بسم الله الرحمن الرحيم

دانشگاه زنجان
دانشکده کشاورزی
گروه علوم دامی

پایان نامه جهت دریافت درجه کارشناسی ارشد (M. Sc.) در رشته‌ی ژنتیک و اصلاح دام

ردیابی جایگاه‌های صفت کمی درصد چربی شیر روی کروموزوم ۱۴ در جمعیت هلشتاین ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

تحقیق و نگارش

مهناز نوری صادق

اساتید راهنما

دکترمرادپاشا اسکندری نسب

دکتر رحیم عصفوری

اساتید مشاور

دکتر سعید انصاری مهیاری

دکتر محمد طاهر هرکی‌نژاد

شهریور ۱۳۹۱

تقدیم به

روح پاک پدرم که عالمانه به من آموخت تا چگونه در عرصه زندگی، ایستادگی را تجربه نمایم

به مادرم، دریای بی کران فداکاری و عشق که وجودم برایش همه رنج بود و وجودش برایم همه مهر

به خواهران و برادران مهربانم که عاطفه سرشار و گرمای امیدبخش وجودشان در این سردترین روزگاران بهترین پشتیبان است

به همسر عزیزم، اسطوره زندگیم، پناه خستگیم و امید بودنم

و همه کسانی که لحظه ای بعد انسانی و وجدانی خود را فراموش نمی کنند و بر آستان گران سنگ انسانیت سر فرود می آورند و انسان را با همه تفاوت هایش ارج می نهند.

تقدیر و تشکر

سپاس خدای را که سخنوران، در ستودن او بمانند و شمارندگان، شمردن نعمت های اوندانند و کوشندگان، حق او را گزاردن نتوانند. و سلام و دورد بر محمّد و خاندان پاک او، طاهران معصوم، هم آنان که وجودمان وامدار وجودشان است؛ و نفرین پیوسته بردشمنان ایشان تا روز رستاخیز...

از اساتید با کمالات و شایسته؛ جناب آقای **دکتر مرادپاشا اسکندری نسب** و جناب آقای **دکتر رحیم عصفوری** که در کمال سعه صدر، با حسن خلق و فروتنی خودشان، از هیچ کمکی در این عرصه بر من دریغ ننمودند و زحمت راهنمایی این رساله را بر عهده گرفتند؛ از اساتید صبور جناب آقای دکتر **سعید انصاری مهیاری و** جناب آقای **دکتر محمدطاهر هرکی نژاد** که زحمت مشاوره این رساله را در حالی متقبل شدند که بدون مساعدت ایشان، این پروژه به نتیجه مطلوب نمی‌رسید؛ و از اساتید فرزانه و دلسوز؛ جناب آقای **دکتر محمدحسین شهیر و سرکار خانم دکتر فروزان قاسمیان** که زحمت داوری این رساله را متقبل شدند؛ کمال تشکر و قدردانی را دارم. باشد که این خردترین، بخشی اززحمات آنان را سپاس گوید.

با سپاس از همکاری صمیمانه **آزمایشگاه ژنومیکس پژوهشکده بیوتکنولوژی موسسه ابری کرج و همچنین پژوهشکده بیوتکنولوژی رشت** و مسئولین گرامی آقایان دکتر محسن مردی، دکتر مسعود توحیدی فر، دکتر علیرضا ترنگ، دکتر فرجاد رفیعی ، دکتر علی اسماعیلی زاده، دکتر صادق علیجانی و مهندس رامین صیقلانی که دلسوزانه اینجانب را در اجرای هر چه بهتر پایان نامه یاری نمودند.

چکیده

دراین مطالعه ردیابی جایگاه‌های صفت کمی (QTL)درصد چربی شیر در جمعیت هلشتاین ایران با استفاده از ۱۰ جفت نشانگر ریزماهواره مربوط به کروموزوم ١٤ شامل: ILSTS039, CSSM066, ILSTS011,CBDIKM002, CBDIKM004, DIK5080, DIK4884, DIK4361, DIK258, BM1508, که از بانک اطلاعاتی جهانی ژنوم گاو (http://www.marc.usda.gov/genome) استخراج شده بود، مورد بررسی قرار گرفت. نمونه خون از ۱۰ خانواده پدری شامل ۲۳۲ نتاج گاو ماده هلشتاین از گاوداری‌های تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد و بهبود شیر کشور مربوط به استان‌های تهران، اصفهان، مرکزی، خراسان، فارس، یزد، قزوین و زنجان جمع آوری شد. سپس استخراج DNA از نمونه‌ها با استفاده از کیت استخراج *AccuPrep*® (BIONEER ، کره‌جنوبی) صورت گرفت و آنالیز مولکولی در پژوهشکده بیوتکنولوژی شمال کشور (ABRIIN) انجام شد. بعد از سنجش کمیت و کیفیت DNA استخراج شده، واکنش‌های PCR با تمام نشانگرها آزمایش شد. تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها با کمک موئین الکتروفورز انجام گرفت و پس از تعیین ژنوتیپ، تجزیه و تحلیل داده‌ها برای یافتن محتمل‌ترین محل QTL با استفاده از نرم افزار DMU صورت پذیرفت. محتمل ترین مکان‌ها که حداکثر آزمون درستنمایی را داشته و معنی دار بود، برای درصد چربی موقعیت (٣ cM)، و برای تولید شیر و همچنین تولید چربی موقعیت (٥٤ cM) بدست آمد ($p<۰/۰۵$). با توجه به اینکه ژن DGAT1 در موقعیت سانترومری کروموزوم ١٤ قرار دارد، ممکن است این ژن یک کاندیدای قوی برای اثرات مشاهده شده QTL مربوط به درصد چربی در این جایگاه باشد.

واژگان کلیدی: تشخیص ژن‌های بزرگ اثر، جایگاه‌های صفت کمی، کروموزوم ١٤، گاو هلشتاین ایران

فهرست مطالب

عنوان **صفحه**

فصل اول: مقدمه

۱-۱-مقدمه ۲

۱-۲- اهداف ۵

فصل دوم: کلیات و بررسی منابع

۲-۱- پرورش گاو ۷

۲-۲- اهداف و روش‌های اصلاحی ۷

۲-۳- نشانگرهای DNA ۹

۲-۳-۱- ریزماهواره‌ها ۹

۲-۳-۱-۱- جهش در ریزماهواره‌ها ۱۰

۲-۳-۱-۲- معایب، مزایا و کاربردهای ریزماهوارهها ۱۱

۲-٤- PCR ۱۲

۲-۵- بررسی QTL ۱٤

۲-۵-۱- سابقه تاریخی ۱٤

۲-۵-۲- روش‌های آماری آنالیز QTL ۲۵

۲-۵-۲-۱- تحلیل تک نشانگری در خانواده ناتنی پدری (PHS) ۲٦

۲-۵-۲-۲- تحلیل نشانگرهای مجاور ۲۸

۲-۵-۲-۳- مدل آماری ۲۹

۲-۵-۳- مدل‌های خطی ۳۱

۲-۵-٤- حداکثر درستنمایی یا احتمال ۳۲

فهرست مطالب

عنوان **صفحه**

۲-٦- تعادل و عدم تعادل بین جایگاه‌های پیوسته ۳۳

۲-۷- اصول تفرق و نوترکیبی ۳۳

۲-۸- عوامل موثر در شناسایی و مکان‌یابی QTL ۳٤

۲-۹- روش‌های تشخیص QTL ۳۵

۲-۹-۱- روش اسکن ژنوم ۳٦

۲-۹-۲- مطالعه QTL بر اساس ژن‌های کاندید ۳۷

۲-۱۰- انواع جمعیتهای مورد مطالعه و طرحهای مناسب برای آنها ۳۷

۲-۱۰-۱- جمعیت‌هایی با آمیزش خویشاوندی ۳۷

۲-۱۰-۲- جمعیت‌های بدون آمیزش خویشاوندی ۳۸

۲-۱۰-۲-۱- طرح دختری ۳۸

۲-۱۱- مقدمات مورد نیاز برای شناسایی QTL ۳۹

۲-۱۲- تشخیص QTL با اثرات کوچک ٤۰

۲-۱۳- نقشه‌های ژنتیکی و فیزیکی ٤۰

فصل سوم: مواد و روش‌ها

۳-۱ - جمع آوری نمونه‌های خون رکوردهای موردنظر ٤۳

۳-۲ – نحوه‌ی نمونه‌گیری ٤۳

۳-۳ - استخراج DNA ٤۳

۳-۳-۱- روش استخراج ٤٦

۳-٤ - سنجش کیفیت DNA استخراج شده: ٤۸

فهرست مطالب

عنوان **صفحه**

۳-۵- سنجش کمیت DNA استخراج شده: ۵۱

۳-٦- رقیقسازی DNA استخراج شده:..... ۵۳

۳-۷- آغازگرها..... ٥٤

۳-۸- تکثیر توالی نشانگرها با استفاده از PCR:..... ۵۵

۳-۹- بهینه‌سازی PCR ۵۸

۳-۱۰- تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها با کمک موئین الکتروفورز ٦۱

۳-۱۱-تجزیه آماری ٦۵

۳-۱۲- چند شکلی در ریزماهواره‌ها و آماده سازی فایل داده‌ها ٦٦

۳-۱۳- تجزیه ژنتیکی و آزمون حداکثر درستنمایی ٦٦

فصل چهارم: نتایج و بحث

٤-۱- نشانگرهای ریزماهواره..... ٦۹

٤-۲- چند شکلی در ریزماهواره‌ها و آماده سازی فایل داده‌ها..... ٦۹

٤-۳- تجزیه ژنتیکی و آزمون حداکثر درستنمایی..... ۷۰

٤-٤- بحث ۷٤

٤-۵- نتیجه گیری و پیشنهادات ۸۱

فهرست جدول‌ها

عنوان **صفحه**

أ

جدول ۲-۱- بررسی صفات شیر بر روی کروموزوم‌های مختلف در جمعیتهای متفاوت ۸

جدول ۲-۲-.ترکیبات آللهای نشانگر و QTL به ارث رسیده از والد نر(هاپلوتیپهای پدری)..... ۲۷

جدول۲-۳- احتمالات شرطی توارث آلل مطلوب QTL (آلل Q) از والد نر ۳٤

جدول ۳-۱- مواد موجود در کیت استخراج DNA ژنومی *AccuPrep*® (برای ۱۰۰ نمونه)..... ٤٥

جدول ۳-۲- اجزای موجود در کیت استخراج DNA ژنومی *AccuPrep*® (برای ۱۰۰ نمونه) ٤٥

جدول ۳-۳- آغازگرهای مورد استفاده در این پژوهش ٥٥

جدول۳-٤- مشخصات مواد به‌کار رفته در PCR ٥٦

جدول ۳-٥- ترکیب بهینه‌سازی شده هر واکنش در PCR..... ٥٩

جدول ۳-٦- زمانبندی، چرخه‌ها و دماهای بهینه‌سازی شده مراحل مختلف PCR ٦٠

جدول ۳-۷- دماهای اتصال اصلی بهینه‌سازی شده برای آغازگرهای نشانگرهای مورد مطالعه..... ٦٠

جدول ٤-۱- اطلاعات هر نشانگر(موقعیت، تعداد آلل و تعداد نتاج تعیین ژنوتیپ شده هر نشانگر)..... ۷۱

جدول ٤-۲- صفات مورد بررسی و نشانگرهای قرار گرفته در موقعیت های معنی دار شدهQTL..... ۷۱

جدول ٤-۳- QTLهای گزارش شده بر روی کروموزوم ١٤ گاوبرای صفات تولید شیر در گاو شیری ۷۷

جدول ٤-٤- سه مولفه واریانس (QTL،پلی ژنیک و باقی مانده) تخمین زده شده QTL..... ۷۸

جدول ٤ -٥- سه مولفه واریانس (QTL،پلی ژنیک و باقی مانده) تخمین زده شده ۷۹

جدول ٤-٦- سه مولفه واریانس (QTL،پلی ژنیک و باقی مانده) تخمین زده شده..... ۸۰

فهرست شکل‌ها

عنوان **صفحه**

شکل۲-۱- نرم‌افزار رایانه‌ای برای محاسبه حداکثر درستنمایی اثر و مکان QTL ۳۲

شکل۲-۲-. طرح دختری. M2 و M1 آللهای نشانگر پدری، Mx آلل نشانگر مادرها ۳۹

شکل۳-۱- ستون تخلیص جا گرفته در یک تیوب ۲ میلی‌لیتری موجود در کیت ٤٦

شکل۳-۲.- سامانه الکتروفورز افقی HU25 Maxi-Plus Standard ٤٨

شکل ۳-۳- دستگاه ترانسلومیناتور BioDocAnalyze ۵۰

شکل ۳-٤- سنجش کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۵۰

شکل ۳-۵- دستگاه اسپکتروفتومتری NanoDrop 2000 ..... ۵۱

شکل ۳-٦- صفحه مربوط به سنجش غلظت اسیدهای نوکلئیک در برنامه Thermo Software IQ ۵۳

شکل ۳-۷- دستگاههای ترموسایکلر: الف)9700 ABI GeneAmp® ، ب) PC-818 ..... ۵۷

شکل ۳-۸- تصویر ژل آگارز مربوط به نشانگر CSSM066 در شرایط بهینه تکثیر ٦۰

شکل۳-۹- تصویر نمودار حاصل از موئین الکتروفورز برای نشانگر CSSM066 ..... ٦۱

شکل ۳-۱۰- سیستم موئین الکتروفورز Genetic Analyzer 3130 ..... ٦۳

شکل ۳-۱۱- محیط نرم افزارGeneMapper ٦۳

شکل ۳-۱۲- بخش‌های مختلف دستگاه Genetic Analyzer 3130 ..... ٦٤

شکل ٤-۱- تعداد آلل مشخص شده هر نشانگر. ۷۱

شکل ٤-۲- فراوانی آللی بدست آمده نتاج. ۷۲

شکل ٤-۳- تعداد نرهای هتروزایگوت برای هر نشانگر ۷۲

فهرست شکل‌ها

عنوان **صفحه**

شکل ٤-٤- آستانه معنی‌داری (٪۵ =α) و محتمل‌ترین نقطه برای QTL درصد چربی شیر ۷۲

شکل ٤-٥- آستانه معنی‌داری (٪۵ =α) و محتمل‌ترین نقطه برای QTL تولید شیر ۷۳

شکل ٤-٦- آستانه معنی‌داری (٪۵ =α) و محتمل‌ترین نقطه برای QTL تولید چربی شیر ۷۳

شکل ٤-۷- آستانه معنی‌داری (٪۵ =α) برای QTLهای درصد چربی شیر..... ۷٤

شکل ٤-۸- محتمل ترین مکان QTL تولید شیر (نمودار بالا) و تولید چربی (نمودار پایین) ۷۸

شکل ٤-۹- سه مولفه واریانس QTL، واریانس پلی ژنیک و واریانس باقی مانده ۷۹

شکل ٤-۱۰- سه مولفه واریانس QTL، واریانس پلی ژنیک و واریانس باقی مانده..... ۸۱

فهرست فرمول‌ها

عنوان **صفحه**

(۲-۱) میانگین مورد انتظار نتاج دریافت کننده‌ی آلل M ۲۷

(۲-۲) میانگین مورد انتظار نتاج دریافت کننده‌ی آللm ۲۷

(۲-۳) اختلاف دو گروه نتاج دریافت کننده‌ی آلل M وm ۲۷

(۲-٤) احتمال شرطی توارث آلل مطلوب QTL (Q) از والد نر برای هر یک از نتاج ۲۸

(۲-۵) مدل رگرسیون برای روش IM در یک خانواده‌ی ناتنی پدری..... ۲۹

(۲-٦)رگرسیون خطی ۳۰

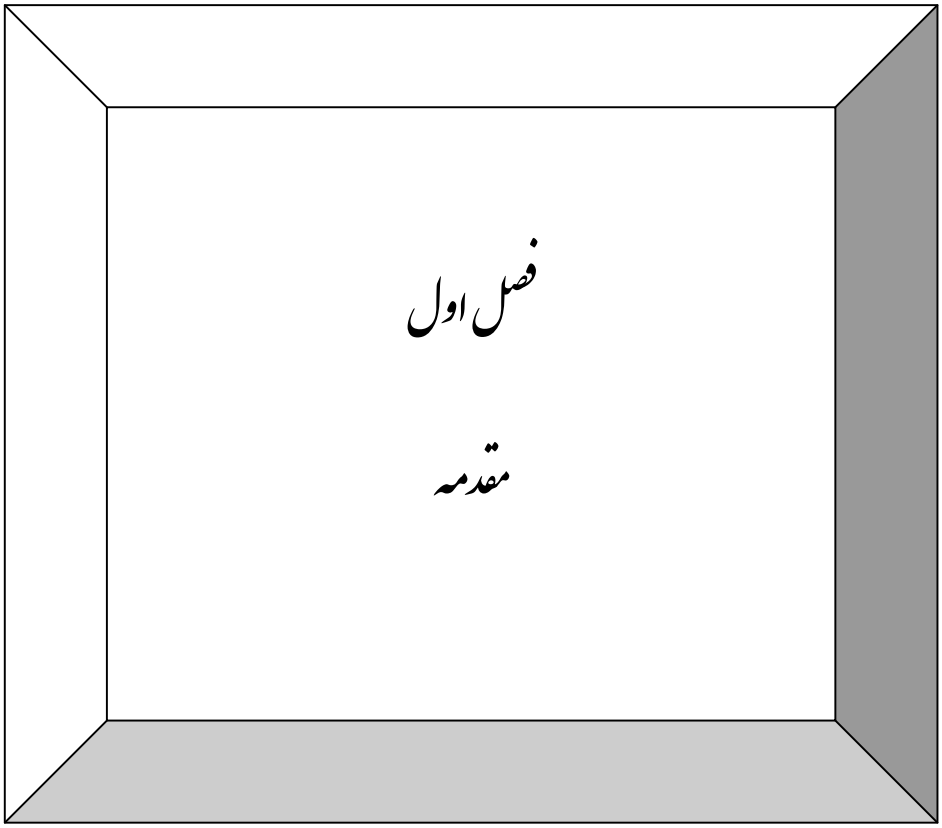
(۲-۷)مدل رگرسیونی تفاوت میانگین گروه‌های مختلف نشانگر با در نظر گرفتن فراوانی نوترکیبی بین QTL و نشانگر ۳۱

(۳-۱) غلظت DNA دو رشته‌ای ۵۱

(۳-۲) حجم لازم برای رقیق سازی DNA..... ٥٤

(۳-۳) محاسبه حجم‌های مورد نیاز ۵۸

(۳-٤) آزمون نسبت درستنمایی ٦۷



فصل اول

مقدمه

۱-۱- مقدمه

در دهه‌های اخیر علم ژنتیک مولکولی پیشرفت زیادی داشته است و در حال حاضر امکان تشخیص تعداد زیادی نشانگر در فاصله بسیار نزدیک (کمتر از یک سانتی مورگان) بر روی کروموزوم‌ها وجود دارد. بنابراین، امکانات بیشتری جهت بررسی نشانگرهای مرتبط با صفات کمی در دام‌ها و چگونگی انتقال آن‌ها به نسل بعد وجود دارد. در این صورت می‌توان پیوستگی نشانگرها با مکان‌های ژنی کنترل کننده صفات کمی را مطالعه نمود. در نهایت از اطلاعات مربوط به مکان ژن‌های صفات کمی می‌توان برای پیش بینی دقیق‌تر ارزش ارثی دام‌ها و انتخاب آن‌ها به کمک نشانگر استفاده نمود.

برای تعیین محل ژن‌های صفات کمی به نشانگرهایی نیاز است که فراوانی آن‌ها در ژنوم زیاد، پیوسته و نزدیک به یکدیگر باشند و همچنین قابلیت دسترسی، چند آللی و هتروزیگوسیته آن‌ها زیاد باشد. در حال حاضر، مهمترین مشکل تشخیص و تعیین مکان ژن‌های صفات کمی هزینه اقتصادی تعیین ژنوتیپ نشانگرها است. مطالعات زیادی برای کاهش هزینه‌های اقتصادی و تعیین ژنوتیپ نشانگرها و افزایش دقت روش‌های آماری و ژنتیکی در حال انجام است (ربیعی و صبوری، ۱۳۸۷).

نیمن- سورسن[1] و رابرتسون[2] (۱۹۶۱) برای اولین بار طرح آزمایشی دختران[3] را پیشنهاد کردند که عدم تعادل پیوستگی بین مکان ژن‌های صفات کمی شناسایی شده و نشانگرهای ژنتیکی از طریق آنالیز خانواده-

[1] .Neimann-Soressen
[2] .Robertson
[3] .Daughter desigh

های ناتنی بزرگ قابل مشاهده‌است. این افراد ازگروه‌های خونی به عنوان نشانگرهای ژنتیکی استفاده کرده و صفات تولیدی را در سه نژاد شیری دانمارکی بررسی نمودند (Kearsey and Pooni, 2002) .

نقشه یابی جایگاه‌های صفات کمی[1] به وسیله نشانگرهای ژنتیکی بر این اساس استوار است که پدر از نظر جایگاه نشانگر هتروزیگوت بوده و آن نشانگر باQTL پیوسته باشد. نتاجی که آلل خاصی از نشانگر را دریافت می‌کنند، آلل QTL پیوسته با آن را نیز دریافت خواهند نمود. در این روش نتاج بر اساس آلل‌های نشانگری که از پدر دریافت کرده‌اند به دو گروه تقسیم می‌شوند. وجود آلل‌های مختلف QTL پیوسته با نشانگر، منجر به ایجاد اختلاف در میانگین صفت کمی در گروه‌های ژنوتیپی می‌گردد. بنابراین، وجود تفاوت معنی‌دار در میانگین صفت مورد نظر در نتاجی که آلل‌های مختلف نشانگر را دریافت کرده‌اند نشان دهنده پیوستگی QTL با نشانگر خواهد بود. با استفاده ازطرح دختری و مطالب ذکر شده، آزمایشات متعددی جهت نقشه‌یابی QTL صورت گرفته‌است. در گاوهای شیری این مطالعات بیشتر روی صفات تولیدی متمرکز شده-اند. اگرچه وجود نشانگرهایی که با صفات عملکرد در ارتباط می‌باشند گزارش شده‌است، اما این مطالعات تنها به تعداد معدودی از صفات مربوط می‌شد ویا از یک نقشه نشانگری متراکم برخوردار نبوده‌اند. به دنبال تعیین نقشه ژنتیکی در انسان، پروژه‌های زیادی در گاو جهت مطالعات ژنومیکی و شناسایی QTL آغاز گردید. این پژوهش‌ها که اطلاعاتی در مورد موقعیت و اثر ژن‌های مؤثر بر تولید شیر را فراهم آوردند، روش‌های جدیدی را در مسیر اصلاح نژاد فراهم کرده و محققین درصدد استفاده از آن‌ها برآمدند. نتایج مطالعات مختلف نشان می‌دهد که بیشترین QTL مؤثر بر صفات تولید شیردر گاو به ترتیب روی کروموزوم‌های شماره‌ی ١٤ ، ٦ ،٢٠ و٣ قرار گرفته‌اند و ژن‌هایی که روی کروموزوم شماره ١٤ قرار دارند

[1] .Quantitative trait loci=QTL

بیشتر بر مقدار چربی شیر مؤثرند (May etal., 2010; Kolbehdary etal., 2008; Chandra etal., 2005; Rainer etal., 2005; Grisart etal., 2004 and Olsen etal., 2002).

چربی شیر یکی از اجزای مهم در شیر است که هم از نظر انرژی‌زایی و مزه شیر و هم از نظر اقتصادی اهمیت خاصی دارد. در ضمن مطالعات علمی نشان می‌دهد که چربی شیر خود شاخص بسیار خوبی جهت تشخیص سلامتی وضعیت تغذیه گاو می‌باشد. در ایران تاکید فراوان بر درصد چربی شیر است و تلاش گاوداران افزایش این ماده در ترکیب شیرمی‌باشد. یکی از عوامل موثر بر چربی شیر، نژاد حیوان است. مقدار تولید شیر و درصد چربی آن درگاوهای شیرده، در درجه نخست به نژاد گاو بستگی داشته و با خصوصیات ذاتی و ژنتیکی هر گاو ارتباط قطعی و مسلم دارد از همین رو نژاد گاوهای شیری در دنیای امروز در سایه اصلاح نژاد، مطالعه و با آزمایش شناخته شده‌است و همچنین حدود اصالت و بازدهی آن‌ها معلوم و مشخص می‌گردد. در یک دیدگاه کلی نژادهای گاو شیری معروف شامل: ایرشایر، جرسی، گرنزی، براون_سوئیس و فریژن (فریژن هلندی، هولشتاین فریژن، فریژن انگلیسی و فریژن سفید و قرمز) است.

با توجه به بیشترین حجم تولید شیر توسط گاو هلشتاین، تحقیقات زیادی برای افزایش چربی شیر انجام گرفته است بطوریکه لوفت[1] و همکاران (۲۰۰۱) در نتایج خود افزایش ۵/۰۲ کیلوگرم تولید چربی شیر را داشتند و نیز همچنین، اسپلمن[2] و همکاران (۲۰۰۲) ٦ کیلوگرم، گریزارت[3] و همکاران (۲۰۰٤) ۱۰ کیلوگرم، تاللر[4] و همکاران (۲۰۰۲) ۱۰/۷–۷/٦ کیلوگرم افزایش را گزارش کردند.

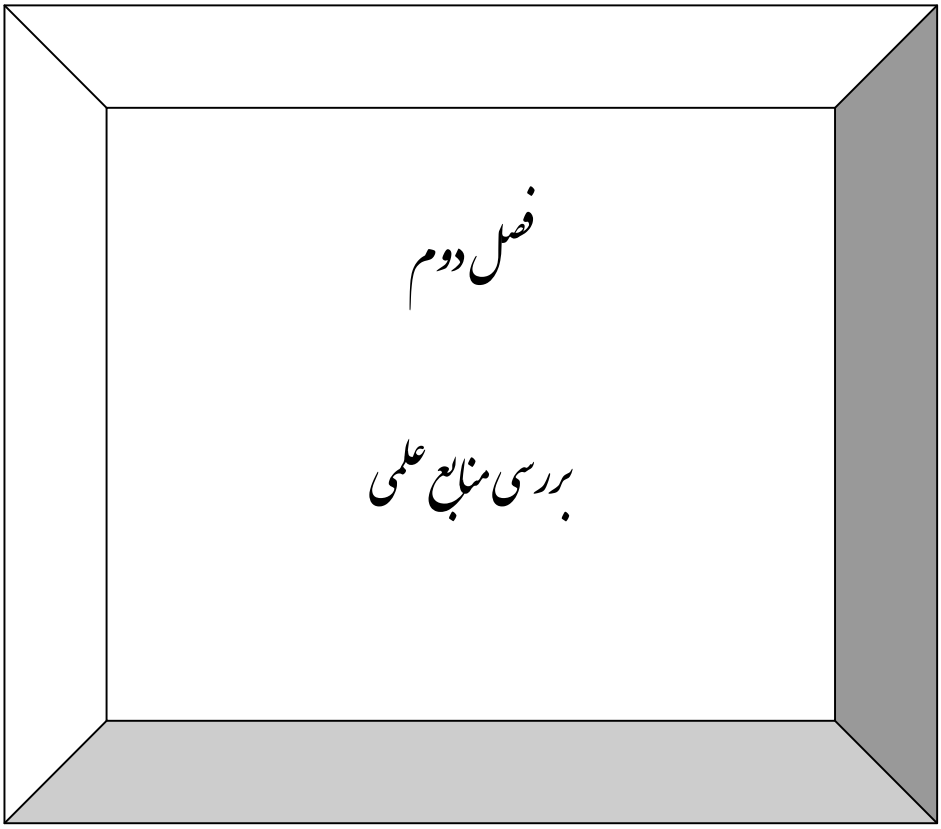
[1]. Loft
[2]. Spelman
[3]. Grisart
[4]. Taller

با توجه به بررسی QTL های درصد چربی شیر، تولید چربی شیرو تولید شیر که ازاهداف این تحقیق می‌باشند می‌توان از جمله اهمیت تولید چربی شیر و درصد چربی شیر را در گاو شیری به این صورت عنوان نمود که چربی شیر حاوی چندین ترکیب بیولوژیکی ویژه می‌باشد که به روشنی نقش تاثیر گذارنده آن‌ها به عنوان عوامل ضد سرطان شناخته شده‌است. در هر حال با توجه به اثرات قابل توجه QTLها در صفات مهم اقتصادی همچون تولید شیر و اجزای آن (از جمله چربی شیر)، انتظار می‌رود کاربرد نقشه‌های ژنتیکی در برنامه‌های بهنژادی منجر به افزایش سرعت پیشرفت به واسطه بالا رفتن دقت در انتخاب، ارزیابی‌های ژنتیکی و همچنین کاهش فاصله تجدید نسل گردد که با طراحی پروژه‌هایی جهت تشخیص و مکان‌یابی QTLهای صفات تولیدی در دام‌های کشور می‌توان نسبت به بهره‌وری از روش‌های نوین ژنتیکی، کاربرد نشانگرهای ژنتیکی و علم بیوتکنولوژی اقدام نمود.

۱-۲- اهداف

۱- شناسایی QTL مربوط به درصد چربی شیر با استفاده از نشانگرهای مولکولی ریزماهواره بر روی کروموزوم ١٤ در گاو هلشتاین ایران.

۲- استفاده از مزایای انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی که ارتباط نزدیکی با QTL مربوطه دارند.



فصل دوم

بررسی منابع علمی

۲-۱- پرورش گاو

چربی یکی از مهم‌ترین ترکیبات شیر و یک منبع کلیدی و مهم انرژی جهت تغذیه نوزاد پستانداران می-باشد، تری‌گلیسریدها در مجموع ۹۵ درصد چربی شیر را تشکیل می‌دهند (Jensen, 2002). طبق گزارش آمار رسمی وزارت جهاد کشاورزی ایران، تولید سالانه شیر گاو در ایران در طی سال‌های ۱۳۵۵ تا ۱۳۸٦ به میزان ۲۸۳ درصد افزایش داشته و از طرفی وراثت پذیری تولید شیر و مقدار چربی با استفاده از داده‌های ۳۰۵ روزه در گاوهای هلشتاین ایران به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۲۱ (مرادی[1]، ۲۰۰۲)، همبستگی ژنتیکی صفات تولید شیر و میزان چربی ۰/٦۱ (دادپسند[2]، ۱۹۹۹)و همچنین در تحقیقی دیگر در جمعیت هلشتاین ایران، همبستگی ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی۰/۷۷ بدست آمد (رزم کبیر[3]، ۲۰۰۵)، میزان روند ژنتیکی صفات شیر و چربی مثبت و به ترتیب برابر با ۱۲/٤۸و ۰/۱۳ کیلوگرم و برای درصد چربی شیر برابر با ۰/۰۰۲۷۵ برآورد گردیده‌است (دادپسند، ۱۹۹۹). نتایج بالا نشان می‌دهند که اگرچه همبستگی بین تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین منفی است با این وجود، افزایش تولید شیر همراه با افزایش درصد چربی و درصد پروتئین امکان پذیر است (رضوی و همکاران،۱۳۸٦).

۲-۲- اهداف و روش‌های اصلاحی

در گاو شیری هلشتاین صفات زیادی مورد بررسی قرار گرفته که از همه بیشتر صفات مربوط به ترکیبات شیر از جمله تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین شیر، تولید چربی و تولید پروتئین شیر است که QTLهای آن‌ها بر روی کروموزوم‌های مختلف بررسی و شناسایی شده است (Chandra etal., 2005).

[1] . Moradi
[2] . Dadpasand
[3] . Razmkabir

جدول ۲-۱- بررسی صفات شیر بر روی کروموزوم‌های مختلف در جمعیت‌های متفاوت

Table 1: Worldwide genome scan results for milk production traits in dairy cattle

Country	Resource cattle population	Identified multiple QTL regions (MQRs) for milk production traits	Chromosome (BTA)	References
USA	American Holstein cattle	14 MQRs	1, 6, 9, 10 and 20	Georges *et al.* 1995
USA	North American Holstein-Friesian population	16 MQRs	3 and 14	Heyen *et al.* 1999
Norway	Norwegian Dairy Cattle	11 MQRs	3, 5, 6, 11, 13, 18 and 20	Olsen *et al.* 2002
France	French Holstein, Normande, Montbeliarde dairy cattle breeds.	10 MQRs	6, 7, 14, 19, 20 and 26.	Biochard *et al.* 2003
Germany	German HF population	7 or more MQRs	5, 14, 19 and 26	Bennewitz *et al.* 2003
Finland	Ayrshire Dairy Cattle	31 MQRs	3, 12 and 14	Viitala *et al.* 2003
USA	American Holstein Cattle	13 MQRs	3, 6, 7, 11, 14, 20, 22, 23 and 26	Ashwell *et al.* 2004
Israel	Israeli Holstein	15 MQRs	2. 7 and 27	Ron *et al.* 2004
The Netherlands	Dutch HF population	19 or more MQRs	6, 13, 14, 19, 22, 23, and 25	Schrooten *et al.* 2004

در گذشته فقط بر مبنای اطلاعات فنوتیپی و بدون داشتن تفاوت‌های ژنتیکی افراد در سطح DNA آن‌ها انتخاب صورت می‌گرفت اما در حال حاضر روش‌های انتخاب به کمک ژن یا نشانگرها انجام می‌گیرد که قادرند انتخاب را بر اساس تفاوت‌های افراد در سطح DNA آن‌ها انجام دهند. برای آنکه صفتی به عنوان نشانگر ژنتیکی شناخته شود، باید حداقل دو شرط داشته باشد:

- در بین افراد متفاوت باشد (چندشکلی داشته باشد)
- به ارث برسد (نقوی و همکاران، ۱۳۸٦).