بسم الله الرحمن الرحيم

دانشکده کشاورزی
بخش مهندسی علوم دامی

پایان نامه تحصیلی جهت دریافت درجه کارشناسی ارشد علوم دامی
گرایش ژنتیک و اصلاح نژاد دام

نقشه یابی جایگاه های ژنی (QTL) مرتبط با رشد روی کروموزوم شماره ۱ در بلدرچین ژاپنی

مؤلف:
سعید سهرابی

استاد راهنما:

دکتر علی اسماعیلی زاده کشکوئیه

استاد مشاور:

دکتر محمدرضا محمدآبادی

بهمن ماه ۱۳۹۰

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

گروه مهندسی علوم دامی

دانشکده کشاورزی

دانشگاه شهید باهنر کرمان

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

دانشجو: سعید سهرابی

استاد راهنما: دکتر علی اسماعیلی زاده کشکوئیه

استاد مشاور: دکتر محمدرضا محمدآبادی

داور۱: دکتر مسعود اسدی فوزی

داور۲: دکتر احمد آیت اللهی مهرجردی

معاونت آموزشی و پژوهشی دانشکده کشاورزی: دکتر مجید رحیم‌پور

حق چاپ محفوظ و مخصوص دانشگاه شهید باهنر کرمان است.

قدر دانی

خداوند بزرگ را سپاسگزارم که در مدت انجام این پایان‌نامه، همچون سایر لحظات زندگی مرا یاری نموده و به من توانایی تحمل مشکلات عطا کرده و در نهایت مرا از لذت پیروزی در انجام این کار بهره‌مند ساخت.

از دست و زبان که برآید کزعهده شکرش به درآید

بدون شک، راهنمایی، همراهی و دلسوزی استاد ارجمندم جناب آقای دکتر علی اسماعیلی‌زاده که زحمت راهنمایی این پایان نامه و همچنین فراهم نمودن امکانات و مواد آزمایشگاهی مورد نیاز بنده را با متانت و بزرگواری به دوش کشیدند، از مهمترین و موثرترین عوامل اجرای موفق این کار بود. بر خود لازم می‌دانم از زحمات این استاد گرانقدر صمیمانه تشکر و قدردانی نموده و برای ایشان از درگاه خداوند بزرگ شادکامی و موفقیت در تمام عرصه‌های زندگی را مسئلت نمایم.

همچنین از جناب آقای دکتر محمدرضا محمدآبادی استاد مشاور محترم کمال تشکر و سپاسگزاری را دارم.

از آقایان دکتر مسعود اسدی فوزی و دکتر احمد آیت اللهی که زحمت داوری این پایان نامه را بر عهده داشتند، کمال تشکر و قدردانی را دارم.

از دوستان خوبم آقایان حسن مرادیان، احسان نصیری‌فر و محمود احمدی‌زاده و همچنین سرکار خانم ناهید عسکری که مرا در انجام این پایان نامه صمیمانه یاری نمودند، تشکر می‌نمایم.

در پایان از همکاری و همراهی دوستان خوبم آقایان محمد نقدی، مرتضی هادی‌زاده، حمزه پاسبان، علی درخشانی، معین نصیری، حکمت پروان، فریبرز قادری، اسماعیل جلیل‌پیران، محمدجواد فرجی، میلاد کریمیان، جلال میرعباسی، سید محمد روح‌الامینی، جلال بیاتی‌زاده، محمد آذرنوش، مسعود یوسف‌زاده، مجتبی ابراهیمی، محمد مهی الدینی، کیان آقاعباسی، محمدحسین ملایی و خانم‌ها سپیده قطب‌زاده، محبوبه مقدس‌زاده، محدثه اسلامی، صغری شمس‌الدینی، فاطمه خواجویی، کیهانه کیانی، مطهره السادات حسینی، شهربانو اکباد و تمامی دوستان خوبم در مقطع کارشناسی ارشد که افتخار آشنایی و دوستی با ایشان را داشتم، تشکر و قدردانی می‌نمایم.

تقدیم به

پدر و مادر بزرگوار و مهربانم

برادر و خواهران گرانقدرم.

چکیده

صفات مرتبط با رشد حیوانات اهلی، به دلیل ارتباط مستقیمی که با سود اقتصادی دارند از اهمیت بالایی برخوردار می باشند. بلدرچین ژاپنی (Coturnix coturnix japonica) یکی از گونه های طیور است که تاکنون در زمینه های تحقیقاتی و اقتصادی مورد استفاده قرار گرفته است. همچنین بررسی خصوصیات ژنتیکی این پرنده نیز در طی چندین پژوهش انجام گرفته است. اما، پژوهش های ژنومی اندکی برای یافتن جایگاه های موثر بر صفات کمی (QTL)، به خصوص صفات مرتبط با رشد این پرنده صورت گرفته است. هدف از این تحقیق، پویش کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی به منظور تشخیص QTL موثر بر صفات رشد بلدرچین، با استفاده از طرح F_2 بود. بدین منظور دو سویه سفید و وحشی بلدرچین ژاپنی تلاقی داده شد و نسل اول ایجاد شد. سپس از تلاقی پرندگان نسل اول، نسل دوم ایجاد شد و داده‌های فنوتیپی، که شامل اندازه‌گیری‌های وزن تولد تا پنج هفتگی، وزن قبل از کشتار، میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر محاسبه شده برای محدوده های سنی مختلف بود روی این جمعیت جمع‌آوری شد. کل جمعیت برای ۸ نشانگر ریز ماهواره‌ای تعیین ژنوتیپ شدند. آنالیز QTL به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون و یک مدل تک QTL با استفاده از نرم‌افزار آنلاین GridQTL در ۵ مدل مختلف آماری انجام گردید. در نهایت و پس از آنالیز ۵ مدل مختلف، QTL های معنی‌داری برای صفات وزن تولد، وزن پنج هفتگی، وزن قبل ازکشتار، میانگین افزایش وزن روزانه ۱ تا ۲ هفتگی، ۳ تا ۴ هفتگی، ۴ تا ۵ هفتگی، تولد تا ۵ هفتگی،نسبت کلیبر محاسبه شده برای ۱ تا ۲ هفتگی، ۳ تا ۴ هفتگی، ۴ تا ۵ هفتگی و تولد تا ۵ هفتگی شناسایی شد.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی، صفات رشد، طرح F_2، نشانگرهای ریزماهواره، مکان‌یابی QTL

فهرست مطالب

۱ مقدمه ۱

۱-۱- بلدرچین و مزایای پرورش آن ۲

۱-۱-۱-استفاده های پژوهشی ۲

۱-۱-۲- استفاده های تجاری ۳

۱-۲- ضرورت تحقیق ۳

۲ بررسی منابع ۷

۲-۱- نشانگرهای مولکولی ۷

۲-۱-۱- ویژگیهای یک نشانگر ژنتیکی مناسب ۷

۲-۱-۲- کاربردهای نشانگرهای ژنتیکی ۸

۲-۱-۳- نشانگرهای ریزماهواره ۹

۲-۱-۳-۱- مزایای ریزماهواره ها ۱۰

۲-۱-۴- مکان یابی جایگاه های ژنی موثر بر صفات کمی (QTL) ۱۰

۲-۱-۴-۱- اصول مکان یابی QTL ۱۱

۲-۱-۵- انتخاب به کمک نشانگر ۱۳

۲-۲- مقایسه ژنوم مرغ و بلدرچین ۱۳

۲-۳- پژوهش های نقشه یابی انجام شده در مرغ ۱۳

۲-۴- مطالعات نقشه یابی انجام گرفته در خصوص صفات رشد در مرغ ۱۴

۲-۴-۱- جایگاه های ژنی نقشه یابی شده بر روی کروموزوم شماره یک مرغ ۱۴

۲-۵- پژوهش های انجام شده در بلدرچین ژاپنی ۱۷

۳ مواد و روشها..... ۲۰
۳-۱- ایجاد جمعیت نقشه یابی ۲۰
۳-۱-۱- جوجه کشی و تعیین هویت نتاج ۲۲
۳-۱-۱-۱- تلاقی افراد نسل والدین و F_1 ..... ۲۲
۳-۱-۱-۲- جمع آوری و نگهداری تخم ها ۲۲
۳-۱-۱-۳- آماده سازی تخم ها جهت ورود به دستگاه جوجه کشی ۲۳
۳-۱-۱-۴- جوجه کشی ۲۳
۳-۱-۱-۵- تعیین هویت نتاج ۲۴
۳-۲- رکورد برداری فنوتیپی ۲۴
۳-۳- تعیین ژنوتیپ افراد ۲۵
۳-۳-۱- استخراج DNA از خون ۲۵
۳-۳-۱-۱- دستورالعمل استخراج از خون ۲۵
۳-۳-۱-۲- تهیه محلول ها و بافرهای مورد نیاز جهت استخراج DNA..... ۲۷
۳-۳-۱-۲-۱-تهیه بافر Lysis..... ۲۷
۳-۳-۱-۲-۲- تهیه محلول نمکی NaCl ۲۷
۳-۳-۱-۲-۳- تهیه محلول SDS (۱۰ درصد) ۲۷
۳-۳-۱-۲-۴- تهیه محلول استات سدیم ۲۷
۳-۳-۱-۲-۵- تهیه پروتئیناز K ۲۷
۳-۳-۱-۲-۶- تهیه بافر شستشو ۲۸
۳-۳-۱-۲-۷- تهیه بافر TE ۲۸
۳-۳-۲- واکنش زنجیره ای پلیمراز..... ۲۸
۳-۳-۳- الکتروفورز محصولات واکنش PCR ۳۰

۳-۳-۳-۱- تهیه محلول های لازم جهت انجام الکتروفورز..... ۳۰
۳-۳-۳-۱-۱- تهیه محلول اکریل آمید ۴۰ درصد..... ۳۰
۳-۳-۳-۱-۲- تهیه بافر TBE 10X..... ۳۱
۳-۳-۳-۱-۳- تهیه محلول آمونیوم پرکسید سولفات (APS)..... ۳۱
۳-۳-۳-۲- آماده سازی دستگاه..... ۳۱
۳-۳-۳-۳- آماده کردن ژل اکریل آمید ۸ درصد..... ۳۱
۳-۳-۳-۴- بارگذاری نمونه ها در چاهک های ژل..... ۳۲
۳-۳-۳-۵- رنگ آمیزی ژل ها..... ۳۳
۳-۳-۳-۶- ساخت محلول های رنگ آمیزی..... ۳۴
۳-۳-۳-۶-۱- محلول تثبیت..... ۳۴
۳-۳-۳-۶-۲- محلول رنگ آمیزی..... ۳۴
۳-۳-۳-۶-۳- محلول آشکارسازی..... ۳۴
۳-۳-۳-۷- مراحل رنگ آمیزی..... ۳۴
۳-۴- محاسبه افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر..... ۳۶
۳-۵- مدل های آماری مورد استفاده..... ۳۷
۳-۶- تجزیه و تحلیل QTL..... ۳۹
۳-۶-۱- آماده سازی فایل های مربوط به داده های ورودی نرم افزارGridQTL..... ۳۹
۳-۶-۱-۱- فایل ژنوتیپ..... ۳۹
۳-۶-۱-۲- فایل فنوتیپ..... ۴۰
۳-۶-۱-۳- فایل نقشه..... ۴۱
۴ نتایج..... ۴۳
۴-۱- نتایج آنالیز آماری دادههای فنوتیپی..... ۴۳

۴-۲- میزان اطلاعات مفید نشانگرها ۴۶
۴-۳- نتایج حاصل از آنالیز QTL ۴۸
۴-۳-۱- آنالیز شماره ۱ ..... ۴۸
۴-۳-۲- آنالیز شماره ۲ ..... ۵۰
۴-۳-۳- آنالیز شماره ۳ ..... ۵۲
۴-۳-۴- آنالیز شماره ۴ ..... ۵۳
۴-۳-۵- آنالیز شماره ۵ ..... ۵۵
۴-۴- بحث و نتیجه گیری ۵۶
۴-۶- پیشنهادات ۶۰
منابع ۶۱

فهرست جداول

جدول ۲-۱: خلاصه ای از پژوهش های انجام گرفته و موقعیت پیشنهادی QTL برای صفات مرتبط با رشد در کروموزوم شماره یک مرغ ۱۵
جدول ۳-۱: مشخصات پرایمرهای مربوط به نشانگرهای مورد بررسی در این پژوهش..... ۲۸
جدول ۳-۲: میزان هر کدام از اجزای واکنش PCR ۲۹
جدول ۳-۳: مواد ومحلول های مورد نیاز برای ساختن ژل پلی اکریل آمید ۳۰
جدول ۳-۴: مواد مورد نیاز برای ساختن رنگ Dye ۳۲
جدول ۳-۵: مواد و محلول های مورد نیاز برای رنگ آمیزی ژل ۳۳
جدول ۴-۱: آمار توصیفی صفات مورد بررسی در این پژوهش ۴۳
جدول ۴-۲: میانگین حداقل مربعات (LSM) و اشتباه معیار (S.E.) صفات مورد بررسی به تفکیک جنس و هچ ۴۵
جدول ۴-۳: میزان اطلاعات مفید (IC) در نقاط مختلف کروموزوم ۱ بلدرچین ژاپنی برای اثرات افزایشی، غلبه و ایمپیرینتینگ ۴۷
جدول ۴-۴: نتایج معنی دار حاصل از آنالیز مدل شماره یک..... ۴۹
جدول ۴-۵: نتایج معنی دار حاصل از آنالیز مدل شماره دو ۵۱
جدول ۴-۶: نتایج معنی دار حاصل از آنالیز مدل شماره سه ۵۳
جدول ۴-۷: نتایج معنی دار حاصل از آنالیز مدل شماره چهار..... ۵۳
جدول ۴-۸: نتایج معنی دار حاصل از آنالیز مدل شماره پنج ۵۵
جدول ۴-۹: واریانس ناشی از QTL و اثرQTLبه واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی دار حاصل از آنالیز مدل ۱ ..... ۵۶
جدول ۴-۱۰: واریانس ناشی از QTL و اثرQTLبه واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی دار حاصل از آنالیز مدل ۲ ..... ۵۶
جدول ۴-۱۱: واریانس ناشی از QTL و اثرQTLبه واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی دار حاصل از آنالیز مدل ۳ ..... ۵۶
جدول ۴-۱۲: واریانس ناشی از QTL و اثرQTLبه واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی دار حاصل از آنالیز مدل ۴ ..... ۵۷

جدول ۴-۱۳: واریانس ناشی از QTL و اثرQTLبه واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی دار حاصل از آنالیز مدل ۵ .....۵۷

فهرست اشکال

شکل ۳-۱: دو نژاد مورد استفاده برای ایجاد جمعیت نقشه یابی ۲۰
شکل ۳-۲: شمای کلی طرح آزمایشی ۲۱
شکل ۳-۳: رنگ های مختلف مشاهده شده در نسل F_2 ..... ۲۱
شکل ۳-۴: نمونه ای از ژل پلی اکریل آمید و نحوه تعیین ژنوتیپ نشانگر ۳۶
شکل ۳-۵: نمونه ای از فایل مربوط به داده های ژنوتیپی ۴۰
شکل ۳-۶: نمونه ای از فایل مربوط به داده های فنوتیپی ۴۰
شکل ۳-۷: فرمت فایل نقشه ۴۱
شکل ۴-۱: میزان اطلاعات مفید (IC) در نقاط مختلف کروموزوم ۱ بلدرچین ژاپنی برای اثرات افزایشی، غلبه و ایمپیرینتینگ ۴۷

فصل اول

مقدمه

۱ مقدمه

۱-۱- بلدرچین و مزایای پرورش آن

چندین گونه از طیور که از لحاظ پرورش و نگهداری دارای اهمیت هستند، مانند مرغ و بلدرچین ژاپنی به خانواده فازیانیده[1] تعلق دارند. بلدرچین یکی از گونه های طیور است که از نظر اقتصادی اهمیت زیادی دارد. این پرنده از جنس کوتورنیکس[2]، خانواده فازیانیده و راسته گالیفرم[3] هاست (شارما و همکاران، ۲۰۰۰). گونه های وحشی بلدرچین ژاپنی در نواحی شرقی اوراسیا، شامل ژاپن و تایوان پخش شده و حدود ۶۰۰ سال پیش اهلی شده اند (یاماشینا، ۱۹۶۱ و واکاسوگی، ۱۹۸۴).

درحالت وحشی، بلدرچین ژاپنی پرنده کوچک مهاجری بوده که از خاور دور منشا گرفته و در ابتدا به خاطر خصوصیت آواز خوانی اش در ژاپن و چین، در قفس نگهداری می شده است و بعدها در ژاپن به عنوان یک پرنده تخم گذار به منظور مصرف انسان شناخته شده است (واکاسوگی ۱۹۸۴). امروزه نیز این پرنده هم در مقیاس تجاری و هم در مقیاس آزمایشگاهی و پژوهشی مورد توجه قرار گرفته است.

۱-۱-۱- استفاده های پژوهشی

از جمله عوامل موثر در پذیرش این پرنده به عنوان یک حیوان آزمایشگاهی مناسب می توان به موارد زیر اشاره کرد:

بلدرچین ژاپنی به دلیل جثه کوچک، سن بلوغ پایین، فواصل نسلی کوتاه (واکاسوگی و کوندو، ۱۹۷۳) و همچنین کارایی بالا در تولید تخم وگوشت، مقبولیت خاصی در زمینه های تحقیقاتی و آموزشی پیدا کرده است (پیسنتی و همکاران، ۱۹۹۹) و به عنوان یک حیوان آزمایشگاهی (پادگت و ایوی، ۱۹۵۹) و یک مدل مناسب برای طیور (ویلسون و همکاران، ۱۹۶۱) به کار می رود. همچنین بلدرچین ژاپنی یک مدل حیوانی مهم مورد استفاده در تحقیقات علمی مانند تکامل جنین (کروزت و همکاران، ۲۰۰۴)، رفتارشناسی (میگنون و همکاران، ۲۰۰۳)، فیزیولوژی (بلاتزارت و همکاران،

[1] - Phasianidae
[2] - Coturnix
[3] - Galifiroms

۲۰۰۳)، ژنتیک (اوده و همکاران، ۲۰۰۳) و پزشکی (لین و همکاران، ۲۰۰۲) می باشد. با ورود این پرنده به آمریکای شمالی، در دهه ۱۹۳۰ استفاده از آن برای مطالعات اولیه در زمینه های ژنتیک، فیزیولوژی و تحقیقات طیور آغاز شد (وودارد و همکاران، ۱۹۷۳).

۱-۱-۲- استفاده های تجاری

از نظر تجاری نیز این پرنده امروزه به یک پرنده مفید برای تولید متمرکز و زیاد تخم و گوشت، مخصوصاً در آسیا و اروپا و همچنین خاور میانه و آمریکا تبدیل شده است (مینویل، ۲۰۰۴). به طور کلی، عوامل زیر پرورش بلدرچین را تبدیل به صنعتی سودآور نموده است که امروزه مورد توجه بسیاری از پرورش دهندگان قرار گرفته است:

۱- سرعت رشد در این پرنده به طور نسبی زیاد است. این موضوع در حالی است که این پرنده بدون هیچ گونه اقدام برای اصلاح نژاد، طی دوره ۴۵ روزه با افزایش وزن ۶ تا ۱۰ گرمی به طور میانگین وزن خود را به حدود ۱۵۰تا ۱۸۰ گرم می رساند.
۲- امکان نگهداری تعداد زیادی پرنده در فضای کم وجود دارد. فضای لازم برای پرورش ۱۰-۸ بلدرچین برابر با فضای لازم برای پرورش یک مرغ است.
۳- مقاومت بلدرچین به بیماری‌ها زیاد است و شرایط سخت را تا حد زیادی تحمل می کند.
۴- بلوغ جنسی بلدرچین ماده در سن ۳۵ روزگی بوده و تولید تخم شروع می‌شود.
۵- فاصله نسل در بلدرچین کوتاه می‌باشد (۵-۴ نسل در سال).

۱-۲-ضرورت تحقیق

بیشتر صفات مهم و با ارزش اقتصادی در بلدرچین و سایر گونه‌های دیگر کمّی است. با توجه به این که این صفات به وسیله تعداد زیادی ژن کنترل می‌شوند و همچنین تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می-گیرند، وراثت پذیری در اکثر این صفات پایین است و بنابراین تجزیه ژنتیکی این صفات بسیار مشکل است و همیشه نمی‌توان از روی فنوتیپ، انتخاب صحیح برای این صفات انجام داد. استفاده از روش-های سنتی اصلاح نژاد در دهه‌های اخیر، سهم قابل توجهی در بهبود این‌گونه صفات داشته‌اند، ولی انتخاب برای بسیاری از این صفات با استفاده از این روش‌ها نیاز به زمان طولانی و هزینه‌های نسبتاً بالا دارد.

با توجه به پیشرفت های به دست آمده در زمینه ژنتیک مولکولی و ابداع روش های نوین و کارآمد آزمایشگاهی، می توان با صرف هزینه و زمان کمتر (نسبت به روش های سنتی)، به اهداف مدنظر در برنامه های اصلاحی دست یافت. پایه و اساس بخش عمده ای از این فناوری ها، بر شناسایی و استفاده از نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی(QTL)[1]، اعم از نشانگرهای مولکولی (مانند ریزماهواره ها، SNP ها و...) و یا ژن های موثر بر این صفات استوار می باشد. با بررسی ارتباط بین چندشکلی حاصل از این جایگاه های ژنومی و صفات مورد نظر، می توان نقاط و جایگاه های ژنومی بسیار قابل اعتمادی را برای انتخاب حیوانات برتر از نظر اصلاحی در نظر گرفت.

در صورت شناسایی QTL، می‌توان از روش های نوین انتخاب ژنتیکی بر مبنای تفاوت های افراد در سطح DNA آنها استفاده نمود. در واقع با شناسایی حیواناتی که دارای بهترین ترکیب ژنی هستند، به آنها اجازه‌ی تولیدمثل داده شده و به این ترتیب نسل بعد به طور میانگین ژنهای مفید بیشتری نسبت به نسل قبل خواهد داشت و منجر به تغییر تدریجی در معدل یک صفت در نسل های آینده می‌شود. قبل از کاربرد انتخاب به کمک نشانگر در هر نژاد لازم است با انجام مطالعات ژنومی، نواحی ژنومی حامل چندشکلی‌های مرتبط با تنوع در صفات کمی (QTL) شناسایی گردند.

نقشه یابی ژنی را می توان به دو صورت (۱) روش ژن کاندیدا و (۲) پویش[2] کل ژنوم به منظور شناسایی جایگاه های ژنی موثر بر صفات کمی (QTL) انجام داد (اسماعیلی زاده، ۱۳۸۸). در این میان، نشانگرهای مولکولی، ازجمله ریزماهواره ها نقش مهم و انکار ناپذیری دارند. در تکنیک های نقشه یابی، با تعیین ژنوتیپ نشانگرهای موجود در ژنوم افراد و بررسی ارتباط آماری آن با فنوتیپ مشاهده شده، می توان موقعیت تقریبی جایگاه های ژنی موثر بر صفات کمی را تعیین کرد.

یکی از مهمترین اهداف مد نظر در برنامه های اصلاحی دام و طیور، بهبود صفات مرتبط با رشد حیوانات است. برنامه های اصلاحی رایج برای طیور گوشتی معمولاً حیوانات را بر اساس وزن بدن و ترکیب لاشه (مانند میزان ماهیچه سینه و غیره) انتخاب می کنند و درعین حال هزینه های تولید را به حداقل می رسانند. به دلیل اهمیت زیاد و تاثیرگذاری بالای صفات رشد و اصلاح آن در افزایش سود واحدهای پرورش طیور، بررسی کنترل ژنتیکی این صفات از اهمیت بالایی برخوردار است.

---

[1] - Quantitative Traits Loci
[2] - Scan

هدف از انجام این پژوهش، پویش کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی و شناسایی QTL موثر بر رشد در یک جمعیت F_2 می باشد.

فصل دوم
بررسی منابع

۲ بررسی منابع

۲-۱-نشانگرهای مولکولی

استفاده از فناوری های ژنتیک مولکولی می تواند نقش عمده ای در پیشرفت برنامه های اصلاحی داشته باشد. نشانگرهای مولکولی از جمله ابزار های مهم و کاربردی جدید ژنتیک مولکولی در زمینه انتخاب و اصلاح حیوانات هستند که استفاده رو به گسترش از آنها موجب افزایش دقت و صحت انتخاب حیوانات برتر و همچنین پیشرفت سریع برنامه های اصلاحی می شود. به هر یک از خصوصیات موجود زنده که بتوان از آن‌ها به عنوان یک نشانه و مدرک برای بررسی شباهت‌ها و تفاوت‌های بین گونه‌ها، جنس و ... استفاده نمود، نشانگر ژنتیکی گفته می‌شود. به عبارت دیگر، می-توان گفت که نشانگرهای ژنتیکی توالی‌های خاصی از نوکلئوتیدها هستند که با الگوی خاصی در سراسر ژنوم پراکنده شده‌اند. در سال های اخیر نشانگرهای مولکولی، به منظور انجام مطالعات پایه ای و کاربردی در سیستم های جانوری و گیاهی مورد استفاده های وسیعی قرار گرفته اند.

۲-۱-۱- ویژگی‌های یک نشانگر ژنتیکی مناسب

۱- چند شکلی[1] بالا

اساس استفاده از نشانگرهای ژنتیکی، چند شکلی بودن آن‌هاست. وقتی آلل‌های مختلفی از یک نشانگر برای یک صفت اقتصادی آزمون می‌شوند، گروه‌های مختلف جمعیت بر مبنای میزان تولید و نشانگرهای مورد بررسی، قابل دسته‌بندی هستند. در این حالت، وقتی مشخص شد که افراد پر تولید یک نشانگر مشخص را در ژنوم خود دارند، مشخص می‌شود که از بین انواع متعددی از نشانگرهای مورد بررسی، یک نشانگر خاص با ژن یا ژن‌های عمده موثر بر صفت اقتصادی مربوطه، پیوستگی دارد و انتخاب بر اساس آن نشانگر صورت می‌گیرد. بدیهی است در صورت چندشکلی پایین و محدود بودن تعداد آلل‌ها، شناسایی نشانگر مرتبط با ژن‌های عمده، امکان‌پذیر نیست.

۲- فراوان بودن

۳- توزیع مناسب در کل ژنوم

[1]- Polymorphism