ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۶
صفحه ۲۲۷ - ۲۱۷

بررسی ساختار ژنتیکی و تجزیه فیلوژنتیکی جمعیت بز خلخالی با استفاده از ژنوم میتوکندری

Invetigation of genetic structure of Khalkhali goat using mitochondrial genome

وحیده کریمی‌عوری[۱]، نعمت هدایت ایوریق*[۱]، رضا سید شریفی[۱]، سعید نیک‌بین[۱]

۱- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیاران، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی

Karimi V[1], Hedayat Evrigh N[*1], Seyed Sharifi R[1], Nikbin S[1]

1- MSc Student, Assistant professors, Department of Animal Science, Fcaulty of Agriculture and natural resources, University of Mohaghegh Ardabili

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: hedayatuma@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱/۲۹ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳۱)

چکیده

گونه‌های بومی بخشی از سرمایه‌های ملی و ذخایر استراتژیک هر کشور محسوب شده و به‌دلیل کاهش شدید جمعیت آن‌ها شناسایی، حفاظت و تکثیر این نژادها اهمیت زیادی دارد. در این تحقیق ناحیه کنترل میتوکندریایی (D_LOOP) برای بررسی تنوع ژنتیکی، ساختار فیلوژنتیک و ژنتیک جمعیت بز خلخالی استفاده شد. نمونه‌های خونی از ۱۰۰ بز خلخالی جمع‌آوری شد. نمونه‌های DNA با استفاده از کیت استاندارد استخراج و با استفاده از پرایمرهای اختصاصی تکثیر شد. بعد از تعیین ژنوتیپ از طریق تشخیص الگوهای متفاوت با استفاده از نشانگر SSCP توالی‌یابی شدند. توالی‌های مربوط به دیگر گونه‌های مزرعه‌ای که همتراز با توالی‌های حاصل شده بودند به‌عنوان توالی برون گروهی از طریق NCBI به‌دست آمد. در ۱۲۶ توالی به‌دست آمده در حدود ۶۲ جهش و ۳۷ هاپلوتیپ شناسایی شد. تنوع هاپلوتیپی و تنوع نوکلئوتیدی در بین گونه‌ها به‌ترتیب ۰/۹۱۵ و ۰/۰۶۹ بود و در بز خلخالی به‌ترتیب ۰/۸۳۴ و ۰/۰۰۸ به‌دست آمد که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی کم در این نژاد می‌باشد. نتایج مربوط به مقایسه با سایر نژادهای بز نشان داد که جمعیت بز خلخالی جز هاپلو گروه A در بین انواع هاپلو گروه‌های شناخته شده در جهان می‌باشد.

واژه‌های کلیدی

بز خلخالی
تنوع ژنتیکی
توالی‌یابی
هاپلوتیپ
D-LOOP

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

مقدمه

در حوزه ژنتیک و به‌نژادی، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها می‌تواند کمک بزرگی برای برنامه‌ریزی جهت استفاده در طرح‌های اصلاح نژادی و از همه مهم‌تر، حفظ ذخایر ژنتیکی باشد. روش‌های مولکولی و استفاده از نشانگرهای مولکولی در این زمینه یکی از بهترین گزینه‌ها به حساب می‌آید (Alinaghizadeh et al. 2010). استفاده از ژنتیک ملکولی فواید زیادی دارد که یکی از این فواید تعیین ژنوتیپ افراد برای جایگاه‌های خاص است (Mousavizadeh et al. 2009) که در انتخاب و اصلاح نژاد حیوانات ممکن است به‌طور قابل توجهی پیشرفت ژنتیکی را تسریع کند (Javanmard et al. 2008). گونه‌ها مشخص‌ترین واحدهای زیستی هستند که حفاظت و مدیریت تنوع ژنتیکی در آن‌ها بر اساس یک دانش جامع از ساختار جمعیت شامل تنوع ژنتیکی بین گونه‌ها و داخل گونه‌ها انجام می‌پذیرد. حفاظت از تنوع ژنتیکی عاملی کلیدی برای محافظت از حیات گونه‌ها در طولانی مدت است (Rout et al. 2012). حفاظت باید بر اساس دانش عمیقی از منابع ژنتیکی نژادهای خاص باشد، لذا تلاش برای شناسایی و تعیین خصوصیات ژنتیکی نژادهای بومی و محلی بسیار اهمیت دارد (Shojaei et al. 2010; Zamani et al. 2013). پایین بودن تنوع ژنتیکی حساسیت جمعیت به بلایای طبیعی مثل شیوع بیماری‌ها را افزایش داده و باعث افزایش هم‌خونی می‌شود و به دنبال آن مشکلات ناشی از زوال خویش‌آمیزی، افزایش آلل‌های مضر و یا حذف حالت فوق غالبیت را خواهد داشت. تغییرات مربوط به الگوی توزیع ژنی، سازگاری به شرایط محیطی را از بین برده و باعث تفکیک کمپلکس‌های ژنی می‌شود. تمامی این عوامل دست به‌دست هم داده و باعث کاهش سازگاری دام‌ها با شرایط محیطی و در نهایت ممکن است باعث انقراض آن‌ها شود.

بر اساس آمارهای فائو ۱۷ درصد از نژادهای بز دنیا در وضعیت بحرانی و خطر قرار دارند (FAO 2007). ژنتیک بز اهلی اخیرا برای درک جنبه‌های مختلف اصلاحی آن مورد توجه قرار گرفته است. همانند گونه‌های دیگر، چند شکلی ناحیه کنترل میتوکندریایی (D_loop میتوکندریایی) ابزار مناسبی برای انتخاب و بررسی تنوع نژادهای موجود و تعیین زمان و مکان اهلی شدن آن‌ها می‌باشد (Pereira ei al, 2009; Luikar et al, 2001; Liu et al 2006; Pereira et al, 2005; Naderi et al ,2007; Vacca et al, 2010; Wang et al, 2008; Wu et al, 2009).

این بخش از ژنوم سه ویژگی اصلی نشانگر مناسب، یعنی داشتن حفاظت‌شدگی کافی، تنوع و ساختاربندی در طیف وسیعی از گونه‌ها و سرعت تکامل پایدار را دارد (Bruford et al. 2003). ویژگی دیگر این بخش از ژنوم تعداد بالای نسخه در هر سلول می‌باشد که تجزیه در مقادیر بسیار ناچیزی از ماده جانوری را امکان‌پذیر می‌سازد (Naderi et al. 2007).

بز خلخالی از شاخص‌ترین نژادهای بز منطقه می‌باشد که به‌علت هزینه نگهداری نسبتا کم و سازگاری با شرایط اقلیمی منطقه نگهداری و پرورش این بز به‌صورت رایج انجام می‌گیرد و از لحاظ اقتصادی اهمیت زیادی برای روستاییان و عشایر منطقه دارد. منطقه پراکنش این بز بیشتر در دشت مغان و اطراف شهرستان خلخال و بخش‌هایی از استان آذربایجان شرقی است. اگر چه پژوهش‌های زیادی روی بزهای ایران انجام شده‌است (Alinaghizadeh et al. 2010; Askari et al. 2011; Hadizadeh et al. 2013; Mousavizadeh et al. 2009; Hadizadeh et al. 2014a; Askari et al. 2009; Hadizadeh et al. 2014b; Askari et al. 2010; Moghadaszadeh et al. 2015; Mohammadabadi et al. 2009; Shamsalddini et al. 2016; Mohammadabadi and Dastafkan, 2012; Askari et al. 2008; Hassani et al. 2010; Mohammadabadi et al. 2011; Abbaszadeh et al. 2011; Mohammadabadi, 2012; Tohidi nezhad et al. 2015)، ولی تاکنون جایگاه D-Loop میتوکندری در بزهای خلخالی مطالعه نشده‌است. لذا، این مطالعه با هدف بررسی ساختار و تنوع ژنتیکی بزهای خلخالی اردبیل و بررسی ارتباط آن با هاپلوگروه‌های شناسایی شده در بز انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

جهت انجام تحقیق، تعداد ۱۰۰ راس نر به‌طور تصادفی از چهار گله بز خلخالی در شهرستان خلخال انتخاب و از آن‌ها نمونه‌گیری خون به عمل آمد. خون‌گیری از ناحیه سیاهرگ وداج گردن صورت گرفت. نمونه‌های خون به لوله‌های حاوی EDTA انتقال یافت و در دمای ۲۰- درجه سلسیوس نگهداری شد. استخراج DNA با استفاده از کیت استخراج DNA (ATP bioscience) از

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

خون پستانداران انجام شد. جهت تعیین کمیت و کیفیت DNA، از ژل آگارز ۰/۸درصد حاوی اتیدیوم بروماید استفاده شد.

تکثیر قطعه ۵۳۷ جفت‌بازی از ناحیه D_LOOP به‌کمک واکنش زنجیره ای پلیمراز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی زیر (Liu et al. 2006) صورت گرفت (شکل ۱)

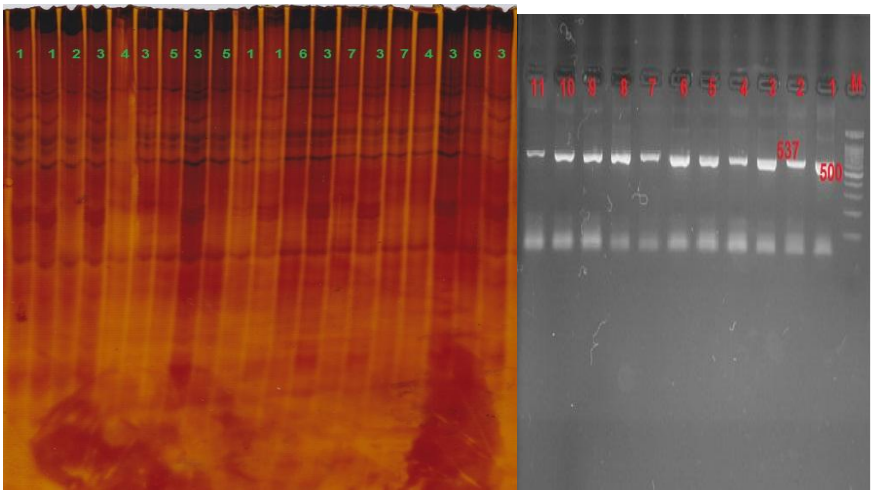
F:5′-CGTGTATGCAAGTACATTAC-3′
R:5′- CTGATTAGTCATTAGTCCATC-3′

چرخه‌های حرارتی PCR برای تکثیر قطعه مورد نظر به‌صورت واسرشته‌سازی اولیه به مدت پنج دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی-گراد، و ۳۵ چرخه شامل به‌ترتیب واسرشته‌سازی به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگر به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد، مرحله بسط به مدت یک دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد، و در نهایت مرحله بسط نهایی به مدت پنج دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام گرفت. غلظت‌های مورد استفاده از مواد بعد از بهینه‌سازی برای انجام PCR به‌ترتیب ۰/۸ میکرولیتر $MgCl_2$ 25 mM، دو میکرولیتر بافر PCR 10X، ۰/۵ میکرولیتر dNTP 10 mM، یک پیکومول از هر جفت آغازگر، دو واحد TaqDNA Polymerase، ۲/۵ میکرولیتر DNA ژنومی و مابقی تا رسیدن به حجم ۲۵ میکرولیتر از آب-مقطر استفاده شد. برای اطمینان از عمل تکثیر، کیفیت و میزان توالی تکثیر شده در واکنش، از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد استفاده شد. جهت تعیین ژنوتیپ از روش SSCP محصولات PCR بر روی ژل اکریل آمید ۱۲ درصد و رنگ‌آمیزی نیترات نقره استفاده شد (شکل ۱).

سه نمونه از هر الگوی متفاوت شناسایی شده جهت توالی‌یابی از طریق شرکت پیشگام به شرکت Macrogen کره جنوبی ارسال شد. توالی‌های به‌دست آمده برای بررسی چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی با استفاده از نرم‌افزار MEGA (Tamura et al. 2011) 6.0 روش Clustal w همتراز شدند و با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی، درخت فیلوژنتیکی با بیش‌ترین درست‌نمایی ترسیم شد. سپس با استفاده از نرم‌افزار DnaSp 5.10 هاپلوتیپ‌ها شناسایی شد و برای تجزیه شبکه‌ای هاپلوتیپ‌های به‌دست آمده از نرم‌افزار Network V.4.6.1.2 (fluxus-engineering.com) استفاده شد. جهت بررسی خنثی بودن یا اثر داشتن انتخاب (مصنوعی یا طبیعی) بر روی جهش یک ژن از آماره تاجیما D استفاده شد (Tajima 1989).

توالی‌های DNA میتوکندری مربوط به ناحیه کنترل به‌دست آمده از توالی‌یابی با توالی‌های دیگرگونه‌ها از بانک ژن موسسه اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا (NCBI) با کد دسترسی که در جدول ۱ آمده است (به‌عنوان توالی برون گروهی)[1]، مورد مقایسه قرار گرفتند.

[1] Outgroup



شکل ۱- تکثیر قطعه ۵۳۷ جفت‌بازی (سمت راست) و الگوی مختلف ایجاد شده از SSCP (سمت چپ) در ناحیه D-Loop از ژنوم میتوکندریایی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

جدول۱- توالی‌های ژن D-LOOP استخراج شده از پایگاه اطلاعاتی NCBI و کد دسترسی آن‌ها جهت استفاده به‌عنوان توالی برون گروهی در تجزیه فیلوژنتیکی

گونه دام	تعداد توالی	شماره دسترسی در بانک ژن
گاو کوهان‌دار	۱۱	FJ440807, FJ440810, FJ440770, FJ440797, FJ440742, FJ440800, FJ440783, AB570124, KU052783, KU052786, KU052785
گاو اروپایی	۱۸	AB177769, AB065127, EU281351, AB177776, AB177774, AB973255, AY378139, KU052781, KU052782, KU052763, KU052778, KU052779, KU052773, KU052777, KU052770, KU052780, AB177775, KU052775
گاو میش	۱۵	KR009050, KR008972, KR008723, KR008253, GQ260383, GQ260257, KR009023, KR009017, KR008985, KR008909, KR008838, KR008831, KR009022, KR008694, KR008978
بز	۱۵	KM260512, KP671039, KP671040, KP671048, KP671049, KP671050, KP671059, KP671074, KP671133, KP671398, KP671403, KP671414, KP671422, KP671434, KP671436
گوسفند	۷	JX101654, JN181255, KP000591, KF677192, JX545682, JX545536, BQ242111
کل	۱۲۶	

جدول ۲- کد دسترسی توالی‌های مربوط به هاپلوگروه‌های مختلف شناسایی شده در بز

کد دسترسی	هاپلوگروه	ناحیه	رفرنس اول	رفرنس دوم
AY155721	A	India	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF618134	A	Italy	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617779	A	France	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF618200	A	Jordan	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617945	A	Iran	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617965	A	Iran	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
AB044303	B	Laos	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617706	B	Azerbaijan	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
AJ317833	B	Mongolia	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
DQ121578	B	China	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
AY155708	C	India	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
AJ317838	C	Switzerland	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF618413	C	Spain	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
DQ188892	C	China	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
AY155952	D	India	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617701	D	Austria	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
DQ188893	D	China	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
DQ241349	F	Sicily	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
DQ241351	F	Sicily	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF618084	G	Iran	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF618535	G	Turkey	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010
EF617727	G	Egypt	Naderi et al. 2007	Han et al. 2010

داده‌های مورد نظر برای ویرایش اولیه به نرم‌افزار MEGA 6.0 انتقال و همتراز شد. سپس درخت فیلوژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی و مدل کیمورا ۲ (بهترین مدل توصیف‌کننده جایگزینی نوکلئوتیدی در داده‌های مورد بررسی) ترسیم شد. برای برآورد هاپلوتیپ‌ها، تنوع توالی، میانگین تعداد تفاوت‌های نوکلئوتیدی و میانگین تعداد جانشینی‌های نوکلئوتیدی برای هر جایگاه بین نژادها از نرم‌افزار DnaSP 5.10 استفاده شد. فاصله-های ژنتیکی بین هاپلوتیپ‌های مشاهده شده و ترسیم درخت فیلوژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار MEGA 6.0 و تجزیه شبکه‌ای هاپلوتیپ‌ها با نرم‌افزار NETWORK 4.163 انجام گرفت. در تحقیقاتی که بر روی mtDNA بز انجام داده شد حدود ٦ هاپلوگروه به نام‌های A,B,C,D,F,G شناسایی و گزارش شده-است. برای تعیین هاپلوگروه جمعیت بز خلخالی، هاپلوگروه‌هایی که قبلا شناسایی شده و در جدول ۲ (Mazdarani et al. 2014) آمده است با استفاده از کد دسترسی از سایت NCBI استخراج شده و با روش پیوند همجواری[1] روابط فیلوژنتیکی با نمونه‌های توالی یابی شده ترسیم شد.

نتایج و بحث

طول کلی توالی پس از ردیف‌بندی در تمام گونه‌های مورد بررسی ۵۳۷ جفت‌باز بود که در ٥٤ جایگاه چند شکلی مشاهده شد. تعداد جهش مشاهده شده در جمعیت بزهای خلخالی ٦ جهش بود که منجر به ایجاد ۷ هاپلوتیپ مختلف می‌شود که مطابق با الگوهای مشاهده شده از روش SSCP می‌باشد. بزرگ-ترین گروه هاپلوتایپ ۲ و ۱ و ۷ به‌ترتیب ۲۷ و۱۸ و ۱۳ فراوانی را در گونه‌های مختلف نشان دادند. بزهای خلخالی و گروه کاپرا

[1] Neighbor joining

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

اختصاصا در گروه هاپلوتیپی ۲ قرار گرفته‌اند که ۱۳ نمونه مربوط به گله‌های ۱ و ٤ بز خلخالی و ١٤ نمونه مربوط به کاپرا هیرکوس است. نمونه‌های مربوط به گله ۲ بز خلخالی در یک هاپلو گروه مجزا قرار گرفتند.

تنوع هاپلوتیپ، واریانس هاپلوتیپی، تنوع نوکلئوتیدی و تاجیما D در کل نمونه‌ها به‌ترتیب ۰/۹۱۵، ۰/۰۰۰۲، ۰/۰٦۹ و ۰/٤۰۸ به دست آمد. مقدار تاجیما D معنی‌دار نبود (P>۰/۱)، که نشان‌دهنده عدم انتخاب در جمعیت‌های مورد مطالعه می‌باشد (جداول ۳ و ٤) گاو اروپایی بالاترین تنوع نوکلئوتیدی را نشان داد و در بز خلخالی تنوع هاپلوتایپی و تنوع نوکلئوتیدی نسبتاً مناسب و به‌ترتیب ۰/۸۳٤ و ۰/۰۰۸ مشاهده شد. آزمون تاجیما D به‌منظور شناسایی هر گونه انحراف از فرضیه صفر تکامل خنثی و شناسایی اثرات انتخاب طبیعی بر این ژن‌ها انجام می‌شود. مقدار تاجیما D در گاو میش و گوسفند منفی و غیرمعنی دار بود که ممکن است به‌دلیل تعداد اندک نمونه‌های استفاده شده در این مطالعه باشد.

فاصله ژنتیکی را به‌عنوان معیاری از اختلاف بین جمعیت‌ها تعریف می‌کنند که به‌صورت تابعی از فراوانی ژنی بیان می‌شود و یک معیار آماری استاندارد را (به‌صورت یک عدد) برای تعیین میزان تفاوت ژنتیکی فراهم می‌کند. اگر هیچ تفاوتی وجود نداشته باشد، فاصله صفر خواهد بود و در صورتی‌که جمعیت‌ها در هیچ جایگاهی آلل مشترک نداشته باشند، فاصله میان آن‌ها برابر با حداکثر مقدار خود یعنی یک خواهد بود. فاصله ژنتیکی و تمایز ژنتیکی حاصل از تجزیه توالی‌های مربوط به گونه‌های مختلف دام‌های اهلی در جدول ۵ ارائه شده‌است. کم‌ترین سطوح فاصله ژنتیکی را بز خلخالی با توالی بزهای دیگر (استخراج شده از NCBI) دارد که نشان‌دهنده نزدیکی روابط فیلوژنتیکی است و بعد از آن گاو کوهان دار با گاو اروپایی کم‌ترین فاصله را نشان دادند و بیش‌ترین سطوح تمایز ژنتیکی را توالی‌های گاو میش با بز خلخالی دارا می‌باشند.

جدول۳- اطلاعات مربوط به جایگاه D_loop در توالی‌های مورد بررسی

گونه دام	تعداد جایگاه گمشده	تعداد جایگاه چندشکلی	تعدادجهش منفرد	تعدادجهش چندگانه
گاو کوهان دار	١٦	۲۱	۳	۱۸
گاو اروپایی	۲۱	۲۹	۳	۲٦
گاو میش	١٤	۲	۲	۰
بز	١٤	۰	۰	۰
بز خلخالی	١٤	٦	۰	٦
گوسفند	١٤	١٦	۸	۸
کل	۲۱	٥٤	٤	٥۰

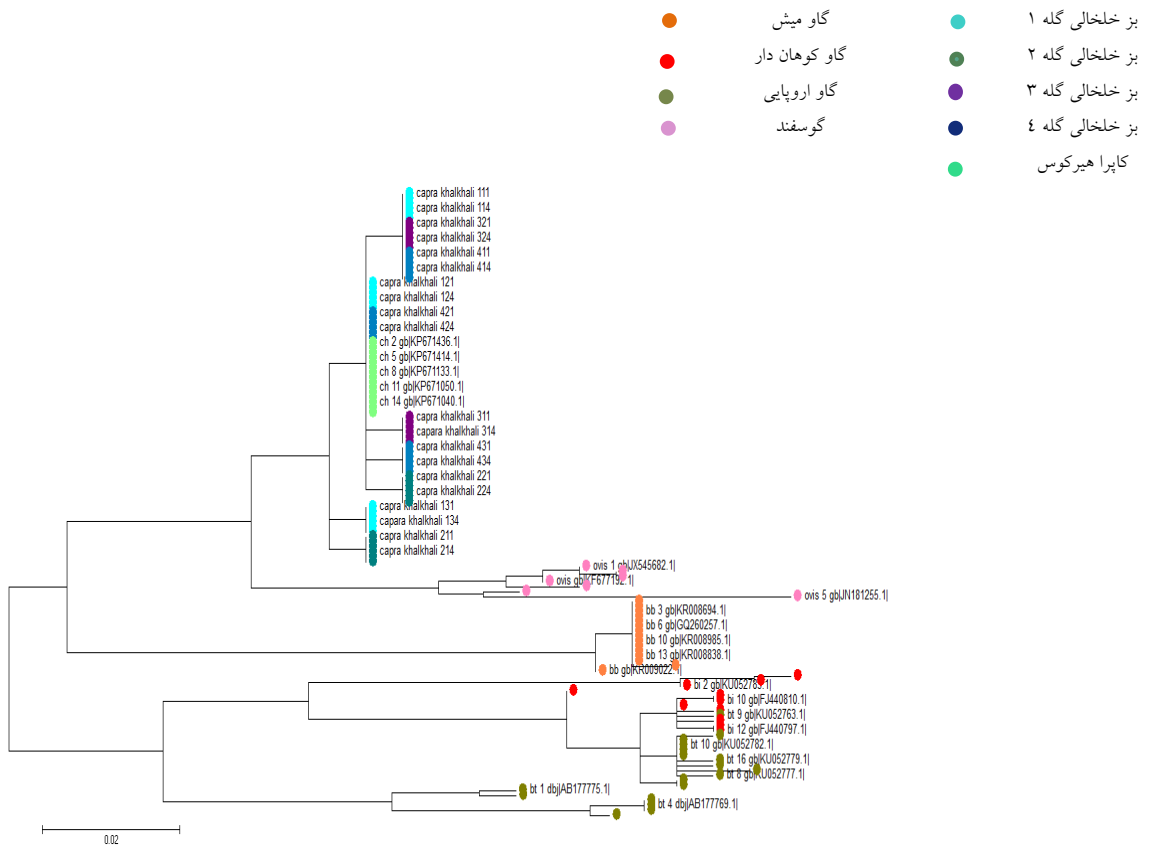
جدول٤- آماره‌های جمعیتی بین توالی‌های مختلف مربوط به جایگاه D_loop

گونه حیوان	تعداد هاپلوتایپ	تنوع هاپلوتایپی	واریانس تنوع هاپلوتایپی	تنوع نوکلئوتیدی	تاجیما D
گاو کوهان‌دار	۱۰	۰/۹۸۲	۰/۰٤٦	۰/۰٤٥	۰/۹٦٤
گاو اروپایی	۱۲	۰/۹۳۳	۰/۰۰۲	۰/۰٦۲	۱/٥٦۹
گاو میش	۳	۰/۲٥۷	۰/۰۲۰	۰/۰۰۳	-۱/٤۹۱
بز	۱	۰	۰	۰	۰
بز خلخالی	۷	۰/۸۳٤	۰/۰۰۱	۰/۰۰۸	۰/٤۹٥
گوسفند	٦	۰/۹٥۲	۰/۰۰۹	۰/۰۳۲	-۰/۲۰۸
کل	۳۷	۰/۹۱٥	۰/۰۰۰۲	۰/۰٦۹	۰/٤۰۸

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

جدول۵- مقایسه مربوط به تمایز ژنتیکی Fst و فاصله ژنتیکی DXY

Dxy / Fst	بز خلخالی	گاو میش	گاو کوهان دار	گاو اروپایی	بز	گوسفند
بز خلخالی	–	۰/۹۵۲	۰/۷۷۶	۰/۶۹۱	۰/۲۲۷	۰/۶۹۳
گاو میش	۰/۱۰۰	–	۰/۸۴۰	۰/۷۸۳	۰/۹۹۳	۰/۸۶۱
گاو کوهان دار	۰/۱۱۵	۰/۱۴۰	–	۰/۱۶۲	۰/۸۰۶	۰/۷۱۵
گاو اروپایی	۰/۱۱۴	۰/۱۴۷	۰/۰۶۳	–	۰/۷۲۱	۰/۶۶۵
بز	۰/۰۰۵	۰/۰۹۹	۰/۱۱۲	۰/۱۱۱	–	۰/۷۴۹
گوسفند	۰/۰۶۳	۰/۱۱۵	۰/۱۳۰	۰/۱۳۹	۰/۰۶۱	–

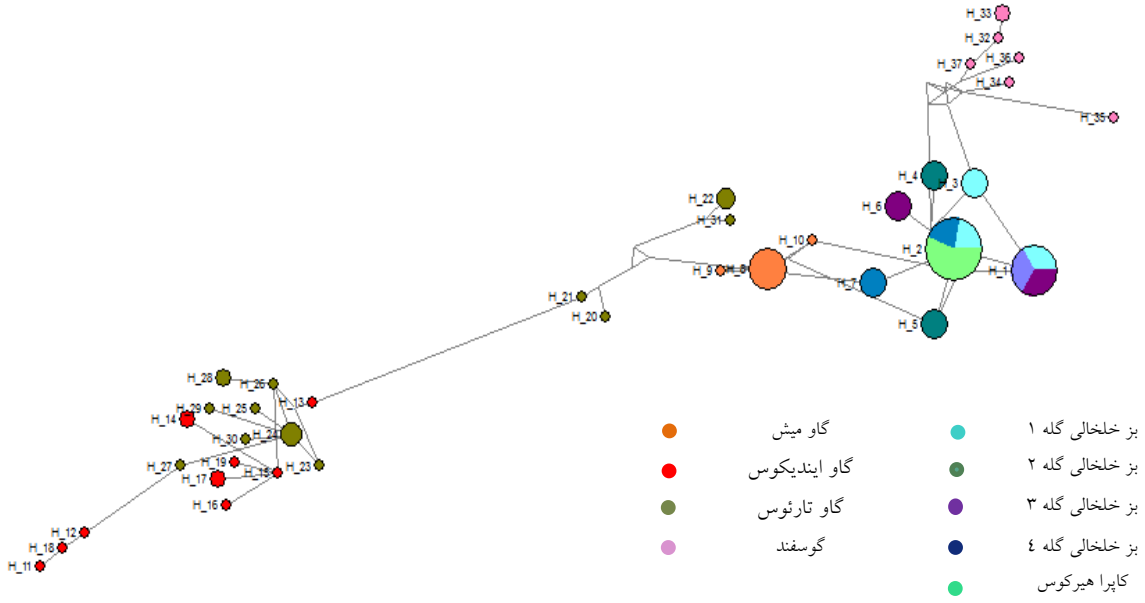


شکل۲ -درخت فیلوژنتیکی مربوط به ناحیه میتوکندریایی D_LOOP در بز خلخالی و دام‌های اهلی (به‌عنوان برون گروهی)

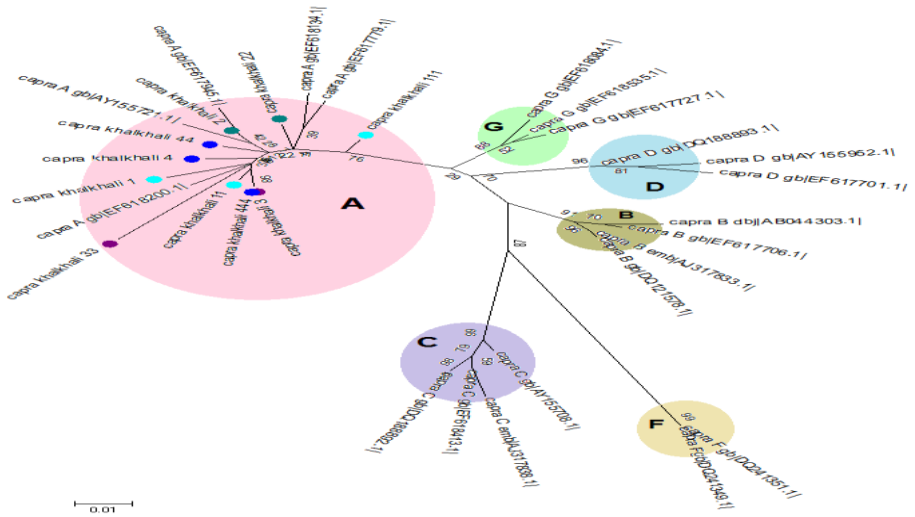
در مطالعات تکاملی، طبقه‌بندی شامل تشکیل فیلوژنی نیز می‌شود، درختان فیلوژنتیک مسیرهای تکاملی را نشان می‌دهند و می‌توان از آن‌ها برای درک روابط تکاملی استفاده نمود. به‌عبارت دیگر هر چه موجودات مورد بررسی مشابهت بیش‌تری در مولکول‌های توارثی داشته باشند، خویشاوندی نزدیک‌تری دارند. در بیش‌تر موجودات از داده‌های مربوط به توالی DNA برای تعیین روابط تکاملی استفاده می‌شود. از آنجایی‌که چنین داده‌هایی (در مقایسه با داده‌هایی مانند داده‌های ریخت‌شناختی) کمتر تحت تأثیر نتایج انتخاب قرار می‌گیرند، بهتر می‌توانند روابط فیلوژنتیکی واقعی را منعکس کنند. وجود تعداد بیشتر شاخه‌های درخت نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالاست که مربوط به جمعیت گاو اروپایی می‌باشد. تنوع ژنتیکی نزدیک جمعیت‌ها بیانگر منشأ مشترک و یا وجود جریان ژنی میان آن‌ها و یا شرایط زیستگاهی مشابه می‌باشد. چهار گله بز خلخالی در هفت شاخه مجزا قرار گرفتند. گاو اروپایی و گاو کوهان‌دار از یک شاخه منشا گرفته و مجزا می‌شوند و گاو میش در شاخه دیگر قرار گرفتند (شکل ۲). همان‌طور که مشاهده می‌شود برای تجزیه‌های فیلوژنتیکی بز می‌توان از توالی حیوانات گوسفند، گاومیش و گاو به‌عنوان توالی برون گروهی جهت ترسیم درخت فیلوژنتیکی ریشه‌دار استفاده کرد. با توجه به اینکه فاصله ژنتیکی گوسفند نسبت به بز متوسط است به‌نظر می‌رسد

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

جهت ترسیم درخت فیلوژنتیکی ریشه‌دار در جمعیت بزها بهترین توالی به‌عنوان توالی برون گروهی باشد. همانطورکه در درخت فیلوژنتیکی مشاهده می‌شود جمعیت یکی از بزهای خلخالی در مقایسه با سایر جمعیت‌ها بیش‌ترین تنوع ژنتیکی را دارد. شبکه روابط هاپلوتیپی در توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار Network در شکل ۳ آورده شده‌است. شبکه از طریق خوشه‌های مجزای هاپلوتایپ مشخص شد. هاپلوتایپ‌های با فراوانی بالا دایره بزرگ‌تر و هاپلوتایپ‌های با فراوانی پایین دایره کوچک‌تر را به خود اختصاص داده‌اند. ترسیم درخت فیلو ژنتیکی با روش پیوند همجواری نشان داد که جمعیت بز خلخالی در هاپلوگروه A قرار می‌گیرد. این هاپلو گروه بزرگ‌ترین هاپلو گروه در انواع نژادهای مختلف بز در جهان می‌باشد (شکل ٤).



شکل ۳- شبکه بهم پیوسته ۳۷ هاپلوتایپ مربوط به D-LOOP میتوکندریایی (اندازه دایره‌ها متناسب با فراوانی آن‌هاست).



شکل ٤- رابطه فیلوژنتیکی بر اساس روش پیوند همجواری توالی ناحیه کنترل mtDNA بزهای خلخالی و توالی‌های متعلق به هاپلوگروه‌های A,B,C,D,F,G شناسایی شده در گونه بز. فاصله‌ها بر اساس مدل Kimura 2-parameter (Kimura1980) اعداد روی شاخه‌ها مربوط به تست بوت استراپ بر اساس ۱۰۰۰ تکرار می‌باشد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

به‌طور مرسوم مطالعه تکامل ژنتیکی گونه‌های مختلف دام‌ها بر اساس مطالعه قطعه کوچکی از ناحیه کنترل موسوم به ناحیه D-LOOP انجام شده‌است. در بز اولین مطالعه‌ای که با این روش انجام شد وجود چند خط مادری کاملا متمایز را مشخص کرد که ساختار ژئوگرافی آن‌ها کمتر از سایر گونه‌ها بود. طی این بررسی مشخص شد که خط مادری نژادهای امروزی بز مربوط به سه جمعیت پایه می‌باشد که امروزه با نام هاپلوگروه‌های A ، B و C شناخته می‌شوند و ۲۰ هزار سال پیش از هم جدا شده‌اند. این امر نشان می‌دهد که بزهای مناطق مختلف جهان یک خط مادری مشترک نداشته و مربوط به تعداد معدودی از بزهای وحشی می‌باشند (Luikart et al. 2001). نتایج این تحقیق نشان داد که هاپلوگروه A به‌طور معمول در همه قاره‌ها یافت می‌شود و هاپلوگروه B نیز احتمالا از آسیا منشا گرفته که مطالعات بعدی آن را ثابت کرد (Joshi et al. 2004). در ادامه با مطالعه بزهای بومی پاکستان هاپلوگروه دیگری با نام هاپلوگروه D نیز معرفی شد (Sultana et al. 2003).

Naderi et al. (2007) در یک تحقیق وسیع شش نوع هاپلوگروه با تنوع هاپلوتیپی بالا با نام‌های A، B، C، D، F و G را مشخص کردند که پنج مورد از این هاپلوگروه‌ها توسط محققان قبلی گزارش شده بود (Luikart et al, 2001; Sultana et al. 2003; Chen et al. 2005) که در این مطالعه تنها هاپلوگروه G به آن‌ها اضافه شده‌است.

دوهاپلوتیپی که توسط Joshi et al. (2004) به‌عنوان هاپلو گروه E معرفی شده بود نیز به این دلیل که حد واسط بین دو هاپلوگروه A و E بودند وارد هاپلوگروه A شدند. بنابراین، دیگر هاپلوگروهی به نام E نمی‌توانست بررسی شود. نتایج این مطالعه نشان داد که ۷۷ درصد از تنوع میتوکندری بزها داخل نژادی، ۱۱ درصد بین نژادی و ۱۲ درصد مربوط به مناطق جغرافیایی می‌باشد.

Wu et al. (2009) یک قطعه ازتوالی HVR1 ناحیه D-LOOP برای ۱۴۵ نمونه حیوان از ۱۲ نژاد بومی چین و ٤ بز وحشی را مطالعه کرد. نتایج این تحقیق نشان داد که دو انفجار جمعیتی در تاریخچه تکامل تبار B اتفاق افتاده است. در تحقیق دیگری با مطالعه ۵۰ نمونه از جمعیت بز جاموناپاری هندوستان تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی این نژاد مورد بررسی قرار گرفت. مطالعه بیش‌تر این جمعیت یک انفجار جمعیتی در تاریخچه آن‌ها را نشان داد (Rout et al. 2012).

Doro et al. (2014) برای بررسی تنوع داخل هاپلوگروه A و گسترش جهانی آن توالی کامل ژنوم میتوکندریایی ۲۸ بز از نژاد ساردینی ایتالیا را مطالعه کرده و ۲۰٦ چند شکلی را در ۳۰ جایگاه ژنی گزارش کردند. ۱۱۳ مورد از این چندشکلی‌ها مربوط به هاپلوگروه B و C بوده و ۹۳ مورد مربوط به هاپلوگروه A بود. یافته های این تحقیق گسترش جهانی هاپلو گروه A و تنوع بیشتر این هاپلوگروه را تایید کرد. Gorkhali (2014) به‌منظور مطالعه تنوع ژنتیکی و تکامل ژنتیکی بزهای بومی نپال توالی HVR1 ناحیه D-LOOP ژنوم میتوکندریایی ۹۳ حیوان از بزهای بومی نپال را موردبررسی قرار دادند. در این ۹۳ فرد ٦٦ هاپلوتیپ مختلف تشخیص داده شد که در چهار هاپلوگروه A، B، C و D قرار گرفته که هاپلوگروه A در اغلب آن‌ها یافت شد. مقایسه توالی بزهای نپال با توالی های گزارش شده در کشورهای همسایه (بوتان، پاکستان، هندوستان و چین) جریان ژنی گسترده بین کشورهای همسایه را نشان داد. به نظر می‌رسد که روش چوپانی فصلی، مهاجرت‌های سالانه در فواصل دور در طول تاریخ و هم‌چنین تجارت عامل این جریان ژنی باشد.

بررسی توالی کامل ناحیه D-LOOP ژنوم میتوکندریایی ۱۸۳ حیوان از ۱۳ نژاد مختلف چینی ۱۳۵ هاپلوتیپ در ۱٤٤ جایگاه چند شکلی را نشان داد. از بین افراد مطالعه شده ۱٤۵ فرد با ۱۰۹ هاپلوتیپ مربوط به هاپلو گروه A و ۳۸ فرد با ۲۱ هاپلوتیپ مربوط به هاپلوگروه B قرار گرفتند (Liu et al. 2006).

در یک مطالعه بررسی ساختار ژنتیکی و تکامل نژادی بزهای کره‌ای با مطالعه توالی HVR1 ناحیه D-LOOP ژنوم میتوکندری انجام شد و نتایج به‌دست آمده در این تحقیق با توالی بزهای آسیایی مربوط به نژادهای چین، پاکستان، لائوس وهندوستان مقایسه شد. ۱۹ بز کره‌ای که در شش هاپلوتیپ گروه‌بندی شده بودند همگی مربوط به هاپلوگروه A بودند. تنوع ژنتیکی و فاصله ژنتیکی کمی در داخل جمعیت مشاهده شد که نشان‌دهنده هم‌خونی بالا در آن‌ها بود (Odahara et al. 2006).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

Mazdarani et al. (2014) توالی ژنوم میتوکندریایی مربوط به بزهای دوران نوسنگی در جایگاه باستانی منطقه کیاسبز در مرکز زاگرس در ایران را مورد بررسی قرار دادند. استخوان‌های مربوط به پنج حیوان این دوره از این جایگاه باستانی در ساحل رودخانه سمیره در استان لرستان نمونه‌برداری شد. توالی HVR1 در این بزها ٥٣٤ تا ٦٣٢ جفت‌باز را شامل شده و با توالی بزهای امروزی ۹۹ درصد شباهت داشت که نشان‌دهنده محافظت بالای این توالی در بزهای دوره نوسنگی بود. هر پنج توالی مربوط به دوره نوسنگی همگی مربوط به هاپلوگروه A بود که نشان می‌دهد انفجار اولیه تبار غالب در هزاره ۹ قبل از میلاد اتفاق افتاده است. علاوه بر این دو نمونه بررسی شده از جایگاه باستانی قبرستان دشت قزوین نیز مربوط به هاپلوگروه A بود (Fernandez et al. 2005).

بز به‌دلیل اندازه متوسط بدن و توانایی سازگاری با محیط‌های گوناگون برای نقل و انتقال‌های بین قاره‌ای بسیار مناسب بوده است و جریان ژنی بالا (مهاجرت) در جمعیت‌های مختلف بز در اثر روش‌هایی مثل چوپانی فصلی، مهاجرت‌های سالانه در فواصل دور و همین‌طور تسهیل و گسترش بازرگانی منجر به الگوی درهم در مخزن ژنی بزهای مناطق مختلف شده‌است (Liu et al. 2009).

اکثر توالی‌هایی که به یک دودمان اصلی تعلق دارند تحت عنوان هاپلوگروه A نامیده می‌شوند (۹۱ درصد افراد سراسر جهان و ۱۰۰ درصد نمونه‌های مکانی). انتقال توالی‌های متعلق به این دودمان در مکان‌های دورتر نظیر آسیای شرقی، آفریقای جنوبی و تمام اروپا یافت شده‌است (Piras et al. 2012). با توجه به اینکه این هاپلوگروه گسترده‌ترین و متنوع‌ترین گروه می‌باشد، بنابراین بررسی فیلوژنتیکی آن بخش مهمی از گسترش اصلاح نژاد بز در مناطق غربی دنیای قدیم را تشکیل می‌دهد. دستیابی به این اهداف توسط فراوانی بالای جهش در برخی از نواحی بخش HVR محدود می‌شود. این آلل‌های تولید شده در دودمان‌های متعدد یکسان بوده و اطلاعات اندکی را برای بررسی‌های فیلوژنتیکی فراهم می‌کند. یکی از شواهد مناسب برای تشخیص گروه‌های فیلوژنتیکی فراوانی نسبی هر کدام از توالی‌ها می‌باشد. در حقیقت، با رشد جمعیت، تعداد اجداد یا دودمان‌های حاصل افزایش سریع‌تری نسبت به تجمع جهش‌های جدید دارد و جهش‌های جدید از نظر تعداد کم هستند.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج مربوط به بررسی جمعیت بزهای خلخالی با استفاده از ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی نشان داد که جمعیت بزهای خلخالی از میزان تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتیپی مناسبی بر خوردار است، لذا می‌توان از این تنوع ایجاد شده در برنامه‌های اصلاح نژادی و سیستم آمیزشی مناسب براساس اهداف مورد نظر استفاده کرد. از طرف دیگر، نتایج بررسی با سایر بزهای جهان نشان داد که این نژاد جز هاپلو گروه A می‌باشد و در صورتی‌که اهداف دورگ-گیری در این جمعیت‌ها وجود داشته باشد پیشنهاد می‌شود از نژادهای اصیل و پرتولید از هاپلوگروه A استفاده شود تا در سازگاری به شرایط محیط دچار مشکل نشوند.

منابع

Abbaszadeh E, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh A, Alinaghizadeh R (2011) The Polymorphism of Exon 2 of GOLA-DRB3 Gene in Nadushan Goat Using PCR-RFLP. Iranian Journal of Animal Science Research 3: 274-279. (In Farsi).

Alinaghizadeh H, Mohammad Abadi MR, Zakizadeh S (2010) Exon 2 of BMP15 gene polymorphismin Jabal Barez Red Goat. Journal of Agricultural Biotechnology 2: 69-80. (In Farsi).

Askari N, Baghizadeh A, Mohammadabadi MR (2008) Analysis of the genetic structure of Iranian indigenous Raeni cashmere goat populations using microsatellite markers. Biotechnology 2: 1-4.

Askari N, Baghizadeh A, Mohammadabadi MR (2010) Study of genetic diversity in four populations of Raeini cashmere goat using ISSR markers. Modern Genetics Journal 5: 49-56. (In Farsi).

Askari N, Mohammadabadi MR, Baghizadeh A (2011) ISSR markers for assessing DNA polymorphism and genetic characterization of cattle, goat and sheep populations. Iranian Journal of Biotechnology 9: 222-229.

Askari N, Mohammadabadi MR, Beygi Nassiry MT, Baghizadeh A, Fayazi J (2009) Study of Genetic Diversity of Raeini Cashmere Goat Based on Microsatellite Markers. Journal of Agricultural Science 18: 155-161. (In Farsi).

Bruford MW, Bradley DG, Luikart G (2003) DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature Reviews Genetic, 4: 900-910.

Chen, SY, Su YH, Wu SF, Sha T, Zhang YP (2005). Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

Chinese domestic goats. Molecular Phylogenetics and Evolution, 37: 804-814.
Doro MG, Piras D, Leoni GG, Casu G, Vaccargiu S, Parracciani D, Novelletto A (2014). Phylogeny and patterns of diversity of goat mtDNA haplogroup A revealed by resequencing complete mitogenomes. PloS one, 9: e95969.
FAO: FAO-STAT (2007) Food and Agricultural Organisation, Statistical Databases.
Fernandez H, Taberlet P, Mashkour M, Vigne JD, Luikart G (2002). Assessing the origin and diffusion of domestic goats using ancient DNA. Paper presented at the The first steps of animal domestication: new archaeozoological approaches. Proceedings of the 9th Conference of the International Council of Archaeozoology, Durham, August 2002.
Gorkhali N (2014). Mitochondrial DNA diversity in Nepalese goats. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 14: 0.945-940.
Hadizadeh M, Mohammadbadi MR, Niazi A, Esmailizadeh A, Mahdizadeh Gazooei Y (2014a) Search for polymorphism in growth and differentiation factor 9 (GDF9) gene in prolific beetal and tali goats (Capra hircus). Journal of Biodiversity and Environmental Sciences. 4: 186-191.
Hadizadeh M, Niazi A, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh A, Mehdizadeh Gazooei Y (2014b) Bioinformatics Analysis Of The Bmp15 Exon 2 In Tali And Beetal Goats. Modern Genetics Journal 9:117-120. (In Farsi).
Hadizadeh M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh A, Mehdizadeh Gazooei Y, Molaei S (2013) Use of bioinformatics tools to study exon 2 of GDF9 gene in Tali and Beetal goats. Modern Genetic Journal. 8: 283-288. (In Farsi).
Han L, Yu HX, Cai DW, Shi HL, Zhu H, Zhou H (2010). Mitochondrial DNA analysis provides new insights into the origin of the Chinese domestic goat. Small Ruminant Research, 90: 41-46.
Hassani MN, Asadi Fozi M, Esmailizadeh AK, Mohammadabadi MR (2010). A genetic analysis of growth traits in raieni cashmere goat using multivariate animal model. Iranian Journal of Animal Science 41:323-329. (In Farsi).
Hoffmann I (2010). Climate change and the characterization, breeding and conservation of animal genetic resources. Animal genetics, 41: 32-46.
Javanmard A, Mohammadabadi MR, Zarrigabayi GE, Gharahedaghi AA, Nassiry MR, Javadmansh A, Asadzadeh N (2008). Polymorphism within the intron region of the bovine leptin gene in Iranian Sarabi cattle (Iranian Bos taurus). Russian Journal of Genetics 44: 495-497.
Joshi MB, Rout PK, Mandal AK, Tyler-Smith C, Singh L, Thangaraj K (2004). Phylogeography and origin of Indian domestic goats. Molecular Biology and Evolution, 21: 454-462.
Kimura M (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of molecular evolution, 16: 111-120.
Kul BC, Ertugrul O (2011) mtDNA diversity and phylogeography of some Turkish native goat breeds. Ankara Universitesi Veteriner Fakultesi Dergisi, 58: 129-134.
Liu RY, Yang GS, Lei CZ (2006).The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. Acta Genetica Sinica.33: 420-428.
Liu YP, Cao SX, Chen SY, Yao YG, Liu TZ (2009) Genetic diversity of Chinese domestic goat based on the mitochondrial DNA sequence variation. Journal of Animal Breeding and Genetics, 126: 80-89.
Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne JD, Bouvet J, Taberlet P(2001) Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. Proceedings of the National Academy of Sciences, 98: 5927-5932.
Mazdarani F, Akbari M, Fard R, Hessari M, Pour K (2014). Molecular identification of capra hircus in east Chia sabz, an Iranian pre-pottery neolithic site, central zagros, based on mtdna. Journal of Animal and Plant Sciences, 24: 945-950.
Moghadaszadeh M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh Koshkoieh A (2015) Association of Exon 2 of BMP15 Gene with the Litter Size in the Raini Cashmere Goat. Genetics in the 3rd Millennium, 13: 4062-4067.
Mohammadabadi MR (2012). Relationships of IGFBP-3 gene polymorphism with cashmere traits in raini cashmere goat. Modern Genetics Journal 7:115-120 (In Farsi).
Mohammadabadi MR, Askari N, Baghizadeh A, Esmailizadeh A (2009) A directed search around caprine candidate loci provided evidence for microsatellites linkage to growth and cashmere yield in Rayini goats. Small Ruminant Research. 81:146-51.
Mohammadabadi MR, Dastafkan K (2012). Polymorphism of the Second Exon of MHC-DRB Gene in Jabal-Barez Red Goat. Animal production Research 2:10-17 (In Farsi).
Mohammadabadi MR, Shahabi A, Noshari AR, Askari N, Dayani O, Khezri A, Sataei Mokhtari M, Soflaei M, Ayatolahi A (2011). Study of genetic variation within red jabal barez goat population using microsatellite markers. Iranian Journal of Animal Science 42:125-131 (In Farsi).
Mousavizadeh A, Mohammad Abadi MR, Torabi A, Nassiry MR, Ghiasi H, Esmailizadeh AK (2009). Genetic polymorphism at the growth hormone locus in Iranian Talli goats by polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). Iranian Journal of Biotechnology, 7: 51-53.
Naderi S, Rezaei HR, Taberlet P, Zundel S, Rafat SA, Naghash HR, Consortium E (2007) Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. PloS one, 2: e1012.
Odahara S, Chung H, Choi S, Yu S, Sasazaki S, Mannen H, Lee J (2006) Mitochondrial DNA diversity of Korean native goats. Asian Austalian Journal of Animal Science. 19: 482-485.
Pereira F, Pereira L, Van Asch B, Bradley D, Amorim A (2005) The mtDNA catalogue of all Portuguese autochthonous goat (Capra hircus) breeds: high diversity

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]

of female lineages at the western fringe of European distribution. Molecular Ecology, 14: 2313-2318.
Pereira F, Queirós S, Gusmão L, Nijman IJ, Cuppen E, Lenstra JA, Consortium E (2009) Tracing the history of goat pastoralism: new clues from mitochondrial and Y chromosome DNA in North Africa. Molecular Biology and Evolution, 26: 2765-2773.
Piras D, Doro MG, Casu G, Melis PM, Vaccargiu S, Piras I, Lai G (2012) Haplotype affinities resolve a major component of goat (Capra hircus) MtDNA D-loop diversity and reveal specific features of the Sardinian stock. PloS one, 7: e30785.
Rout P, Thangraj K, Mandal A, Roy R (2012) Genetic variation and population structure in Jamunapari goats using microsatellites, mitochondrial DNA, and milk protein genes. The Scientific World Journal, 2012:1-7.
Ruo-Yu L, Gong-She Y, Chu-Zhao L (2006) The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. Acta Genetica Sinica, 33: 420-428.
Sardina M, Ballester M, Marmi J, Finocchiaro R, Van Kaam J, Portolano B, Folch J (2006) Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. Animal genetics, 37: 376-378.
Shamsalddini S, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh AK (2016) Polymorphism of the prolactin gene and its effect on fiber traits in goat. Russian Journal of Genetics. 52: 405-408.
Shojaei M, Mohammad Abadi MR, Asadi Fozi M, Dayani O, Khezri A, Akhondi M (2010) Association of growth trait and Leptin gene polymorphism in Kermani sheep. Journal of Cell and Molecular Research 2: 67-73.
Sultana S, Mannen H, Tsuji S (2003) Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. Animal genetics, 34: 417-421.
Tajima F (1989) Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics, 123: 585-595.
Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology and Evolution, 28: 2731-2739.
Tohidi nezhad F, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh AK, Najmi Noori A (2015) Comparison of different levels of Rheb gene expression in different tissues of Raini Cashmir goat. Journal of Agricultural Biotechnology 6: 35-50 (In Farsi).
Vacca GM, Daga C, Pazzola M, Carcangiu V, Dettori ML, Cozzi M (2010) D-loop sequence mitochondrial DNA variability of Sarda goat and other goat breeds and populations reared in the Mediterranean area. Journal of Animal Breeding and Genetics, 127: 352-360.
Wang J, Chen Y, Wang X, Yang Z (2008) The genetic diversity of seven indigenous Chinese goat breeds. Small Ruminant Research, 74: 231-237.
WU YP, GUAN WJ, ZHAO QJ, HE XH, PU YB, HUO JH, MA YH (2009) A fine map for maternal lineage analysis by mitochondrial hypervariable region in 12 Chinese goat breeds. Animal Science Journal, 80: 372-380.
Zamani P, Akhondi M, Mohammadabadi MR, Saki AA, Ershadi A, Banabazi MH, Abdolmohammadi AR (2013) Genetic variation of Mehraban sheep using two intersimple sequence repeat (ISSR) markers. African Journal of Biotechnology, 10: 1812-1817.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.2.7.9]