بسم الله الرحمن الرحيم

دانشگاه شهید باهنر کرمان

دانشکده کشاورزی

بخش علوم دامی

پایان نامه تحصیلی برای دریافت درجه کارشناسی ارشد

رشته مهندسی علوم دامی گرایش ژنتیک و اصلاح نژاد دام

بررسی چندشکلی ژن *Pou1f1* و ارتباط آن با صفات تولید و تولیدمثلی در بز کرکی نژاد راینی

مؤلف:

فرحناز سلیمانی ساردو

اساتید راهنما:

دکتر مسعود اسدی فوزی

دکتر محمدرضا محمدآبادی

استاد مشاور:

دکتر علی اسمعیلی زاده کشکوئیه

بهمن ماه ۱۳۹۱

دانشگاه شهید باهنر کرمان

این پایان نامه به عنوان یکی از شرایط درجه کارشناسی ارشد به

بخش علوم دامی

دانشکده کشاورزی

دانشگاه شهید باهنر کرمان

تسلیم شده است و هیچگونه مدرکی به عنوان فراغت از تحصیل دوره مزبور شناخته نمی‌شود.

دانشجو: فرحناز سلیمانی ساردو

اساتید راهنما: دکتر مسعود اسدی فوزی

دکتر محمدرضا محمدآبادی

استاد مشاور: دکتر علی اسمعیلی زاده کشکوئیه

داور ۱: دکتر احمد آیت اللهی مهرجردی

داور۲: دکتر امید دیانی

نماینده تحصیلات تکمیلی دانشکده در جلسه دفاع: دکتر کوروش قادری

معاون آموزشی و پژوهشی دانشکده:دکتر مجید رحیم پور

حق چاپ محفوظ و مخصوص به دانشگاه شهید باهنر کرمان است.

تقدیم به

مهربان فرشتگانی که

لحظات ناب باور بودن

لذت و غرور دانستن

جسارت خواستن

عظمت رسیدن و تمام تجربه‌های یکتا و زیبای زندگیم مدیون حضور سبز آنهاست.

تقدیم به خانواده عزیزم

تشکر و قدردانی

اعتراف می‌کنم که نه زبان شکر تو را دارم و نه توان تشکر از بندگان تو اما بر حسب وظیفه:

به پاس عاطفه سرشار و گرمای امیدبخش وجودشان که بهترین پشتیبانان هستند، پدر و مادر عزیزم، خواهر و برادران مهربانم سپاسگزارم.

از کلیه اساتید ارجمندم در طول سال‌های به یادماندنی شاگردیشان تشکر می‌نمایم.

از استاد گرامی جناب آقای دکتر محمدرضا محمدآبادی و جناب آقای دکتر مسعود اسدی فوزی که در این دوران تحصیل و در این تحقیق مشوق اینجانب بوده و همواره از آموزش‌ها و راهنمایی-هایشان بهره‌مند گردیده‌ام، خاضعانه سپاسگزارم.

همچنین از استاد مشاور محترم جناب آقای دکتر علی اسمعیلی زاده کشکوئیه، داوران گرامی جناب آقای دکتر احمد آیت اللهی مهرجردی و دکتر امید دیانی، همچنین جناب آقای دکتر کوروش قادری نماینده تحصیلات تکمیلی و جناب آقای دکتر بهادر شجاعی کمال تشکر و امتنان را دارم.

صمیمانه‌ترین سپاس‌ها به حضور دوستان مهربانم که موجب دلگرمی و آرامش من بودند تقدیم می‌دارم.

بررسی چندشکلی ژن *Pou1f1* و ارتباط آن با صفات تولید و تولیدمثلی در بز کرکی نژاد راینی

چکیده

یکی از ژن‌های کلیدی کاندیدای موجود در بز که با صفات اقتصادی مرتبط می‌باشد ژن *Pou1f1* (که *Pit-1* یا فاکتور ۱ هورمون رشد *Ghf1* نیز نامیده می‌شود) است. ژن *Pou1f1* به عنوان فاکتور ویژه نسخه‌برداری هیپوفیز شناخته شده‌است که بیان ژن‌های هورمون رشد (GH) و پرولاکتین (PRL) در هیپوفیز قدامی را تنظیم می‌کند. در تحقیق حاضر پس از استخراج DNA از ۹٤ نمونه خون بز کرکی راینی، قطعه ٦۱۱ جفت بازی از DNA تکثیر شد. قطعه تکثیر شده با آنزیم *Hinf-I* هضم و در ژل آگارز ۱/٦ درصد الکتروفورز شد. در نهایت دو ژنوتیپ AB و BB به ترتیب با فراوانی ۱۳/۹۸ و ۸٦/۰۲ و دو آلل A و B به ترتیب با فراوانی‌های۰/۰۷ و ۰/۹۳ مشاهده شدند. نتایج حاصل نشان دادند که تعادل هاردی – واینبرگ در جمعیت مورد مطالعه بز کرکی راینی وجود ندارد. ارتباط آماری بین ژنوتیپ‌ها و ۲۹ صفت بیومتری اندازه‌گیری شده به وسیله نرم افزار ASReml انجام شد. اثر ژنوتیپ بر صفات طول گوش، طول گردن، طول سر، فاصله جلو پوزه تا پشت گوش، فاصله گوشه لب تا پشت گوش، فاصله جدوگاه تا زیر سینه، دور سینه، فاصله زاویه پسین استخوان تا نقطه هانش، طول ساق و دور شکم در گودترین نقطه کمر معنی‌دار گردید. دام‌های با ژنوتیپ AB دارای بیشترین میانگین دور شکم در گودترین نقطه کمر، دور سینه، فاصله زاویه پسین استخوان کتف تا نقطه هانش، فاصله جدوگاه تا زیر سینه، طول گردن، طول سر، فاصله جلو پوزه تا پشت گوش، فاصله گوشه لب تا پشت گوش و طول ساق پا (به ترتیب ۹۵/۵۸، ۷۹/٥٤، ٤۸/۳۹، ۳۳/۹۵، ۳۰/۱۸، ۲۹/۵۲، ۲۵/٦۹، ۱۹/۸۹ و ۱۳/۷۷ سانتی‌متر) در مقایسه با ژنوتیپ BB (به ترتیب ۹۳/۸۵، ۷۸/٤۵، ٤۷/۵۹، ۳۳/٦۱، ۲۹/٦۷، ۲۹/۲۳، ۲۵/۲۸، ۱۹/۵٤ و ۱۳/٦۲ سانتی‌متر) بودند. همچنین برای صفت طول گوش ژنوتیپ BB دارای بیشترین (۱۸/۲۱ سانتی‌متر) میانگین بود. انتظار می‌رود که این ژن بتواند به عنوان یک ژن کاندیدا برای بهبود ژنتیکی برخی صفات مربوط به رشد در این نژاد به کار رود.

کلمات کلیدی: چندشکلی، صفات بیومتریک، بز کرکی راینی، ژن *Pou1f1*، PCR-RFLP

فهرست مطالب

عنوان.....صفحه

فصل اول ۱

۱-۱ مقدمه ۲

۱-۲ اهداف تحقیق ٤

فصل دوم ٦

۲-۱ تنوع زیستی ۷

۲-۱-۱ شناخت بز در رده بندی جانوارن ۷

۲-۱-۲ جمعیت بز و نحوه پراکندگی آن در دنیا ۷

۲-۱-۳ تاریخچه اهلی شدن بز ۷

۲-۱-۴ انواع بز در استان کرمان ۸

۲-۲ صفات مهم اقتصادی در بز کرکی راینی ۸

۲-۲-۱ ویژگی های بز کرکی راینی ۹

۲-۲-۲ صفات رشد (کمی) در بز کرکی راینی ۹

۲-۳ تنوع ۱۰

۲-۳-۱ تنوع فنوتیپی ۱۰

۲-۳-۲ تنوع ژنتیکی ۱۱

۲-۴ چندشکلی DNA ۱۳

۲-۴-۱ کاربرد پلی‌مورفیسم یا چندشکلی ۱٤

۲-۵ هتروزیگوسیتی یا تنوع ژنی ۱٤

۲-۶ نقش بیوتکنولوژی در اصلاح دام ۱٦

۲-۷ واکنش زنجیره‌ای پلیمراز ۱۷

۲-۷-۱ پارامترهای مؤثر در واکنش زنجیره ای پلیمراز ۱۹
۲-۷-۲ کاربردهای واکنش زنجیره ای پلیمراز ۱۹
۲-۷-۳ مشکلات واکنش زنجیره ای پلیمراز ۲۰
۲-۸ نشانگرهای ملکولی در اصلاح دام ۲۰
۲-۸-۱ انتخاب به کمک نشانگر (MAS) ۲۱
۲-۸-۲ استفاده از نشانگرها ۲۲
۲-۸-۳ تعریف نشانگر ۲۲
۲-۸-۴ خصوصیت یک نشانگر مناسب ۲۳
۲-۸-۵ انواع نشانگرها ۲۳
۲-۸-۵-۱ تفاوت طولی قطعات هضم شده فرآورده‌های واکنش PCR ۲۳
۲-۹ ژن *Pou1f1* ۲٤
۲-۹-۱ ژن *Pou1f1* و ساختار پروتئینی آن ۲٤
۲-۹-۲ اعمال بیولوژیکی ژن *Pou1f1* ۲٦
۲-۹-۳ اثرات فیزیولوژیکی ژن *Pou1f1* ۲٦
۲-۹-۴ مروری بر تحقیقات انجام شده در مورد ژن *Pou1f1* ۲۷
۲-۱۰ اهمیت دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی ۲۹
۲-۱۰-۱ مدل های مناسب برای آنالیز ژنتیکی صفات رشد در بز ۳۰
۲-۱۰-۱-۱ مدل یک متغیره ۳۰
فصل سوم ۳۲
۳-۱ مراحل تحقیق ۳۳
۳-۱-۱ محل اجرای پژوهش ۳۳
۳-۱-۱-۱ منبع اطلاعات کمی ۳۳

۳-۱-۱-۲ آماده سازی داده های کمی ۳٤
۳-۱-۲ آنالیز ژنتیکی صفات مورد بررسی ۳٤
۳-۱-۲-۱ مدل یک متغیره ۳٤
۳-۲-۲-۱-۱ آنالیز ژنتیکی نوع تولد ۳۵
۳-۱-۲-۱-۲ آنالیز ژنتیکی وزن تولد ۳۵
۳-۱-۲-۱-۳ آنالیز ژنتیکی وزن الیاف ۳٦
۳-۱-۳ برآورد ارزش اصلاحی حیوانات برای هر صفت و انتخاب حیوانات ۳۷
۳-۲ صفات بیومتری ۳۷
۳-۲-۱ ابزارهای اندازه گیری صفات بیومتری ۳۷
۳-۲-۲ جایگاه اندازه گیری صفات بیومتری ۳۷
۳-۲-۳ اندازه گیری صفات بیومتری ۳۷
۳-۲-۴ معرفی پارامترهای اندازه گیری شده ۳۸
۳-۳ مراحل مولکولی ٤۰
۳-۳-۱ تهیه نمونه خون ٤۰
۳-۳-۲ روش استخراج DNA از خون ٤۱
۳-۴ مواد ٤۲
۳-۴-۱ واکنش گرها ٤۲
۳-۴-۲ مواد مورد نیاز برای بررسی محصول PCR ٤۲
۳-۵ ابزار کار ٤۳
۳-۶ آغازگرها ٤۳
۳-۷ آزمون PCR برای آغازگرهای اگزون ششم ژن *pou1f1* ٤٤
۳-۸ الکتروفورز ٤۵

۳-۸-۱ مواد لازم جهت تهیه ژل آگارز ٤٥
۳-۸-۱-۱ تهیه بافرTBE 10X ٤٥
۳-۸-۱-۲ نقش بافر بارگذاری و طرز تهیه آن ٤٥
۳-۹ تهیه ژل آگارز و انجام الکتروفورز برای بررسی محصول PCR ٤٥
۳-۱۰ آزمون PCR-RFLP ٤٦
۳-۱۱ تجزیه و تحلیل مشاهدات و داده ها ٤٦
۳-۱۱-۱ اثر ژنوتیپ های به دست آمده ٤٧
۳-۱۱-۱-۱ اثر ژنوتیپ های به دست آمده با ارزش اصلاحی صفات مورد نظر ٤٧
۳-۱۱-۱-۲ اثر ژنوتیپ های به دست آمده با صفات بیومتری اندازه گیری شده ٤٧
۳-۱۱-۱-۳ اثر صفات فنوتیپی مورد نظر با ژنوتیپ های به دست آمده ٤٧
فصل چهارم ٤٩
۴-۱ استخراج DNA ٥٠
۴-۲ واکنشهای زنجیره‌ای پلیمراز ٥٠
۴-۳ هضم محصولات PCR به وسیله آنزیم برشی *Hinf-I* ٥١
۴-۴ فراوانی ژنی و ژنوتیپی ٥٥
۴-۵ تعادل هاردی ـ واینبرگ ٥٦
۴-۶ آماره های F ٥٦
۴-۶-۱ آماره F_{is} (Inter individual) ٥٦
۴-۷ تنوع ژنتیکی ٥٧
۴-۸ معیارهای چندشکلی ٥٧
۴-۹ مدل های یک متغیره ٥٨
۴-۹-۱ اثرات ثابت ٥٨

۴-۹-۱-۱ محاسبه ارتباط بین ژنوتیپ های به دست آمده با ارزش اصلاحی مورد نظر ۵۸

۴-۹-۱-۲ محاسبه ارتباط بین صفات بیومتری با ژنوتیپ های به دست آمده ۶۰

٤-۹-۱-۳ محاسبه ارتباط بین صفات فنوتیپی با ژنوتیپ های به دست آمده ٦۳

٤-۱۰ نتیجه‌گیری ٦۵

۴-۱۱ پیشنهادات ٦۷

فصل پنجم ٦۷

منابع ٦۷

فهرست جداول

عنوان.....صفحه

۳-۱ داده‌های مورد استفاده.....۳۴

۳-۲ مشخصات توالی آغازگرهای ژن *pou1f1*.....۴۳

۳-۳ مقادیر مختلف اجزای واکنش زنجیره ای پلیمراز.....۴۴

۳-۴ شرایط انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمزار.....۴۴

۳-۵ ترکیب‌های لازم برای هر واکنش هضم آنزیمی با آنزیم محدودگر *Hinf-I*.....۴۶

٤-۱ فراوانی‌های آللی ژن *pou1f1* در گاو.....۵۴

۴-۲ فراوانی آللی در جایگاه ژنی *pou1f1*.....۵۵

۴-۳ نتایج آزمون G^2 و χ^2 برای تعادل هاردی - واینبرگ.....۵۶

۴-۴ هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار نا اریب (H_{Nei}) و میانگین هتروزیگوسیتی (H_{ave}).....۵۷

۴-۵ مقادیر آلل مشاهده شده (na)، آلل مؤثر (ne) و شاخص شانون (I) برای جایگاه ژن *Pou1f1*.....۵۸

۴-۶ میانگین حداقل مربعات (LSM) به همراه انحراف معیار (SE) ارزش اصلاحی نوع تولد، وزن الیاف و وزن تولد برای ژنوتیپ‌های به دست آمده در بز کرکی راینی.....۵۹

۴-۷ نحوه تأثیرگذاری ژنوتیپ AB و BB بر روی کل صفات بیومتری در بز کرکی راینی.....۶۱

۴-۸ همبستگی بین صفت طول گوش و سایر صفات معنی‌دار.....۶۳

۴-۹ میانگین حداقل مربعات (LSM) به همراه انحراف معیار (SE) صفات فنوتیپی نوع تولد، وزن الیاف و وزن تولد برای ژنوتیپ‌های به دست آمده در بز کرکی راینی.....۶۳

فهرست شکل‌ها

عنوان.....صفحه

۲-۱ فراوانی آللی برای ۳ ژنوتیپ متفاوت در جمعیت با تعادل هاردی_واینبرگ.....۱۴
۲-۲ جهش‌های شناخته شده درون ژن *Pou1f1*.....۲۵
۴-۱ نمونه‌ای از DNA استخراج شده از چند نمونه خون بز کرکی راینی.....۵۰
۴-۲ الکتروفورز محصولات PCR اگزون ۶ ژن *Pou1f1* روی ژل آگارز.....۵۱
۴-۳ الکتروفورز هضم محصولات PCR به‌وسیله آنزیم برشی *Hinf-I*.....۵۲

فصل اول

مقدمه

۱-۱ مقدمه

در مورد تعداد گونه‌های موجود روی کره زمین نمی‌توان آمار دقیقی ارائه داد، اما این مجموعه را دانشمندان بیش از دو میلیون گونه برآورد کرده‌اند. با اینکه سیر تکاملی این موجودات چند میلیون سال طول کشیده‌است، امروزه به دلیل بدرفتاری انسان با طبیعت پیرامون خود، روند انقراض این گونه‌ها با سرعت بسیار نگران کننده‌ای افزایش یافته است. براساس برآورد متخصصان علوم زیستی، در هر ساعت حدود ۸ گونه از جانداران از دست می‌روند و به این ترتیب، ۷۰/۰۰۰ گونه در طول سال در دنیا نابود می‌شود. با توجه به مطالب ذکر شده در حوزه ژنتیک و اصلاح، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها می‌تواند کمک بزرگی برای برنامه ریزی جهت طرح‌های اصلاح نژادی و از همه مهمتر، حفظ ذخایر ژنتیکی باشد (اطلس ملی ایران، ۱۳۸۰). روش‌های مولکولی[1] و استفاده از نشانگرهای مولکولی[2] در این زمینه یکی از بهترین گزینه‌ها به حساب می-آید زیرا با توجه به اطلاعات مفیدی که به دست می‌دهد می‌تواند نتایجی که از تجزیه و تحلیل رکوردها با روش‌های آماری به دست آمده‌است را تأیید و تکمیل نموده و حتی ممکن است که آنها را رد کند (دانشیار و همکاران، ۱۳۸۲).

بز کرکی نژاد راینی جزء نژادهای مشهور است که در تولید کرک (پشم) شهرت جهانی دارد. این نژاد، تنها نژاد کرکی ایران است که به صورت خالص در استان کرمان در محدوده جغرافیایی کوه هزار و شهرستان‌های بافت، بردسیر، کرمان، سیرجان و ارتفاعات جیرفت زیست می‌کند. پراکندگی این نژاد همان طور که از طبیعت زیست نژادی آن بر می‌آید بیشتر در مناطق کوهستانی و مرتفع استان است و در نواحی هموار، پست و دشت گسترش کمتری یافته‌است. بز کرکی نژاد راینی به وسیله ایل راینی (راینی) از کوه هزار راین به سایر مناطق اطراف، مانند بافت کوچ داده شده است. قطر کرک این نژاد با ارزش، حدود ۱۷ میکرون است.

در ایستگاه اصلاح نژاد بز کرکی راینی پرورش و توزیع بزهای نر انتخابی در بین دامداران مهمترین هدف بوده و انتخاب دام‌ها براساس رنگ کرک، بدن و فنوتیپ ظاهری انجام و بزهای رنگی از گله حذف می‌شوند (ابراهیمی و همکاران، ۱۳۸۰). اگرچه انتخاب براساس رنگ کرک موجب یکنواختی و بازارپسندی کرک می‌گردد، ولی احتمالاً باعث کاهش تولید در صفات دیگر می‌شود (اسدی فوزی، ۱۳۷۴). در سال‌های گذشته هیچ‌گونه برنامه مدون اصلاح نژادی، ارتباط منطقی با دامداران، انتخاب دام‌های برتر و پرورش دام‌های ممتاز و تبادل آنها که موجب بالا رفتن فراوانی ژن‌های مطلوب در گله‌های مردمی می‌شود وجود نداشته‌است (امامی میبدی،

[1] Molecular methodes
[2] Molecular Markers

۱۳۷۱). برنامه‌های اصلاح‌نژادی بیشتر در جهت بهبود وضعیت تولیدی حیوانات اهلی عمل می کنند که توفیق این برنامه‌ها به میزان تنوع ژنتیکی موجود در گله بستگی دارد (رجایی، ۱۳۸۴؛ Msoffe *et al*., 2005). تنوع ژنتیکی در داخل و یا بین جمعیت‌ها بدون در نظر گرفتن تعداد آلل در هر جایگاه ژنی، جهش، انتخاب، مهاجرت و روش‌های تولیدمثلی محاسبه می‌شود و به عنوان یک ابزار ارزشمند در برنامه‌های اصلاح نژادی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Nagamine and Higuchi, 2001). بهبود صفات مهم اقتصادی به وسیله روش‌های اصلاح نژاد سنتی کار پیچیده-ای است، اما استفاده از نشانگرهای DNA برای بهبود این صفات از طریق انتخاب به کمک نشانگرها (MAS) یک ابزار قدرتمند و مفید می‌باشد. با این حال، اطلاعات کمی در مورد ژن‌های کاندیدا مؤثر بر صفات اقتصادی در بز کرکی در دسترس است. بنابراین، نشانگرهای مناسب ژن-های کاندیدا که مرتبط با این صفات در بز هستند را می‌توان برای اصلاح نژاد جمعیت‌ها به کار برد (Lan *et al*., 2009d). علی‌رغم این که انتخاب فنوتیپی با استفاده از مدل‌های حیوانی، همواره توانسته پیشرفت ژنتیکی مناسبی را در نسل‌های آتی به وجود آورد، اما نیاز به روش‌هایی که منجر به کاهش فاصله نسلی شده و همچنین دقت ارزیابی‌های ژنتیکی را بیش از پیش افزایش دهد، همواره احساس شده‌است. لذا، یکی از راهکارهای مناسب موجود برای دست‌یابی به این اهداف، کاربرد نشانگرهای ژنتیکی می‌باشد که به طور مستقیم و یا غیرمستقیم بر صفات تولیدی و خصوصیات آن تأثیر گذار می‌باشد (Zwierzchowski *et al*., 2001).

متأسفانه تاکنون تحقیقات مولکولی انگشت شماری (عسکری و همکاران، ۱۳۸۶؛ بهاء الدینی و همکاران، ۱۳۸۷؛ Mohamadabadi *et al*., 2009؛ Askari *et al*., 2008) روی بز کرکی راینی انجام شده‌است. امید است نتایج حاصل از این تحقیق در رابطه با استفاده از نشانگرها در بررسی تنوع ژنتیکی بز کرکی راینی در آینده مورد استفاده قرار گیرد. چرا که بررسی‌های انجام شده در سطح DNA دقیق‌تر بوده و شرایط محیطی و تغذیه روی آنها اثر نمی‌گذارد و اطمینان حاصل از این نتایج، بیشتر از زمانی است که از اطلاعات حاصل از رکوردهای تولیدی استفاده می-شود.

بیشتر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی به عنوان صفات کمی شناخته شده‌اند که تحت تأثیر تعداد بسیار زیادی ژن قرار دارند، اما تحقیقات اخیر نشان داده‌است که این صفات تحت کنترل تعدادی ژن‌های اصلی می‌باشند که شناسایی آنها در حیوانات مزرعه‌ای از نظر اقتصادی بسیار حائز اهمیت است. ژن *Pou1f1* از این ژن‌ها می‌باشد و با توجه به نقش مهم آنها در بروز صفات

اقتصادی، تحقیقات متعددی در زمینه‌ی تعیین چندشکلی این ژن و نیز، بررسی ارتباط آن با صفات مربوط به تولید و ترکیب شیر انجام شده‌است (Zakizade *et al*., 2007؛ Theill *et al*., 1989).

ژن *Pou1f1* فاکتور نسخه برداری هیپوفیز، که در فعال‌سازی بیان ژن‌های پرولاکتین[1]، تایروتروپین و هورمون رشد[2] در غده هیپوفیز قدامی نقش دارد (Tsiaras *et al*., 2005). *Pou1f1* گاوی یک پروتئین **۳۳** کیلودالتونی (Strazalkowska *et al*., 2002) است که از **۲۹۱** اسید آمینه تشکیل شده‌است (Lunden *et al*., 1997). و در ناحیه سنترومیک کروموزوم شماره۱ گاو قرار گرفته‌است (Woollard *et al*., 1994). ژن *Pou1f1* یک ژن کاندیدا است که به خاطر نقش آن در تنظیم بیان ژن‌های هورمون رشد و پرولاکتین به عنوان نشانگر تولید شیر در نظر گرفته شده-است (Lunden *et al*., 1997). ژن *Pou1f1* فاکتور اختصاصی نسخه‌برداری در غده هیپوفیز قدامی می‌باشد. پروتئین کد شونده توسط این ژن، میزان تظاهر ژن هورمون رشد و پرولاکتین را کنترل می‌کند. وجود چندشکلی در توالی ژن *Pou1f1* احتمالاً در میزان و تعداد نسخه‌برداری ژن-های هورمون رشد و پرولاکتین مؤثر می‌باشد. جهش در این ژن با کمبود هورمون‌های هیپوفیز، کم کاری تیروئید و رشد کم، همراه است (Bona *et al*., 2004).

۱-۲ اهداف تحقیق

امروزه جهت بررسی‌های ژنتیکی جمعیت‌ها و حیوانات حفاظت‌شده، از نشانگرهای مولکولی در سطح DNA استفاده می‌شود و میزان چندشکلی[3] به دست آمده از این نشانگرها، یکی از پارامترهای قابل ارزیابی برای مطالعه جمعیت‌ها محسوب می‌شود (Barker *et al*, 1997).

ژن *Pou1f1* از جمله ژن‌های کاندیدا برای بهبود خصوصیات شیر تولیدی در دام‌های شیرده می‌باشد که در دهه اخیر زمینه بسیاری از تحقیقات ژنتیک مولکولی در زمینه اصلاح نژاد گله‌های شیرده را به خود اختصاص داده‌است (Moody *et al*, 1995؛ Pfaffle *et al*., 1992). به دلیل ضرورت هورمون رشد و پرولاکتین برای تکامل سیستم پستانی و تولید شیر، ژن *Pou1f1* می‌تواند نشانگر مناسبی برای تنوع ژنتیکی صفات تولیدی محسوب شود (Lan *et al*., 2009d؛ Woollard *et al*., 1994؛ McCormick *et al*., 1990).

حفظ نژادها و ذخیره ژنی دام‌های بومی کشور با تشکیل بانک ژنی به عنوان یک سرمایه ملی از ضروریات دامپروری کشور می‌باشد. با توجه به اینکه نژادهای بومی، دارای آلل‌های متناسب و

[1] Prolactin
[2] Groth Hormon
[3] Polymorphism

سازگار با محیط و منطقه هستند، این تحقیقات یکی از مطمئن‌ترین و عملی‌ترین راه‌های نائل آمدن به خودکفایی در هر کشور محسوب می‌شود. برای اجرای موفق یک پروژه اصلاحی، آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی موجود در داخل جمعیت ضروری است.

هدف از این تحقیق تعیین فراوانی آللی ژن *Pou1f1* در جمعیت بز کرکی نژاد راینی، بررسی ارتباط چندشکلی این ژن با صفات بیومتری اندازه گیری شده، برآورد دقیق تنوع درون جمعیت بز کرکی راینی، بررسی چندشکلی ژنتیکی در جمعیت بز کرکی راینی، تعیین میزان هتروزیگوسیتی در جمعیت بز کرکی راینی، تعیین ارتباط ژنوتیپ‌های به دست آمده با ارزش اصلاحی مورد نظر و تعیین ارتباط ژنوتیپ‌های به دست آمده با صفات فنوتیپی مورد نظر بود.

فصل دوم

بررسی منابع علمی

۲-۱ تنوع زیستی

۲-۱-۱ شناخت بز در رده‌بندی جانوارن

بز به جنس کاپرا، خانواده تهی شاخان، دسته نشخوارکنندگان، زیرراسته زوج سمان، راسته سم داران، زیررده جفت داران، رده پستانداران و شاخه مهره داران در سلسله جانوری تعلق دارد (سعادت نوری، ۱۳۶۲).

۲-۱-۲ جمعیت بز و نحوه پراکندگی آن در دنیا

آمارهای بسیار متفاوتی در مورد جمعیت بز در دنیا وجود دارد. بعضی از متخصصین تعداد بز در دنیا را ۳۷۵ میلیون رأس (زارع شحنه و همکاران، ۱۳۷۸)، برخی ۵۰۰ میلیون رأس (رأفت، ۱۳۷۶)، و بعضی ۷۰۰ میلیون رأس عنوان کرده‌اند. جمعیت بزهای ایران ۲۵-۲۲ میلیون رأس می-باشد (رأفت، ۱۳۷۶). تعداد بزهای کرکی در دنیا حدود ۳۰ میلیون رأس می‌باشد که از این تعداد ۵- ۴/۵ میلیون رأس آن در ایران وجود دارد که در حدود ۲۰٪ کل بزهای کرکی دنیا می‌باشد. اکثریت بزها در حدود ۹۰٪ تا ۹۵٪ (اطلس ملی ایران، ۱۳۸۰) در آسیا و آفریقا قرار گرفته‌اند و بقیه آنها در دیگر کشورهای جهان قرار دارند. بیش از ۷۰٪ بزهای دنیا در مناطق گرمسیری و نیمه گرمسیری پراکنده هستند (تربتی نژاد، ۱۳۷۶).

۲-۱-۳ تاریخچه اهلی شدن بز

بنابر نظر بعضی از دانشمندان، در میان نشخوارکنندگان بز اولین حیوانی بوده‌است که بشر به اهلی کردن آن پرداخته‌است، تاریخچه اهلی شدن بز به ۱۱-۹ هزار سال پیش برمی‌گردد و گوسفند، کمی بعد از بز مورد توجه قرار گرفته و تاریخچه اهلی شدن آن مربوط به ۱۰-۸ هزار سال پیش است. کاوش‌های باستان‌شناسی نشان داده‌است که آثار اولیه مربوط به بز در اطراف مناطق کوهستانی سوئیس در اروپا و یا در اطراف رودخانه نیل در آفریقا به دست آمده‌است، اما بعضی از تحقیقات نشان می‌دهد که آریایی‌ها اولین قومی بودند که به اهلی کردن بز پرداخته‌اند و آثار مربوطه، مبین این واقعیت است که بز ابتدا در آسیا و در منطقه خاورمیانه و به ویژه در سرزمینی که امروزه قسمتی از کردستان می‌باشد، اهلی شده‌است (سعادت نوری، ۱۳۶۲).