تولیدات دامی
دوره ۲۴ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۱
صفحه‌های ۱۳۸-۱۲۷
DOI: 10.22059/jap.2022.328826.623632

مقاله پژوهشی

بررسی میزان تفرق ژنتیکی نژادهای مختلف شتر استان سیستان و بلوچستان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای

آرزو طوقی[۱]، غلامرضا داشاب[۲*]، علی مقصودی[۲و۳]، محمد رکوعی[۲]
۱. دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران.
۲. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران.
۳. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.
تاریخ دریافت مقاله: ۱۴۰۰/۰۶/۰۸ تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۰/۱۰/۱۰

چکیده

هدف از این مطالعه، بررسی میزان تفرق ژنتیکی نژادهای مختلف شتر استان سیستان و بلوچستان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای انجام شد. بدین منظور از تعداد ۷۰ نفر شتر از دو نژاد جمازه و بلوچی به‌صورت تصادفی انتخاب و از آن‌ها از ورید وداجی در لوله‌های هپارینه خون‌گیری شد. DNA در نمونه‌های خون به‌روش نمکی-دترجنت استخراج شد. تعداد پنج نشانگر ریزماهواره‌ای از ژنوم شتر انتخاب و با آغازگرهای اختصاصی تکثیر و الگوهای باندی بر روی ژل آگارز پنج درصد نمایان‌سازی شدند. ساختارهای ژنتیکی و جمعیتی با نرم‌افزار POPGENE نسخه ۱/۳۱ تجزیه و تحلیل شدند. تعداد آلل‌ها در پنج جایگاه نشانگری در دو نژاد جمازه و بلوچی در دامنه یک تا شش آلل متغیر بودند. تعداد آلل‌ها در پنج نشانگر CVRLO6، VOLP32، LCV66، WYLLO و CMS17 در نژاد جمازه به‌ترتیب برابر با سه، دو، سه، چهار و یک آلل و در نژاد بلوچی به‌ترتیب برابر با دو، چهار، دو، پنج و یک آلل بودند. دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در جایگاه‌های مورد مطالعه در دو نژاد جمازه و بلوچی در محدوده ۰/۲۹ تا ۰/۵۲ قرار داشت. نتایج تجزیه آماره F_{ST} نشان داد که دو نژاد شباهت بیش از ۹۶ درصد و میزان تفرق بین آن‌ها سه درصد است. نتایج این پژوهش بیانگر میزان چندشکلی پایین در جایگاه‌های مورد مطالعه بود و جهت حفظ نژادها و تطابق‌پذیری بیش‌تر به شرایط محیطی نیازمند توجه بیش‌تر و کنترل آمیزش‌ها می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: جریان ژنی، شتر بلوچی، شتر جمازه، محتوای اطلاعات چندشکلی، هتروزیگوسیتی.

Evaluation of genetic differentiation of different camel breeds in Sistan and Baluchestan province using microsatellite markers

Arezoo Tooghi[1], Gholam Reza Dashab[2*], Ali Maghsoudi[2, 3], Mohammad Rokouei[2]
1. M.Sc. Student, Department of Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran.
2. Associate Professor, Department of Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran.
3. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tatiat Modares University, Tehran, Iran.
Received: August 30, 2021 Accepted: December 31, 2021

Abstract
The aim of this study was to investigate the genetic diversity of different camel breeds in Sistan and Baluchestan province using microsatellite markers. For this purpose, 70 camels were randomly selected from Jamazeh and Baluchi breeds. Jugular vein blood sampling was performed in the tubes containing 0.5% EDTA. The extraction of DNA was performed by salt-detergent method. Five microsatellite markers were selected from the camel genome project with specific primers and banding patterns on 5% agarose gel. Genetic and population structures were analyzed using POPGENE v1.31 software. The number of alleles in five marker positions in Jamazeh and Baluchi breeds ranged from one to six alleles. The number of alleles in five markers CVRLO6, VOLP32, LCV66, WYLLO and CMS17 in Jamazeh are equal to three, two, three, four and one alleles, respectively, and in Baluchi breed with two, four, two, five and one alleles, respectively. According to the results, the range of heterozygosity observed in the studied sites in Jamazeh and Baluchi breeds was in the range from 0.29 to 0.52. The results of F_{ST} analysis showed that the two populations were more than 96% similar and the difference between them was 3%. The results of the present research indicated a low rate of polymorphism in the studied sites and in order to preserve breeds and be more adaptable to environmental conditions, it needs more attention and control of inbreeding.

Keywords: Baluchi camel, Gene flow, Heterozygosity, Jamazeh camel, Polymorphic information content.

* نویسنده مسئول Email: dashab@uoz.ac.ir

مقدمه

کشور ایران با توجه به این‌که از لحاظ موقعیت جغرافیایی و اکولوژی در مناطق نیمه‌خشک و خشک جهان قرار گرفته و بخش عمده مراتع در مناطق نیمه‌بیابانی و بیابانی واقع شده‌اند که شتر در چنین اکوسیستمی می‌تواند سازگاری یافته و بازده اقتصادی و تولیدمثل مناسبی داشته باشد و با توجه به عادت چرایی شتر می‌تواند منجر به احیای مراتع و حفظ آن شود [۷]. یکی از منابع با ارزش تولید پروتئین حیوانی چه از لحاظ کمی و چه کیفی، جمعیت شترهای ایران به‌ویژه در منطقه سیستان و بلوچستان هستند که عدم توجه به آن‌ها باعث کاهش جمعیت آن‌ها شده و این حیوانات باارزش را در خطر انقراض قرار داده است. هم‌چنین، کوچک‌بودن اندازه جمعیت آن‌ها ممکن است یکی دیگر از دلایل کاهش جمعیت به‌دلیل افزایش هم‌خونی و تلفات در اوایل زندگی و مخاطرات آن بر راندمان تولیدمثلی باشد. به‌دلیل اهمیت فراوان شترها و احتمال انقراض آن‌ها ضرورت شناسایی تنوع در جمعیت‌های شتر و تعیین میزان هم‌خونی افراد، یکی از گام‌های بنیادی برای حفاظت ذخایر ژنتیک حیوانی در آینده می‌باشد. برآورد تنوع ژنتیکی و رابطه بین نژادهای مختلف دام برای مدیریت منابع ژنتیکی و حفاظت پایدار از اهمیت بالایی بهره‌مند است. حفظ تنوع ژنتیکی جهت مقابله با چالش‌های پیش‌بینی‌نشده ناشی از تغییر سیستم‌های تولید و شرایط آب‌وهوایی از اهمیت بالایی برخوردار است.

دو منظوره‌بودن شترهای بلوچی حائز اهمیت است و به‌طور گسترده در افغانستان و پاکستان و جنوب‌شرقی ایران گسترش دارد و در ایران این نژاد در بلوچستان اطراف سراوان، خاش، ایرانشهر، چابهار، زاهدان پراکنده هستند. این شترها برای سوارکاری و بارکشی استفاده می‌شوند و پشم کمی دارند. به شترهایی که مختص سوارکاری هستند شتر جمازه یا جماز می‌گویند [۱٤]. درحالی‌که جمعیت شتر در سطح جهانی در حال کاهش است، شترهای مسابقه‌ای به‌دلیل اهمیت اقتصادی آن‌ها بیش‌تر مورد توجه قرار گرفته است. اخیراً به‌دلیل معرفی شتر مسابقه‌ای ایرانی، نژاد جمازه در چند رقابت سالانه ملی و بین‌المللی، در بازارهای محلی نژاد جمازه چهار تا شش برابر گران‌تر از سایر نژادها عرضه می‌شود. با این‌حال، این نژاد نسبت بسیار محدودی از جمعیت شتر ملی ایران را تشکیل می‌دهد و به‌دلیل جفت‌گیری کنترل‌نشده با نژادهای دیگر در معرض خطر است [۱٦]. مطالعات ساختار ژنتیکی نژادهای مختلف در دبی، آلمان، استرالیا، کنیا و اتیوپی منجر به شناسایی جایگاه‌های ریزماهواره‌ای در شتر شده است که این نشانگرها می‌توانند در مطالعه ساختار ژنتیکی و میزان تنوع بین جمعیت‌ها و گونه‌های مختلف مورداستفاده قرار گیرند [٤]. در مطالعه‌ای توده‌های جمعیتی شترها در افریقای جنوبی با ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای با استفاده از شاخص F_{ST}، که میزان تفرق بین نژادها کم‌تر از یک درصد و در درون نژادها ۹۹ درصد بودند [۱۳].

مطالعه ساختار و تنوع ژنتیکی چهار نژاد شترهای عربستان سعودی با استفاده از ۱٦ جایگاه ریزماهواره‌ای در بخش‌های مختلف ژنوم بیانگر تنوع بالا بود و در مجموع تعداد ۱۳۹ آلل و متوسط ۹/۲۷ آلل به‌ازای هر جایگاه ریزماهواره‌ای گزارش شدند، ولی ضریب شاخص تثبیت بین جمعیت‌ها (F_{ST}) در چهار توده، پایین و در دامنه بین ۰/۰۰٦ تا ۰/۰۱۷ گزارش شدند که بیانگر این است باوجود چندشکلی بالا در جایگاه‌های مذکور، اما تفرق بین جمعیت‌ها بسیار کم است [۱۰]. در مطالعه تنوع ژنتیکی شترهای استرالیا با استفاده از ۲۸ جایگاه ریزماهواره‌ای، نتایج نشان داد که از جایگاه‌های مذکور، ۱۸ جایگاه چندشکل بوده و در مجموع شامل ۱۸۵ آلل و ۱۰/۳ آلل به ازای هر نشانگر گزارش شد [۲۰].

در مطالعه‌ای تفرق ژنتیکی چهار نژاد شتر هندی با استفاده از ۲۳ جایگاه ریزماهواره‌ای، میانگین تعداد آلل‌ها در هر جایگاه در چهار نژاد بیکانری (Bikaneri)، جیسالمری (Jaisalmeri)، کوتچی (Kutchi) و میواری (Mewari) به‌ترتیب برابر با ۸/۰٤، ۷/۳۰، ٦/۳۹ و ۷/٤۳ آلل بودند. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در چهار نژاد مذکور را به‌ترتیب ۵۸، ۵۷، ٥٦ و ٦۰ درصد گزارش شدند که کم‌تر از هتروزیگوسیتی موردانتظار بود. هم‌چنین، تجزیه مولکولی جایگاه‌های نشانگری نشان داد که حدود ۱۲ درصد تنوع مربوط به بین نژادها و ۸۸ درصد تنوع در درون نژادها بودند [۲۳]. بررسی تنوع ژنتیکی و ساختارهای جمعیتی شش جمعیت شتر اتیوپی با استفاده از ۱۰ نشانگر ریزماهواره‌ای، نتایج تنوع ژنتیکی بالایی را در جمعیت‌های شتر اتیوپی نشان داد. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و موردانتظار، تعداد کل آلل‌ها، میانگین تعداد آلل‌ها به‌ازای هر جایگاه و تعداد مؤثر آلل‌ها به‌ترتیب برابر با ۰/۵۵، ۰/۷۳، ۱۵۳، ٦/۸ و ٤/٤۷ گزارش شد. از میزان کل تنوع ژنتیکی ۹۲ درصد در درون جمعیت‌ها و تنها هشت درصد تغییرات در بین جمعیت‌ها بودند [۲۲].

بنابراین با توجه به گسترش نژادهای شتر در منطقه سیستان و بلوچستان و انواع آمیزش‌های غیرکنترل‌شده‌ای که ممکن است به وجود بیاید، لذا هدف از مطالعه حاضر بررسی میزان تنوع ژنتیکی دو نژاد معروف جمازه و بلوچی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای بود.

مواد و روش‌ها

از توده‌های مختلف جمعیت شتر دو نژاد جمازه و بلوچی در نواحی مختلف استان سیستان و بلوچستان تعداد ۳۵ نفر از نژاد جمازه و ۳۵ نفر از نژاد بلوچی به‌صورت تصادفی انتخاب شدند. از شترهای مذکوراز ورید وداجی در لوله‌های حاوی ۰/۵ درصد EDTA اخون‌گیری شد. نمونه‌های خون روی یخ به آزمایشگاه زیست‌فناوری دانشگاه زابل منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ٦۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. استخراج DNA کل خون کامل به‌روش نمکی- دترجنت استخراج شد [۱۵]. برای بررسی کیفیت و کمیت DNA استخراج‌شده از الکتروفورز ژل آگارز یک درصد استفاده شد.

در مطالعه حاضر از آخرین نقشه‌های پیوستگی نشانگرهای ریزماهواره‌ای در گونه شتر تعداد پنج نشانگر در نواحی مختلف ژنوم شتر انتخاب و تکثیر شدند (جدول ۱).

جدول ۱. مشخصات نشانگرهای ریزماهواره‌ای شامل نام جایگاه، توالی نوکلئوتیدی آغازگرهای رفت و برگشت، دمای بهینه اتصال و دامنه تغییرات اندازه باندها برحسب جفت باز واقع بر ژنوم شتردر دو نژاد بلوچی و جمازه استان سیستان و بلوچستان

نام جایگاه	توالی آغازگر رفت و برگشت	دمای بهینه اتصال	دامنه تغییرات باندها (جفت باز)
YWLL08	ATCAAGTTTGAGGTGCTTTCC CCATGGCATTGTGTTGAAGAC	۵۵	۱۳۳-۱۸۰
VOLP32	GTGATCGGAATGGCTTGAAA CAGCGAGCACCTGAAAGAA	۵۵	۱۹۲-۲٦۲
LCA66	GTGCAGCGTCCAAATAGTCA CCAGCATCGTCCAGTATTCA	۵۸	۲۱۲-۲٦۲
CVRL06	TTTTAAAAATTCTGACCAGGAGTCTG CATAATAGCCAAAACATGGAAACAAC	٦۰	۱۸۵-۲۰۵
CMS17	TATAAAGGATCACTGCCTTC AAAATGAACCTCCATAAAGTTAG	۵۵	۱۳۵-۱٦۷

جهت تکثیر نشانگرهای ریزماهواره‌ای با استفاده از آغازگرهای اختصاصی از کیت‌های مسترمیکس (شرکت زیست‌فناوری زند، زابل) با بهینه‌سازی دمای اتصال از دستگاه ترموسیکلر (اپندورف- امریکا) انجام گرفت. سپس محصولات تکثیر روی ژل آگارز پنج درصد نمایان-سازی شدند.

پس از تهیه تصویر از ژل‌ها، برای تعیین اندازه و تعداد قطعات حاصل از تکثیر با واکنش زنجیره‌ای پلیمراز از نرم‌افزار Photocap (نسخه ۱۲/٤) استفاده شد. باندهای حاصل براساس طول از کوچک به بزرگ با حروف بزرگ لاتین نامگذاری شدند. براساس تعداد و اندازه باندها ژنوتیپ هر حیوان مشخص شد و با استفاده از نرم‌افزار POPGENE (نسخه ۱/۳۱) فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شد.

محاسبه ساختارهای ژنتیکی و جمعیتی شامل میزان هتروزیگوسیتی موردانتظار و مشاهده‌شده، میزان هموزیگوسیتی مشاهده‌شده و موردانتظار، شاخص‌های واگرایی جمعیت‌ها (F)، شاخص شانن، شاخص نئی، تعیین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها و وضعیت جمعیت‌ها از نظر تعادل هاردی واینبرگ با استفاده از آماره کای مربع و حداکثر درست‌نمایی از نرم‌افزار POPGENE (نسخه ۱/۳۱) [۲٤] و میزان محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) با نرم‌افزار Power Marker (نسخه ۳/۲۵) [۹] محاسبه شد. تعداد آلل مؤثر بیانگر آلل‌هایی هستند که هتروزیگوسیتی یکسان ایجاد می‌کنند و به‌کمک رابطه (۱) محاسبه شد.

$Ne=1/\sum P_i^2$ (رابطه ۱)

که در این رابطه، Ne، تعداد آلل مؤثر؛ N_{ii}، تعداد افراد هموزیگوت؛ N_{ij}، تعداد افراد هتروزیگوت؛ N، تعداد کل افراد نمونه؛ و P_i، فراوانی هر یک از آلل‌ها است. مقدار P_i به کمک رابطه ۲ و هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) با استفاده از رابطه۳ محاسبه شد.

$P_i=(2N_{ii}+N_{ij})/2N$ (رابطه ۲)

$H_o = \sum N_{ij} / N$ (رابطه ۳)

که در این رابطه‌ها، N_{ij}، تعداد افراد هتروزیگوت؛ N، تعداد کل افراد در جمعیت است. هتروزیگوسیتی موردانتظار (H_e) برای یک جایگاه به‌کمک رابطه (٤) محاسبه شد.

$He=1-\sum P_i^2$ (رابطه ٤)

که در این رابطه، عبارت $\sum P_i^2$ نسبت مورد انتظار هموزیگوت‌ها؛ Pi، فراوانی iامین آلل در یک جایگاه است. شاخص اطلاعات شانون به‌کمک رابطه (۵) محاسبه شد.

$I=-\sum P_i LnP_i$ (رابطه ۵)

که در این رابطه، Pi، فرااوانی آلل i در یک جایگاه است. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) به‌کمک رابطه (٦) محاسبه شد.

$PIC=1-\sum_{i=1}^{k} P_i^2 - \sum_{i=1}^{k-1}\sum_{j=i-1}^{k} 2P_i^2P_j^2$ (رابطه ٦)

که در این رابطه، k، تعداد آلل‌ها؛ و P_i و P_j فراوانی i و j امین آلل در جمعیت هستند. فاصله ژنتیکی (N_{ei}) بیان تفاوت میان جمعیت‌ها می‌باشد، اگر میان جمعیت‌ها تفاوتی نباشد برابر با صفر است و به‌کمک رابطه (۷) محاسبه شد.

$N_{ei}=J_{xy}\sqrt{U_xJ_y}$ (رابطه ۷)

که در این رابطه، N_{ei}، فاصله ژنتیکی و J_x، J_y و Jxy فراوانی هر آلل در جمعیت x و y می‌باشند. درجه تمایز ژنتیکی (F_{ST}) به‌کمک رابطه (۸) محاسبه شد.

$F_{ST}=(H_T-H_e)/H_T$ (رابطه ۸)

که در این رابطه، H_T، هتروزیگوسیتی کل و He، هتروزیگوسیتی موردانتظار است. هم‌چنین میزان تفاوت ژنتیکی در جمعیت‌ها تحت تأثیر معیارهایی شامل ضریب هم‌خونی افراد نسبت به جمعیت (F_{IS})، ضریب هم‌خونی افراد نسبت به کل جمعیت (F_{IT}) و ضریب هم‌خونی در زیرجمعیت‌ها (F_{ST}) به‌کمک رابطه‌های (۹)، (۱۰) و (۱۱) محاسبه شدند.

(رابطه ۹) $F_{IS}=(\overline{H_e}-\overline{H_o})/\overline{H_e}$

(رابطه ۱۰) $F_{IT}=(H_T-\overline{H_o})/H_T$

(رابطه ۱۱) $F_{ST}=(H_T-\overline{H_e})/H_T$

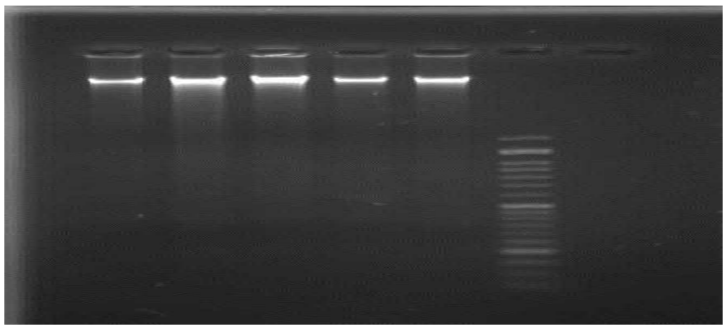
که در این رابطه‌ها، H_o، میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده؛ H_e، میزان هتروزیگوسیتی موردانتظار؛ و H_T، میزان هتروزیگوسیتی کل هستند. میزان جریان ژنی (N_m) تعداد مولدین مهاجر از یک منطقه به منطقه دیگر به‌کمک رابطه (۱۲) محاسبه شد.

(رابطه ۱۲) $N_m=\{(1-F_{ST})-1\}/4$

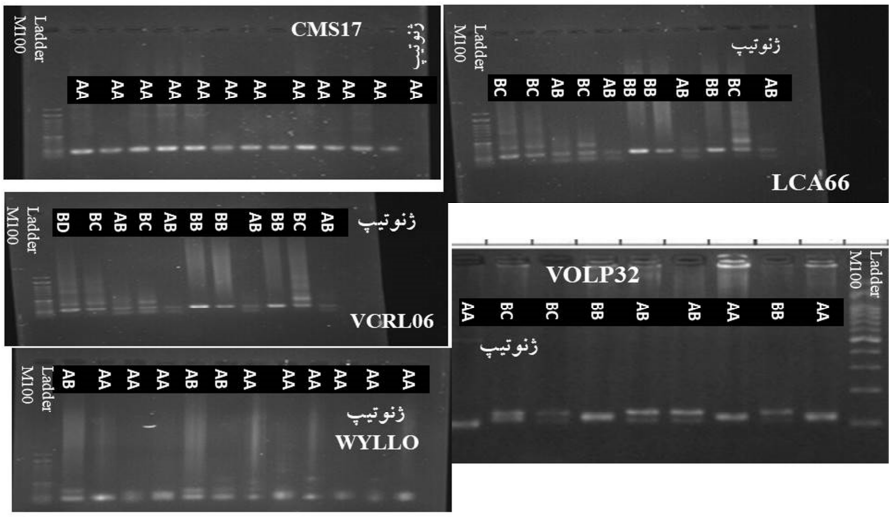
که در این رابطه، N_m، میزان جریان ژنی؛ F_{ST}، درجه تمایز ژنتیکی جمعیت و m، نسبت مهاجرین است..

نتایج و بحث

نتایج استخراج DNA و تکثیر جایگاه‌های ریزماهواره‌ای در ژنوم شتر بیانگر تکثیر اختصاصی و با کیفیت مطلوب بود. به‌جز نشانگر CMS که چندشکلی نشان نداد، سایر نشانگرها چندشکل بودند (شکل‌های ۱ و ۲).



شکل ۱. الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد DNA استخراج شده از خون کامل شتر با روش نمکی-دترجنت در نمونه‌های مختلف دو نژاد شتر بلوچی و جمازه



شکل ۲. الکتروفورز پنج درصد محصولات تکثیر پنج نشانگر ریزماهواره ای شامل CMS17، LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO واقع بر ژنوم شتر دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

مهم‌ترین شاخص‌های تنوع ژنتیکی تعداد آلل‌ها و فراوانی آن‌ها شامل تعدادآلل‌های مؤثر و آلل‌های واقعی، میزان اطلاعات چندشکلی PIC و شاخص اطلاعاتی شانون می‌باشند. آلل‌های مؤثر بیانگر آلل‌هایی هستند که هتروزیگوسیتی یکسان ایجاد می‌کنند. در شرایطی که همه آلل‌ها دارای فراوانی یکسان بوده یا تحت تأثیر آلل نادر قرار نگیرند، تعداد آلل مؤثر در یک جمعیت برابر تعداد آلل واقعی خواهد بود. فراوانی آللی، فراوانی ژن نسبت به تمامی نسخه‌های یک ژن است، که از یک نوع آلل خاصی از آن ژن ایجاد شده است. از فراوانی آللی در ژنتیک جمعیت برای نمایش دادن میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت، فرد و یا سطح گونه استفاده می‌شود [۸].

تعداد آلل‌های مشاهده‌شده و فراوانی آن‌ها در دو نژاد شتر بلوچی و جمازه در جدول (۲) ارائه شده است. تعداد آلل‌ها در پنج جایگاه نشانگری در دو نژاد جمازه و بلوچی در دامنه یک تا شش آلل متغیر بودند. تعداد آلل‌ها در جمعیت جمازه در جایگاه‌های نشانگری CVRLO6، VOLP32، LCV66، WYLLO و CMS17 به‌ترتیب برابر با سه، دو، سه، چهار و یک آلل بودند. در جمعیت بلوچی تعداد آلل‌ها در جایگاه مذکور به‌ترتیب با دو، چهار، دو، پنج و یک آلل بودند و در کل جمعیت به‌ترتیب برابر با سه، چهار، سه، شش و یک آلل مشاهده شد.

در نژاد جمازه در جایگاه نشانگری CVRLO6 سه آلل A، B و C به‌ترتیب دارای فراوانی ۰/۲۸، ۰/۷٦ و ۰/۰٤ بودند. آللی که فراوانی کم‌تر از پنج درصد داشته باشند به‌عنوان آلل نادر معرفی می‌شود، لذا در جایگاه مذکور آلل C یک آلل نادر است. در جایگاه VOLP32 تعداد دو آلل مشاهده شد که فراوان‌ترین آن آللA با فراوانی ۰/۸۹ و کم‌ترین مربوط به آلل B با مقدار ۰/۱۱ بود. در جایگاه LCA66 با تعداد آلل سه و بیش‌ترین آلل Aبا فراوانی ۰/۸۳ و کم‌ترین آلل C با فراوانی ۰/۱۱ بود. در جایگاه نشانگری WYLLO با تعداد چهار آلل و بیش‌ترین مربوط به آلل B با فراوانی ۰/۷۲ و کم‌ترین مربوط به آلل A با فراوانی ۰/۰٦ مشاهده شد و در نهایت جایگاه CMS17 در دو نژاد جمازه و بلوچی و در کل جمعیت تک‌شکل و دارای یک آلل بود.

در جمعیت بلوچی در جایگاه نشانگر CVRLO6 دارای تعداد دو آلل بود که بیش‌ترین فراوانی آللی مربوط به آلل A با مقدار ۰/۷۰ و کم‌ترین مربوط به آلل B با مقدار ۰/۳۰ بود. جایگاه VOLP32 با تعداد آلل چهار و فراوانی آللی در دامنه ۰/۷ تا ۰/۰۷ متغیر بود که آلل A بیش‌ترین فراوانی و آلل‌های B و D کم‌ترین فراوانی را داشتند. در جایگاه نشانگری LCA66 با تعداد دو آلل که بیش‌ترین فراوانی مربوط به آلل A با مقدار ۰/۷۰ و کم‌ترین مربوط به آلل C با مقدار ۰/۳۰ بود. جایگاه نشانگری WYLLO با تعداد چهار آلل و فراوانی آن‌ها در دامنه ۰/۰۳ تا ۰/٦ متغیر بود که بیش‌ترین مربوط به آلل B و کم‌ترین مربوط به آلل F بودند.

در کل جمعیت جایگاه نشانگری CVRLO6 با سه آلل که بیش‌ترین فراوانی مربوط به آلل B با ۰/٦ و کم‌ترین فراوانی مربوط به آلل A با مقدار ۰/۱ است. در جایگاه نشانگری VOLP32 با تعداد چهار آلل که بیش‌ترین فراوانی مربوط به آلل A با مقدار ۰/۷ و کم‌ترین فراوانی آلل مربوط به آلل D با مقدار ۰/۰٤ بودند. در جایگاه نشانگری LCA66 با تعداد سه آلل که بیش‌ترین و کم‌ترین فراوانی آللی مربوط به آلل‌های A و B بودند. در جایگاه WYLLO تعداد شش آلل مشاهده شد که بیش‌ترین فراوانی آللی مربوط به آلل B با مقدار ۰/٦ و کم‌ترین فراوانی آللی مربوط به آللD با مقدار ۰/۱۲ بودند (جدول ۲).

جدول ۲. فراوانی آللی در پنج جایگاه‌های ریزماهواره‌ای موردمطالعه شامل CMS17، LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در بررسی دو نژاد جمازه و بلوچی و کل جمعیت استان سیستان و بلوچستان

	جمازه						بلوچی						کل جمعیت					
نشانگر	A	B	C	D	A	B	A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	E	F
CVRLO6	۰/۲۷	۰/٦٦	۰/۰٥	۰	۰	۰/۷۰	۰/۳۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰/۱	۰/٦	۰/۲	۰	۰	۰
VOLP32	۰/۸۹	۰/۱۱	۰	۰	۰/۷۰	۰/۰۷	۰	۰/۰۷	۰/۰۷	۰/۱۳	۰	۰	۰/۷	۰/۰۸	۰	۰/۰٤	۰/۰۸	۰
LCA66	۰/۸۳	۰/۰٥	۰/۱۱	۰	۰/۷۰	۰	۰/۳۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰/۷	۰/۰۲	۰/۲	۰	۰	۰
WYLLO	۰/۰٦	۰/۷۲	۰/۱۱	۰/۱۱	۰	۰/٦۰	۰/۰۷	۰/۱۳	۰/۱۷	۰/۰۳	۰/۰۲	۰/۰۲	۰/۰۲	۰/٦	۰/۰۸	۰/۱۲	۰/۱	۰/۰۲
CMS17	۱	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰	۰	۰

چندشکلی بر پایه‌ی بررسی یک آستانه برای فراوانی آلل‌های بسیار معمول صورت می‌پذیرد و می‌توان افزود که جایگاه‌هایی چندشکل هستند، که فراوانی آلل در آن‌ها، کم‌تر از ۰/۹۹ یا کم‌تر از ۰/۹۵ باشند. تعداد آلل مؤثر در دو نژاد جمازه و بلوچی در پنج جایگاه نشانگری به‌ترتیب در دامنه ۰/٤۱ تا ۱/٤۷، ۰/٤۳ تا ۱/۷۲ قرار داشت که بیش‌ترین فراوانی آلل مؤثر در جایگاه WYLLO و کم‌ترین مربوط به جایگاه VOLP32 بودند (جدول۳).

در پژوهشی، تنوع ژنتیکی را در پنج جایگاه نشانگری CVR01، YWLL38، YWLL08، VOLP08 و VOLP03 در جمعیت شترهای یک‌کوهانه استان کرمان بررسی شد [۱]، که جایگاه نشانگری WYLLO8 با تعداد ۱٤ آلل بیش‌ترین و جایگاه نشانگری CVRO1 با پنج آلل کم‌ترین آلل مشاهده‌شده را داشتند و تعداد آلل‌های مؤثر در جایگاه WYLLO8، ۱۰/٥٤ و CVRO1، ٤/۳٥ گزارش شد. در مطالعه‌ای بررسی تنوع ژنتیکی شترهای دوکوهانه ایران متوسط تعداد آلل مؤثر ۲/٦۲ [۱۸] و در مطالعه‌ای نژادهای شتر امارات، استرالیا و افریقا متوسط تعداد آلل مؤثر ۳/٤٤ آلل گزارش شدند [۲۱]. هم‌چنین در مطالعه‌ای تنوع ژنتیکی بومی شمال کرمان متوسط تعداد آلل‌های مشاهده‌شده نشانگرهای مختلف بین ۳/۱۱ تا ۱٤/۹ بودند [۱۲].

مقیاس دیگر برای میزان تنوع ژنتیکی در بین نمونه‌ها شاخص شانون است و از نظریه اطلاعات شانون به‌دست آمده است. در مطالعه‌ی حاضر برای بررسی دقیق‌تر تنوع ژنتیکی از شاخص اطلاعاتی شانون استفاده شد. دامنه تغییرات شاخص شانون بین صفر و یک متغیر است هر چه به یک نزدیک‌تر باشد چندشکلی بالاتر بیش‌تر است. شاخص شانن در اکثر جایگاه‌ها بیانگر این است که از تنوع متوسط و بالایی برخوردار هستند. ضریب شاخص شانون در پنج نشانگر ریزماهواره‌ای و در دو جمعیت جمازه و بلوچی در جدول (۳) ارائه شده است.

یکی از مهم‌ترین مقیاس‌ها جهت توصیف ویژگی‌های ژنتیکی جمعیت‌ها، میزان هتروزیگوسیتی است. هم‌چنین با افزایش میزان هتروزیگوسیتی (ناخالصی) میزان اطلاعات نشانگری افزایش پیدا می‌کند. هتروزیگوسیتی در جمعیت به دو شکل هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (Ho) بیان می‌شود.

براساس نتایج به‌دست‌آمده دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در جایگاه‌های موردمطالعه در دو نژاد جمازه و بلوچی در محدوده ۰/۲۹ تا ۰/٥۲ قرار داشت (جدول ٤). در مطالعه‌ای روی جمعیت شترهای استان کرمان، میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده برای ۱۷ جایگاه چندشکل معادل ۰/۷۲ گزارش شد [۱۳]. بیش‌ترین میزان هتروزیگوسیتی موردانتظار مربوط به جایگاه WYLLO8 (۰/۹۱) و کم‌ترین مربوط به جایگاه CVRO1 (۰/۷۷) بودند [۲].

جدول ۳. مقادیر آلل مشاهده‌شده، تعداد آلل مؤثر و ضریب شاخص شانون در پنج جایگاه‌های ریزماهواره‌ای مورد مطالعه شامل CMS17، LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در نژاد شترهای جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

نشانگرهای ریزماهواره‌ای	جمازه			بلوچی			کل جمعیت		
	تعداد آلل مشاهده شده	تعداد آلل مؤثر	شاخص شانون	تعداد آلل مشاهده‌شده	تعداد آلل مؤثر	شاخص شانون	تعداد آلل مشاهده‌شده	تعداد آلل مؤثر	شاخص شانون
CVRLO6	۳	۰/۹۱	۰/۷۹	۲	۰/۷۲	۰/٦۱	۳	۱/۸۹	۰/۸۲
VOLP32	۲	۱/۲۵	۰/۳٤	۵	۰/۹۳	۰/۹۹	۵	۱/٦۳	۰/۸۲
LCA66	۳	۰/٤۱	۰/۵۷	۲	۱/۷۲	۰/٦۱	۳	۱/٦۲	۰/٦۳
WYLLO	٤	۰/۸۲	۰/۸۸	۵	۰/٤۳	۰/۱۷	٦	۲/۲۱	۱/۱٤
CMS17	۱	۰	۰	۱	۰	۰	۱	۱	۰
میانگین	۲/٦۰	۱/٤۷	۰/۵۱	۳/۰	۱/۷٦	۰/٦۷	۳/٦۰	۱/٦۷	۰/٦۸

در مطالعه‌ای شترهای دوکوهانه ایران میانگین تعداد آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و محتوای اطلاعات چندشکلی به‌ترتیب ۲/٦۲، ۰/۷۱٤، ۰/٤۸۹ و ۰/۵۷۷ گزارش شد [۱۸]. در مطالعه‌ای با ۱۹ نشانگر ریزماهواره‌ای در شترهای دوکوهانه تعداد آلل و میانگین هتروزیگوسیتی به‌ترتیب در دامنه یک تا ۱٤ و صفر تا ۰/۹ گزارش شدند [۵]. در بررسی ۱۲ نشانگر ریزماهواره‌ای مربوط به چهار نژاد چینی و دو نژاد مغولی تعداد آلل در دامنه سه تا ۱٤ و متوسط هتروزیگوسیتی در چهار نژاد چینی و دو نژاد مغولی به‌ترتیب ۰/٤۹٤، ۰/۵۲٦، ۰/۵٤۱، ۰/۵۹۵، ۰/٤۵۳ و ۰/۵۲۱ گزارش شدند [٦].

در بررسی شترهای تک‌کوهانه امارات، استرالیا و افریقا متوسط هتروزیگوسیتی موردانتظار به‌ترتیب ۰/۵۳۱، ۰/۵۳، ۰/٦٤ گزارش کردند [۲۱]. در مطالعه دیگری در شترهای تک‌کوهانه استرالیا، کنیا، پاکستان، عربستان و امارات به‌ترتیب ۰/۵٤٤، ۰/۵۳۸، ۰/۵۹۳، ۰/۵۹٤ و ۰/۵۱٦ گزارش شدند [۱۱ و ۱۹]. بنابراین نتایج مطالعه حاضر بر روی نژادهای جمازه و بلوچی بیانگر میزان هتروزیگوسیتی پایین می‌باشد.

یکی دیگر از شاخص‌های هتروزیگوسیتی در جمعیت‌ها شاخص نئی است که کم‌تر تحت تأثیر اندازه جمعیت قرار دارد. در جایگاه نشانگری CVRLO6 مقدار شاخص نئی در نژاد بلوچی کم‌تر از نژاد جمازه بود. در جایگاه نشانگری VOLP32 بیش‌ترین مقدار در نژاد بلوچی ۰/٤۸ و کم‌ترین مقدار در نژاد جمازه ۰/۱۹ بود. در جایگاه نشانگری LCA66 بیش‌ترین مقدار در نژاد بلوچی ۰/٤۲ و کم‌ترین در نژاد جمازه ۰/۲۹ مشاهده شد. درجایگاه نشانگری WYLLO بیش‌ترین مقدار در نژاد بلوچی ۰/۵۹ و کم‌ترین در نژاد جمازه ۰/٤۵ بود. در کل جمعیت بیش‌ترین مقدار در جایگاه نشانگری WYLLO ۰/۵٤ محاسبه شد (جدول ۵).

تعادل هاردی- واینبرگ (ثبات فراوانی ژنوتیپی و نشانگری از یک نسل به نسلی دیگر) در جوامع بزرگ با آمیزش‌های تصادفی و عدم وجود نیروهای تغییردهنده فراوانی نشانگری (مهاجرت، جهش و گزینش) ایجاد می‌شود. بررسی نمونه‌ها از نظر تعادل هاردی واینبرگ نشان داد که هر دو جمعیت جمازه و بلوچی در تمام جایگاه‌های نشانگری به‌جز نشانگر CMS17 در تعادل قرار داشتند (جدول ٦). عدم انتخاب و آمیزش‌های تصادفی و غیرکنترل‌شده می‌تواند دلیلی بر حذف تعادل در نشانگرهای موردمطالعه باشد.

جدول ٤. مقادیر هموزیگوسیتی و هتروزیگوسیتی موردانتظار و مشاهده‌شده پنج نشانگر ریزماهواره‌ای شامل CMS17، LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در شترهای دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

	جمازه				بلوچی				کل جمعیت			
	هموزیگوتی		هتروزیگوتی		هموزیگوتی		هتروزیگوتی		هموزیگوتی		هتروزیگوتی	
	مشاهده‌شده	موردانتظار	مشاهده‌شده	موردانتظار	مشاهده‌شده	موردانتظار	مشاهده‌شده	موردانتظار	مشاهده‌شده	موردانتظار	مشاهده‌شده	موردانتظار
CVRLO6	۰/۳۳	۰/٤۹	۰/٦٦	۰/٥۰	۰/٤۰	۰/٥٦	۰/٦۰	۰/٤۳	۰/۳۷	۰/٥۱	۰/٦۲	۰/٤۸
VOLP32	۰/۷۷	۰/۷۹	۰/۲۲	۰/۲۰	۰/٤۰	۰/٥۰	۰/٦۰	۰/٤۹	۰/٥٤	۰/٦۰	۰/٤٥	۰/۳۹
LCA66	۰/٦٦	۰/٦۹	۰/۳۳	۰/۳۰	۰/٤۰	۰/٥٦	۰/٦۰	۰/٤۳	۰/٥۰	۰/٦۰	۰/٥۰	۰/۳۹
WYLLO	۰/٤٤	۰/٥۲	۰/٥٥	۰/٤۷	۰/۲۰	۰/۳۹	۰/۸۰	۰/٦۰	۰/۲۹	۰/٤۳	۰/۷۰	۰/٥٦
CMS17	۱	۱	۰	۰	۱	۱	۰	۰	۱	۱	۰	۰
میانگین	۰/٦٤	۰/۷۰	۰/۳٥	۰/۲۹	۰/٤۸	۰/٦۰	۰/٥۲	۰/۳۹	۰/٥٤	۰/٦۳	۰/٤٥	۰/۳٦

جدول ٥. مقادیر شاخص نئی در چهار جایگاه ریزماهواره‌ای چندشکل شامل LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در دو نژاد شتر جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

نشانگرهای ریزماهواره‌ای	جمازه	بلوچی	کل جمعیت
CVRLO6	۰/٤۷	۰/٤۲	۰/٤۷
VOLP32	۰/۱۹	۰/٤۸	۰/۳۸
LCA66	۰/۲۹	۰/٤۲	۰/۳۸
WYLLO	۰/٤٥	۰/٥۹	۰/٥٤

جدول ٦. مقادیر نتایج دو آزمون کای اسکور در چهار جایگاه ریزماهواره‌ای چندشکل شامل LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در بررسی شترهای دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

جمعیت	جایگاه نشانگری	کای اسکور	سطح احتمال	حداکثر درست‌نمایی	سطح احتمال
جمازه	CVRLO6	۱/۸۱	۰/٦	۲/٦۳	۰/٤
	VOLP32	۰/۰٦	۰/۷	۰/۱۲	۰/۷
	LCA66	۰/۲۲	۰/۹	۰/٤۰	۰/۹
	WYLLO	۱/۰۲٥	۰/۹	۱/٥۸	۰/۹
بلوچی	CVRLO6	۲/٤	۰/۱۲	۳/٥	۰/۰٥
	VOLP32	۲/٤	۰/۹	۳/٥	۰/۹
	LCA66	۲/٤	۰/۱۲	۳/٥	۰/۰٥
	WYLLO	٦/۰۳	۰/۸	۸/۰٥	۰/٦
کل جمعیت	CVRLO6	٤/٥	۰/۲	٦/٦	۰/۰۸
	VOLP32	۱/۸	۰/۹	۳/۰۲	۰/۹
	LCA66	۲/٤	۰/٤	۳/۷	۰/۲
	WYLLO	٦/۷	۰/۹	۹/۳	۰/۸

بررسی فاصله ژنتیکی با استفاده از شاخص تثبیت (F_{ST}) نتایج نشان داد که دو جمعیت شباهت بیش از ۹۶ درصد و میزان تفرق بین آن‌ها سه درصد بود (جدول ۷). در بررسی تنوع ژنتیکی شترهای تک‌کوهانه شمال استان کرمان مقادیر شاخص تثبیت (F_{ST}) برای نشانگرهای YWLLO8، VOLP03، VOLP08، YWLL38، CVR01، YWLL44، VOLP32 و CVOLP67 به‌ترتیب ۰/۰۳۶، ۰/۰۸۸، ۰/۰۸، ۰/۰۴۵، ۰/۰۵۴، ۰/۰۶۹، ۰/۰۱۴ و ۰/۰۶ گزارش نمودند که بیانگر تمایز پایین بین نژادهای مختلف استان کرمان می‌باشد [۱۲]. در مطالعه‌ای دیگر بر روی نژادهای شتر دوکوهانه با استفاده از ۱۳ نشانگر ریزماهواره ای تمایز ژنتیکی با آماره F_{ST} در دامنه ۰/۰۹۵ تا ۰/۱۱۶ گزارش نمودند [۱۷]. هم‌چنین در شترهای دوکوهانه چین و مغولستان شاخص تثبیت (F_{ST}) داخل هر کشور و بین نژادهای هر کشور غیرمعنی‌دار بودند [۳].

جدول ۷. مقادیر شباهت (بالای قطر) و فاصله ژنتیکی (پایین قطر) با استفاده از اطلاعات پنج جایگاه ریزماهواره‌ای شامل CMS17، LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در بین دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

جمعیت ها	جمازه	بلوچی
جمازه	–	۰/۹۶
بلوچی	۰/۰۳	–

شاخص F_{IS} یا ضریب آمیزش خویشاوندی در همه جایگاه‌های نشانگری منفی بود و دامنه آن‌ها بین ۰/۲۰- در جایگاه VOLP32 تا ۰/۴۱- در جایگاه CVRLO6 متغیر بود (جدول ۸). دو عامل، طول دوره تلاقی‌های خویشاوندی و میزان خویشاوندی در تلاقی‌ها بر میزان F تأثیرگذار هستند. مقادیر مثبت برای F_{IS} نمایانگر کاهش هتروزیگوسیتی و منفی‌بودن یعنی افزایش هتروزیگوسیتی است که در این مطالعه F_{IS} در تمامی جایگاه‌ها منفی است، که نشان‌دهنده افزایش هتروزیگوت‌ها در جمعیت است. شاخص F_{ST} نمایانگر وجود تمایز در میان جمعیت‌ها در سطوح مختلف ساختار ژنتیکی است. هرگاه F_{ST} کم‌تر از ۰/۰۵ باشد نمایانگر وجود تمایز کمی در میان جمعیت است، اگر میزان F_{ST} بین ۰/۰۵ تا ۰/۱۵ باشد نمایانگر تمایز متوسط و میزان بالای ۰/۱۵ نمایانگر تمایز بالا است. ایجاد دامنه‌های متفاوت F_{ST} در میان جمعیت بیش‌تر به‌دلیل وجود جریان ژنی (N_m) تأثیر رانش ژنی و جدایی جغرافیایی است. هرگاه جریان ژنی ($N_m>1$) باشد، جریان ژنی مهم‌ترین عامل در به‌وجودآمدن تمایز ژنتیکی است، اگر ($N_m<1$) باشد رانش ژنتیکی، اصلی‌ترین عامل در ایجاد تمایز ژنتیکی می‌شود. مطالعه حاضر نمایانگر این است که علت ایجاد تمایز ژنتیکی در میان جمعیت‌ها جریان ژنی است، زیرا در تمامی جایگاه‌ها جریان ژنی بالاتر از یک محاسبه شده است. بیش‌ترین مقدار جریان ژنی مربوط به جایگاه نشانگری WYLLO بود (جدول ۸).

جدول ۸. مقادیر آماره‌های F (FIS، FIT و FST) و جریان ژنی (N_m) مربوط به چهار جایگاه ریزماهواره‌ای چندشکل شامل LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در بررسی جمعیت شترهای دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

نشانگرهای ریزماهواره	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	N_m
CVRLO6	-۰/۴۱	-۰/۳۱	۰/۰۷	۳/۲۴
VOLP32	-۰/۲۰	-۰/۱۵	۰/۰۴	۵/۵۷
LCA66	-۰/۳۱	-۰/۲۶	۰/۰۳	۶/۲۷
WYLLO	-۰/۳۰	-۰/۲۷	۰/۰۲	۱۰/۵۲
میانگین	-۰/۳۱	-۰/۲۵	۰/۰۴	۵/۵۰

محتوای اطلاعات چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره‌ای استفاده‌شده در مطالعات میزان تفرق جمعیت‌های شتر جمازه

و بلوچی در جدول (۹) ارائه شده است. محتوای اطلاعات چندشکلی بالا نمایانگر محتوای اطلاعات چندشکلی بالا و وجود آلل‌های نادر در یک مکان ژنی می‌باشد که در تمایز مؤثر نمونه‌ها به‌کار برده می‌شوند. دامنه تغییرات PIC بین صفر تا یک می‌باشد. هر اندازه این عدد بزرگ‌تر باشد، بیانگر وجود تعداد آلل‌های زیاد و فراوانی زیاد چندشکلی برای آن مکان ژنی در جمعیت است.

بیش‌ترین مقدار PIC در نژاد جمازه برای جایگاه WYLLO، ۰/٤۲ و کم‌ترین مقدار مربوط به جایگاه VOLP32 با مقدار، ۰/۱۸ بود. در نژاد بلوچی بیش‌ترین مقدار مربوط به جایگاه WYLLO با مقدار ۰/۵۵ و کم‌ترین مربوط به جایگاه‌های CVRLO6 و LCA66 با مقدار ۰/۳۳ بودند. بررسی تعداد کل آلل‌ها و نیز تعداد آلل‌های کمیاب در هر مکان ژنی نشانگر این است که مقدار PIC نه تنها به تعداد کل آلل در هر مکان بلکه به تعداد آلل‌های کمیاب نیز متکی است و جایگاه‌هایی با تعداد کل آلل و تعداد آلل نادر بیش‌تر، PIC بالا خواهند داشت. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده، آغازگر WYLLO با چندشکلی، ۰/٥٦ بیش‌ترین شاخص چندشکلی را نشان داد، در نتیجه این آغازگر نیز بهتر از سایر آغازگرها می‌تواند فاصله ژنتیکی افراد را شناسایی کند (جدول ۹).

جدول ۹. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) چهار نشانگرهای ریزماهواره‌ای چندشکل شامل LCA66، CVRL06، VOLP32 و WYLLO در دو نژاد جمازه و بلوچی استان سیستان و بلوچستان

نشانگرهای ریزماهواره‌ای	PIC		
	جمازه	بلوچی	کل جمعیت
CVRLO6	۰/۳۳	۰/۳۳	۰/۵
VOLP32	۰/۱۸	۰/٤٥	۰/۳٥
LCA66	۰/۲۷	۰/۳۳	۰/۳٥
WYLLO	۰/٤۲	۰/۵۵	۰/٥٦

شاخص‌های بررسی تنوع جمعیتی و ساختار ژنتیکی دو نژاد شتر بلوچی و جمازه در منطقه سیستان و بلوچستان دلالت بر میزان تنوع متوسط و پایین در دو نژاد جمازه و بلوچی دارد، لذا ضرورت برنامه‌ریزی و کنترل آمیزش‌های خویشاوندی در بین دو جمعیت جهت جلوگیری از آثار نامطلوب هم‌خونی ضروری می‌باشد.

تشکر و قدر دانی

از پرسنل و همکاران محترم هیأت علمی پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه زابل به‌خاطر فراهم‌نمودن شرایط استفاده از آزمایشگاه‌های مهندسی ژنتیک و هم‌فکری در اجرای بهتر پژوهش، تشکر و قدردانی می‌گردد. هزینه‌های طرح از محل گرنت به شماره IR-UOZ-GR-4398 تأمین شده است.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع در بین نویسندگان مقاله وجود ندارد.

منابع مورد استفاده

1. Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR and Esmailizadeh A (2015) Genetic variation of camels in the North of Kerman province using microsatellite markers. Animal Production Research, 4(1): 35-45. (In Persian)
2. Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh A and Montazeri M (2015) Assigning individuals to the camel populations of North of Kerman province using Microsatellite markers. Novin Genetic, 11(3): 325-329. (In Persian)
3. Glasko V (2003) An attempt at understanding the genetic basis of domestication. Animal Science, 2: 109-120.
4. Han Y, Jedoschenko D, Hue G, Reiner G and Geldermann H (2000) Screening and analysis of new microsatellite loci in camels. University of Hohenheim, Stuttgart, Germany.
5. Jianlin H, Mburu D, Ochieng J, Kaufmann B, Rege J and Hanotte O (2000) Ampplication of new world camelidae microsattelite primers for amplication of polymorphic loci in old world camelides. Animal Genettics 31: 404-419.

6. Jianlin H, Ochieng J, Lkhagva B and Hanotte O (2004) Genetic diversity and relationship of domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) in China and Mongolia. Journal of Camel Practice and Research, 12: 97-99.
7. Kashongwe OB, Mwangi LW, Bebe BO, Matofari JW and Huelsebusch C (2017) Influence of on-farm feed formulations and hygiene interventions on milk yield and quality in smallholder dairy farms in Kenya. International Journal of Agricultural Extension, 5(2): 11-17.
8. King RC, Stansfield WR and Mullign PK (2006) Dictionary of Genetics. 7th ed. Oxford University Press. p16; p174.
9. Liu K and Muse SV (2005) PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. Bioinformatics, 21: 2128-2129.
10. Mahmoud AH, Alshaikh MA, Aljumaah RS and Mohammed OB (2012) Genetic variability of camel (*Camelus dromedarius*) populations in Saudi Arabia based on microsatellites analysis. African Journal of Biotechnology, 11(51): 1173-11180
11. Mate´ M, Bustamante A, Giovambattista G, de Lamo D, von Thungen J, Zambelli A and Vidal-Rioja L (2005) Genetic diversity and differentiation of guanaco populations from Argentina inferred from microsatellite data. Animal Genetics 36: 316-321.
12. Mohammadabadi MR, Ghasemi Meymandi M and Montazeri M (2018) The Study of Genetic Diversity of Camels in North of Kerman Province Using F Statistics. Breeding and Improvement of Livestock, 1(2): 1-13. (In Persian)
13. Mohammadi Y, Ghanbari S, Dehrebi Koohi H, Sataei Mokhtari M and Esmailzadeh A (2011) Study of genetic similarity based on pedigree data and a limited number of molecular microsatellite markers. Novin Genetic, 6(2): 71-82. (In Persian)
14. Nobahari H, Bahari A and Gazanfari S (2021) Molecular diversity and phylogenetic analysis of Turkmen camel and different species of camels based on CYTB gene sequence. Iranian Journal of Animal Science Research, In Print. (In Persian)
15. Sadeghi M, Mohammadi H, Moradi Shahrbabak M and Moradi Shahrbabak H (2011) Comparison of the efficiency of the buffer-detergent extraction and standard salting-out methods for DNA extraction from blood and semen samples. Genetics in the 3RD Millennium, 8(4): 2155-2161. (In Persian)
16. Salehi M and Gharahdaghi AA (2013) Camel production potential and recent research in Iran. Animal Science Research Institute, Tehran. (In Persian)
17. Schulz U, Tupac-Yupanqui I, Martínez A, Méndez S, Vicente Delgado J, Gómez M, Dunner S and Cañón J (2010) The Canarian camel: a traditional dromedary population. Diversity 2: 561-571.
18. Shahkarami S, Afraz F, Sayed Mirhosini Z, Banabazi MH, Asadzadeh N, Asadi N, Hemmati B, Ghanbari A and Razavi K (2012) Genetic diversity in Tranian Bactrian camels (Camelus Batrianus) using microsatellite markers. Modern Genetics Journal (MGJ) 7(3): 249-258. (In Persian)
19. Simianer H (2005) Decision making in livestock conservation. Ecological Economics 53: 559-572.
20. Spencer PBS and Woolnough AP (2010) Assessment and genetic characterization of Australian camels using microsatellite polymorphisms. Livestock Science 129: 241-245.
21. Spencer PBS, Wilson KJ and Tinson A (2010) Parentage testing of racing camels (*Camelus dromedaries*) using microsattelite DNA typing. Animal Genetics 41: 662-665.
22. Tadesse Y, Costa V, Gebremariam Z, Urgae M, Tilahun S, Kebede K and Beja-Pereira A (2019) Genetic Variability and Relationship of Camel (*Camelus dromedarius*) Populations in Ethiopia as Evidenced by Microsatellites Analysis. Ethiopian Journal of Agricultural Sciences 29(1): 19-37.
23. Vijh RK, Tantia MS, Mishra B and Bharani Kumar ST (2007) Genetic diversity and differentiation on Dromedarian camel of India. Animal Biotechnology 18: 81-90.
24. Yeh FC, Boyle T and Yang RC (1999) PopGene: Microsoft window-based freeware for population genetic analysis, version 1.31.