای و منطقه خشک زندگی کنار آمده اند.

فصل دوم: بررسی منابع



۱-۲ بیوتکنولوژی و ژنتیک ملکولی در توسعه صنعت دامپروری :

همانطور که می دانیم ژنتیک کمی در طی دوران متوالی در دهه اخیر شگفتی های بسیاری آفرید و این شگفتیها حاصل همکاری دو علم ژنتیک ملکولی و آمار ریاضی بوده است. در طی ۱۰ تا ۱۵ سال اخیر با توسعه مهندسی ژنتیک و ژنتیک ملکولی، بیوتکنولوژی مدرن توانست شگفتی های بسیاری در علم بیولوژی ایجاد کند که بخشی از این تکنیکها را می توان در توسعه صنعت دامپروری مشاهده کرد.

اگر بخواهیم از نظر تاریخی تکامل علم ژنتیک را بررسی کنیم گروه بندی به قرار زیر خواهد بود:

۱ـ ژنتیک کلاسیک ۲ـ ژنتیک جمعیت ۳ـ ژنتیک کمی ٤ـ ژنتیک ملکولی ٥ـ مهندسی ژنتیک

وجه مشترک در سه کلاس اول، دستیابی به اطلاعات بیولوژیکی با استفاده از مشاهدات فنوتیپی است. با افزایش دانش فنی که در تمام علوم صورت گرفت، ژنتیک ملکولی و مهندسی ژنتیک متولد گردیدند.تفاوت دو کلاس آخر با سه کلاس قبلی در این است که به جای مشاهدات فنوتیپی می توان مستقیماً از ژنوتیپ مشاهده داشته باشیم و با استفاده از مشاهدات ژنوتیپی و به کمک متدهای طراحی شده پیشرفت ژنتیکی و تخمین یک پارامتر ژنتیکی را در جامعه ژنتیکی و یا یک فرد بیولوژیکی به دست آورد(۳). اگر بخواهیم یک تعریف کلاسیک از دو علم ژنتیک ملکولی و بیوتکونولوژی داشته باشیم، ژنتیک علم رمزگشایی اطلاعات بیولوژیکی است و بیوتکنولوژی علمی است که به ما این توانایی را می دهد که از سیستم های بیولوژیک فرآورده تهیه کنیم. اساس کار در ژنتیک کلاسیک این است که عموماً با مشاهدات فنوتیپی سر و کار داریم و پس از آن مشاهدات فنوتیپی را در حوزه پردازش قرار می دهیم. با توجه به توسعه ای که علم آمار ریاضی پیدا کرده است و با همکاری این علم با ژنتیک کلاسیک ما می توانیم تخمین دقیق و تفکیکی خوبی از محیط و ژنوتیپ داشته باشیم.

۲ـ۲ رفتار داده ها وعملکرد داده سازی در سیستم ژنتیک کلاسیک

کارایی سیستم در برخی موارد پایین است از جمله:

۱ـ بروز فنوتیپی برخی از صفات در اواخر دوران زندگی حیوان

۲ـ بروز فنوتیپی برخی از صفات در یکی از دو جنس

۳ـ دست یابی به داده ها بعد از مرگ حیوان در برخی از صفات

٤ـ عدم ترجمه همه ساختارهای ژنتیکی به فنوتیپ

اصولاً در هر سیستمی داده ها دو رفتار دارند یا بارز هستند و یا هم بارز که می توان با استفاده از مدل های مربوطه پارامترها را تخمین بزنیم. در سیستم مدرن نیز جمع آوری و پردازش داده ها را خواهیم داشت و تخمین پارامتر و پیشرفت ژنتیکی را نیز متعاقباً بدست خواهیم آورد. اختلاف این سیستم با سیستم کلاسیک این است که به جای مشاهدات فنوتیپی مستقیماً ژنوتیپ را آنالیز می کنیم.

-عملکرد داده ها و منابع تنوع در سیستم ژنتیک ملکولی

کارایی در این سیستم بالاست زیرا: (۳)

۱ـ امکان تعیین ژنو تیپ در هر زمان از زندگی وجود دارد.

۲ـ امکان تعیین ژنو تیپ درهر یک از دو جنس وجود دارد.

۳ـ امکان دست یابی به ژنوتیپ از توالی های غیر ژنی وجود دارد.

در این حالت منابع تنوع شامل موارد زیر خواهد بود:

۱ـ داده سازی بر اساس پروتئین

۲ـ داده سازی بر اساس DNA

الف-داده سازی بر اساس پروتئین

اولین کارهای ملکولی که بشر دست به انجام آن زد کار بر روی پروتئین ها بود. با کشف تکنیک الکتروفورز بشر توانست با قرار دادن ذرات باردار بیولوژیک در یک میدان الکتریکی و حرکت آنها به سمت قطبین، تنوع آللیک را در صورت وجود مشخص نماید وقتی محصول الکتروفورز را در یک بستر نگه دارنده قرار می دهیم، با توجه به اندازه و حرکت متفاوت در میدان الکتریکی و ایجاد باند، فرم های آللیک شناسایی می گردند.

جداسازی پروتئین ها در یک میدان الکتریکی بر اساس سه معیار انجام می گیرد:

۱ـ اندازه

۲ـ شکل

۳ـ بار

در داده سازی بر اساس پروتئین اولین منبع آلوزایم ها هستند که در عین داشتن ساختار ملکولی یکسان، قادرند عملکرد کاتالیزوری متفاوتی داشته باشند. دومین منبع داده سازی براساس پروتئین، این است که پروتئین را به لحاظ توالی شناسایی[۱] و در صورت وجود فرم های آللیک آنها را مشخص نماییم(۷٤).

مزایا:

۱ـ به جای مشاهدات فنوتیپی، مشاهده در سطح فرآورده ژنی صورت می گیرد و در نتیجه فاصله ما را به ژنوتیپ حیوان نزدیک تر می کند.

۲ـ دارای الگوی توارثی هم بارزی هستند. در نتیجه می توان روند تغییرات آلل را در جامعه تخمین زد.

۳ـ در زمان بسیار اندک انجام گرفته و بسیار ارزان است.

۱-Sequencing