دامستیک؛ دوره ۲۲، شماره ۱ (شماره ۲۲ پیاپی): ۳۹-۳۳

نشریهٔ علمی- ترویجی (حرفه‌ای)

دامستیک

انجمن علمی- دانشجویی گروه مهندسی علوم دامی دانشگاه تهران؛ بهار ۱۴۰۱

https://domesticsj.ut.ac.ir/article_88523.html

مقاله علمی- ترویجی

مبانی تئوریک آزمون والدین مبتنی بر نشانگرهای ریزماهواره به زبان ترویجی: مدل حیوانی مورد مطالعه بزسانن

رامیار قره داغی[1*]، محمد ملاپیری[1]، متین نصیری[1] و آرش جوانمرد[2]

[1] دانشجوی کارشناسی علوم دامی، گروه مهندسی علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

[2] استادیار ژنتیک و اصلاح‌نژاد دام، گروه مهندسی علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

https://doi.org/10.22059/domesticsj.2022.339479.1091

چکیده

امروزه، برای اکثر دامداران مجرب و محققان ژنتیک، اهمیت و ضرورت ثبت دقیق شجره و روابط ژنتیکی موجود در یک گله و جمعیت دامی امری آشکار است. دلایل مختلفی برای رخ دادن خطاهای شجره و خطا در ثبت روابط بین دام‌ها در مزرعه وجود دارد که در این مجموعه خلاصه‌ای از این عوامل مورد بحث و گفتگو قرار گرفته شده است. یکی از راهکارهای پیشنهادی در شناسایی اشتباهات رخ داده در ثبت شجره استفاده از دیدگاه نشانگرهای مولکولی است. نشانگرهای بسیار متنوعی برای این هدف مهم در حال حاضر وجود دارد؛ امّا با توجه به وضعیت هزینه‌ها و اهمیت مقرون به صرفه بودن روش، در این مقاله صرفاً کاربری مارکرهای میکروستلایت برای آزمون والدین در نظر گرفته شده است. با این انگیزهٔ تحقیقاتی، هدف مقالهٔ مروری حاضر، انتقال تجربه در خصوص مبانی تئوریک آزمون والدین مبتنی بر نشانگرهای ریز ماهواره به زبان ترویجی با استفاده از بز نژاد سانن به عنوان مدل حیوانی مورد مطالعه، می‌باشد. در چنین مواقعی از لحاظ دیدگاه ژنتیک مولکولی، نشانگرهای مولکولی می‌توانند از روی توالی خاصی از DNA صحت اطلاعات مورد نظر را با استفاده از آزمایش‌های مختلف تأیید کنند. برای دستیابی به این هدف، در قدم اول خون‌گیری و استخراج کل ژنوم و تکثیر و همانندسازی مصنوعی میکروستلایت بین والدین مشکوک و نتاج احتمالی متعلق به این والدین انجام و با مقایسهٔ الگوهای الکتروفورزی می‌توان اعتبار و دقت این ثبت اطلاعات شجره را اثبات علمی کرد. این مطالعه علمی- ترویجی سعی دارد بخشی از این قوانین حاکم و نحوهٔ تفسیر نتایج را برای خوانندگان و علاقه‌مندان ذینفع به تصویر کشیده و به زبان ترویجی انتقال دهد.

کلمات کلیدی: آزمون والدین، ژنتیک مولکولی، میکروستلایت، تفسیر خروجی

***نویسنده مسئول:** ramyar.gharedaghi@gmail.com

بخش: ژنتیک و اصلاح‌نژاد دام و طیور **دبیر تخصصی:** مرجان ازغندی

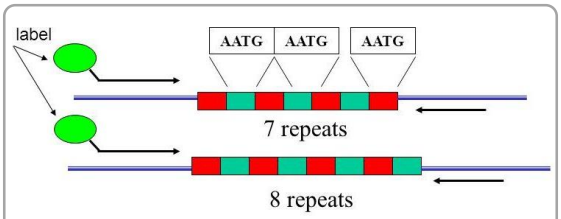
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۲/۰۲ **تاریخ بازنگری:** ۱۴۰۱/۰۱/۲۵ **تاریخ پذیرش:** ۱۴۰۱/۰۲/۱۲ **تاریخ انتشار آنلاین:** ۱۴۰۱/۰۳/۱۷

رفرنس‌دهی: قره داغی، ر.، ملاپیری، م.، نصیری، م.، جوانمرد، آ. مبانی تئوریک آزمون والدین مبتنی بر نشانگرهای ریزماهواره به زبان ترویجی: مدل حیوانی مورد مطالعه بزسانن. *علمی- ترویجی (حرفه‌ای) دامستیک*، ۱۴۰۱؛ ۲۲(۱): ۳۹-۳۳.

مقدمه

از آنجایی که قدم اولیه در اصلاح هر صفتی در واقع تخمین وراثت‌پذیری و معماری ژنتیکی صفت و سهم اثرات ژنتیک افزایشی و غیر افزایشی است، برای محاسبهٔ پارامتر وراثت پذیری وجود شجرهٔ دقیق و روابط خویشاوندی و کواریانس ژنتیکی والدین و نتاج، لازم و پیش شرط است؛ لذا روش‌هایی که راستی‌آزمایی در خصوص صحت و ثبت دقیق شجره را انجام دهند مطلوب و ارزشمند خواهند بود. در پژوهش‌های پیشین دلایل مختلفی برای رخ دادن خطاهای شجره اشاره شده است؛ بهترین روش پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) بیشترین کاربرد را در پیش‌بینی شایستگی ژنتیکی در حیوانات داشته است (Mrode, 1996). تصمیمات انتخاب بر اساس BLUP هنگام استفاده از اطلاعات شجره‌ای مادر و پدر دقیق‌تر و صحیح‌تر است؛ زیرا BLUP تمام اطلاعات موجود و روابط خویشاوندی و ژنتیکی را در نظر می‌گیرد. ارزیابی ژنتیکی در مدل حیوانی بر اساس تمام روابط ژنتیکی شناخته شده بین حیوانات موجود در شجره صورت می‌گیرد. (Henderson, 1975). این مدل فرض می‌کند که همهٔ شجره‌نامه‌ها و روابط به درستی ثبت شده‌اند. اطلاعات خویشاوندان نتیجهٔ ارزیابی‌های ژنتیکی را دقیق‌تر و صحیح‌تر و پیشرفت ژنتیکی را افزایش می‌دهد؛ با این حال، با افزایش اشتباهات ناشی از رکوردهای دارای خطا در شجره، منجر به اریب در تخمین وراثت‌پذیری و ارزیابی ژنتیکی می‌شود (Van Velck 1970 a, b). بنابراین، ثبت شجرهٔ صحیح، پیش‌نیاز یک برنامه اصلاحی کارآمد در تمامی گونه‌های حیوانی اهلی از جمله بز است. بروز خطا در ثبت شجره می‌تواند دلایل مختلفی از جمله اشتباه در برچسب زنی و ثبت شماره پایوت اسپرم در مؤسسات تلقیح مصنوعی، تلقیح مجدد بزهای مادهٔ آبستن به علت علایم کاذب فحلی، اشتباه هنگام ثبت شماره والدین در پرونده تلقیح، اشتباه در ثبت پدران، اشتباه در شناسایی پدر هنگام ورود بز نر به گله، جابه‌جایی کنترل نشدهٔ بزهای نر به داخل حصارهای با بزهای مادهٔ حبس شده و افتادن پلاک گوش و سردرگمی در تجدید مجدد همان شماره‌ها (Christensen *et al.*, 1982). وقوع این پدیده‌ها منجر به ثبت داده‌های نادرست شده و پیامد آن اشتباه در محاسبهٔ ضریب همخونی و پارامترهای ژنتیکی مبتنی بر شجره و در نهایت تخمین اشتباه ضریب وراثت‌پذیری و کاهش پیشرفت ژنتیکی است.

ریزماهواره‌ها که به عنوان تکرارهای پشت سر هم کوتاه (شکل ۱) (STR)، تکرارهای توالی کوتاه (SSR) یا مکان‌های ریزماهواره‌ای با برچسب توالی (STMS) نیز شناخته می‌شوند، حاوی توالی‌های تکراری متشکل از ۲ تا ۶ نوکلئوتید هستند (Nyakaana and Arctander 1998; Comstock *et al.* 2000, 2002; Eggert *et al*,. 2000). ویژگی‌های ریزماهواره‌ها که آن‌ها را نشانگرهای مولکولی ترجیحی می‌سازد، شامل سطح بالایی از تنوع آللی که به‌راحتی قابل تجزیه و تحلیل است، توارث مشترک و تطبیق‌پذیری کاربردی می‌باشد (Girish and Barbuddhe, 2020)؛ از این رو، استفاده از آن‌ها در آزمون انساب می‌تواند بسیار کمک‌کننده باشد.



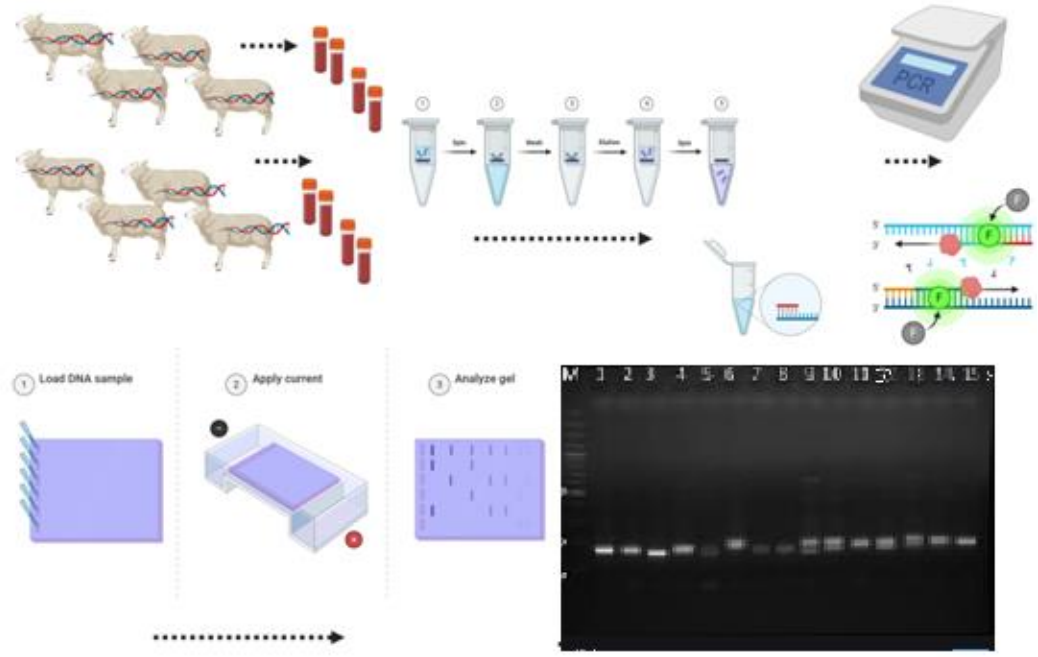
شکل ۱- تکرارهای پشت سر هم کوتاه (ریزماهواره): ناحیهٔ تکرار بین نمونه‌ها تنوع دارد.

در حالی که آغازگرهای PCR در آن باند ثابت هستند، تعداد تکرارهای این توالی‌های خاص پشت سر هم منحصر به فرد بوده و از والد به فرزند منتقل می‌شود؛ به عنوان مثال، اگر والدی دارای دو باند ۴۰۰ و ۴۱۰ باشد؛ انتظار می‌رود فرزند حتماً یکی از این دو باند را داشته باشد (Academic press, 2002).

شکل ۲- یک پدیده آشکار از علل اشتباه در ثبت شجره، جویدن پلاک پلاستیکی توسط بزهای دیگر

نحوهٔ خون‌گیری و روش استخراج DNA

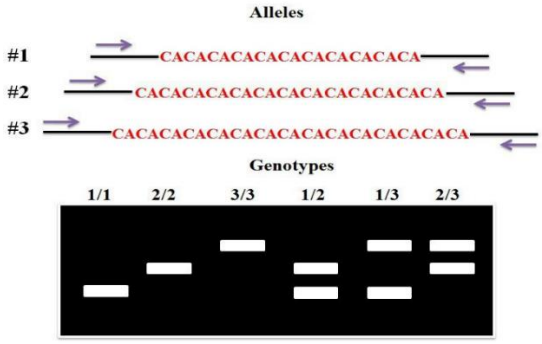
خون‌گیری از حیوان از طریق ورید وداجی صورت می‌گیرد و نمونهٔ خون در لوله‌های حاوی خلأ دارای مادهٔ ضدانعقاد فریز شده و به آزمایشگاه انتقال داده می‌شود. سپس با استفاده از دستورالعمل خاصی ماده ژنومی هر حیوان را استخراج کرده و در فریزر نگهداری می‌کنند.



شکل ۳- نحوهٔ انجام مراحل آزمایشگاهی و آماده‌سازی نمونه‌ها جهت مشاهده الگوی باندی آن‌ها

میکروستلایت و همانندسازی مصنوعی در لوله آزمایش

واژهٔ ریزماهواره در سال ۱۹۸۵ به وسیلهٔ جفریس و همکاران مطرح گردید. ریزماهواره‌ها توزیع وسیعی در ژنوم دارند. معمول‌ترین تکرارها در ژنوم پستانداران، تکرارهای دونوکلئوتیدی (به صورت یک موتیف دوتایی) $(AG)_n$، $(CT)_n$، $(CA)_n$ می‌باشند. تعداد باز موجود در هر ردیف تکرار شونده ممکن است دو، سه، چهار یا حتی بیشتر باشد؛ برای طراحی آغازگر نیز از خود این نوکلئوتیدهای تکراری استفاده می‌شود.



شکل ۴- نحوه تفسیر تست والدینی

میکروستلایت‌ها به علت چند شکلی بالا به راحتی در PCR قابل ردیابی هستند. نقشه‌یابی ژن با این مارکر در گونه‌هایی مانند گاو که بیش از ۴۰۰ میکروستلایت شناخته‌شده دارد، سریع‌تر صورت خواهد گرفت. براساس گزارش بادبرین و همکاران (۱۳۹۹) از آن جا که ریزماهواره‌ها توارث هم‌بارز دارند، هموزیگوت و هتروزیگوت بودن هر فرد با توجه به مشاهده یک یا دو باند مشخص می‌گردد. از میکروستلایت برای کشف اشتباهات موجود در ثبت والدین برای نتاج در مراکز اصلاح نژاد استفاده می‌شود و در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی به کار گرفته می‌شود. بعضی از مشکلات استفاده از ریزماهواره‌ها عبارت‌اند از: ۱- عملیات شناسایی ریزماهواره‌ها، تعیین توالی بازی آن‌ها، طراحی و ساخت آغازگرها و تهیه نقشهٔ ژنتیکی بسیار پیچیده بوده و مستلزم صرف وقت و هزینهٔ فوق‌العاده است. ۲- به علت چندشکلی زیادتر از حد ریزماهواره‌ها کاربرد آن‌ها فقط در رده‌بندی‌های درون گونه‌ای پیشنهاد می‌گردد.

انواع ریزماهواره‌ها

ریزماهواره‌ها را می‌توان به دو دسته کامل یا ناب و ناقص طبقه‌بندی کرد. ریزماهواره‌های کلاسیک تنها یک تک تکرار را شامل می‌گردند (شکل ۵، قسمت B). این ریزماهواره‌های ناب تنها بخش کوچکی از تمامی ریزماهواره‌های ژنوم را تشکیل می‌دهند. مشتقات معمول این ریزماهواره‌های ناب در شکل ۵ نشان داده شده است (قسمت A، C و D) که می‌توان آن‌ها را ریزماهواره‌های ناقص دانست. ریزماهواره‌هایی را که در آن‌ها واحد تکرارشونده به خاطر جایگزینی بازهایی قطع شده است، ریزماهواره‌های گسسته گویند (شکل ۵، قسمت A). ساده‌ترین

شکل ریز ماهواره‌های مرکب شامل دو تکرار مجاور هم است که از نظر اندازه و ردیف واحد تکرارشونده متفاوت‌اند (شکل ۵، قسمت C). تکرارهای متعددی نیز وجود دارند که در هیچ یک از این سه گروه قرار نمی‌گیرند. این گروه را ریزماهواره‌های مبهم می‌نامند. آن‌ها شبیه یک ریزماهواره‌اند ولی گسست‌های متعددی در آن‌ها وجود دارد. این گسست‌ها به صورت اضافه‌شدن واحدهای متفاوت معدودی می‌باشند (شکل۵، قسمت D).

(A)
GTGTGTGTGTGTGTGT
(B)
GTGTGTGTGAGTGTGTGT
(C)
GTGTGTGTCTCTCTCT
(D)
GTGTGTCTTCTTGTCTGTGTTTTG

شکل ۵- انواع ریزماهواره‌ها: (A) ریزماهواره ناگسسته، (B) ریزماهواره گسسته، (C) ریزماهواره مرکب، (D) ردیف‌های ساده مبهم

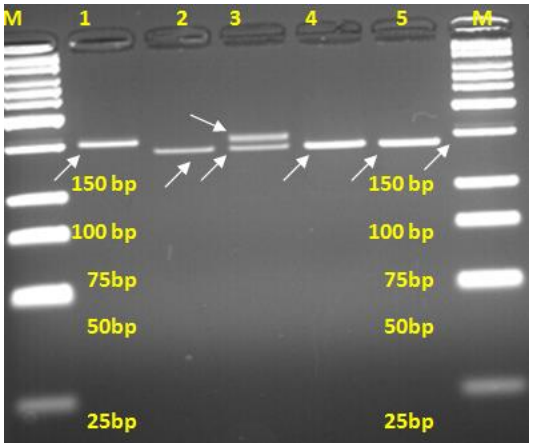
تشخیص آلل‌های ریزماهواره‌ای

این نشانگر نیز همانند سایر نشانگرهای مبتنی بر PCR، از این طریق تکثیر در واکنش PCR و سپس الکتروفورز محصول PCR تشخیص داده می‌شود. تکثیر ناحیهٔ مورد نظر با استفاده از یک جفت آغازگر که مکمل قسمتی از توالی مورد نظر می‌باشند، صورت می‌گیرد. به طوری که تنها قسمت تکرار شونده که مد نظر است، تکثیر می‌شود. طول فرآوردهٔ PCR مطابق با تعداد واحد تکرارشونده در آن محل متفاوت است. الکتروفورز باید به گونه‌ای باشد که امکان تمییز باندهایی که تنها به اندازهٔ یک باز متفاوت هستند را به وجود آورد. اختصاصی بودن آغازگرها موجب می‌شود که در هر فرد تنها یک یا دو باند (در فرد هتروزیگوت دو باند و در فرد هموزیگوت یک باند) به دست آید.

چندشکلی ریزماهواره‌ها

تنوع تعداد واحدهای تکرارشونده در ریزماهوارها، چندشکلی بسیار زیاد آن‌ها را موجب شده است. این تنوع خود ناشی از نرخ بالای جهش در این نشانگرهاست. این میزان جهش در مقایسه با نرخ جهش نقطه‌ای بسیار بالا است و بین 10^{-9} تا 10^{-10} می‌باشد. بررسی‌ها در انسان نرخی حدود 10^{-3} جهش در هر جایگاه در هر نسل را نشان داده است، ولی این نرخ در مگس سرکه نسبتاً پایین و حدود 6×10^{-6} می‌باشد. عواملی همچون تعداد و نوع تکرار، ردیف کناری و نوترکیبی بر میزان جهش ریزماهواره‌ای مؤثراند (عرفانی مقدم، ۱۳۸۲).

تفسیر نتایج و تطبیق باند و نحوهٔ شناسایی اشتباه



شکل ۶- الگوی باندی نمونه برای تجزیه و تحلیل الگوی باندی

به منظور آشنایی با مبانی تست انساب مبتنی بر میکروستلایت درک دو اصل علمی ژنتیک ضروری است. اول این که در طی تولیدمثل هر والد در طی گامتوزنز نصف ژنوم خود را به اشتراک می‌گذارد. دوم، هر دام در ژنوم خود دارای تعداد کروموزوم ثابت است که هر کروموزوم دارای تعداد شناخته شده‌ای میکروستلایت هستند که اندازهٔ باند و نوع توالی خاص تکرار شوندهٔ پایهٔ آن، شناخته شده است. متخصصان ژنتیک به منظور شناسایی الگوی توارث و توالی خاص هر میکروستلایت در هر فرد، باید توالی خاص منحصر به هر فرد را همراه با نواحی محافظت شده (Flanking region) تکثیر کنند.

همان‌طور که در شکل ۶ مشخص است، پنج حیوان از یک مزرعهٔ پرورش بز سانن انتخاب شده است. با توجه به اینکه حیوان شمارهٔ (۲) مادر حیوانات شمارهٔ (۳)، (۴) و (۵) می‌باشد، ارتباط ژنتیکی حیوان شماره (۱) با سه حیوان شمارهٔ (۳)، (۴) و (۵) مورد آزمون قرار گرفته است. با توجه به الگوی باندی استانداردی که در الکتروفورز مورد استفاده قرار می‌گیرد و Ladder نام دارد، الگوی باندی حیوان شمارهٔ (۳) با هر دو الگوی باندی حیوان (۱) و (۲) متناسب بوده و بنابراین، در این شکل ۳ فرزند قطعی ۱ و ۲ است و بقیه بزغاله‌ها از پدری دیگر می‌باشند. برای این که دقت این مطالعات حداکثر شود، متخصصان ژنتیک معمولاً به یک جایگاه برای الگوسنجی اکتفا نمی‌کنند و وجود ۱۲ جایگاه در بررسی می‌تواند خطا و احتمال تصمیم اشتباه را به صفر برساند.

جدول ۱- نحوهٔ تفسیر نتایج میکروستلایت برای انتساب دو بز نر کاندید به عنوان پدر نتاج کاندید

Loci	BM4307	CSSM004	BM415	RM029	BM3205	INRA049	OarfCB5
بز تر یک	140/128	128/128	180/180	102/102	192/220	200/190	82/82
مادر	128/128	142/142	210/186	90/90	192/192	200/219	112/82
بزغاله منتسب	140/128	128/142	180/210	102/90	192/192	200/200	82/112
بز تر د و	140/128	142/142	186/210	102/102	192/220	200/200	82/82
مادر	128/140	142/142	210/186	90/90	192/192	219/219	112/82
بزغاله منتسب	140/140	128/142	186/210	102/102	192/192	200/200	82/112

جدول ۱، یک مثال از تست انساب از ۷ جایگاه میکروستلایت می‌باشد و هر دو باند مربوط به بزغاله‌ها و والدین در این آزمون مورد مقایسه قرار می‌گیرد. با توجه به اصل اول که قبلاً ذکر شد، بزغاله منتسب باید حتماً دارای باندهای یکسان از نظر طول توالی حداقل با یکی از باندهای والدین باشد تا بتوان آنها را از نظر قرابت ژنتیکی به یکدیگر ارتباط داد. همان‌طور که مشاهده می‌شود، بزغاله منتسب به بز نر دو با توجه به عدم تطابق طول باندی آن در جایگاه مورد نظر، حداقل با یکی از باندهای مادر مشکوک، با آن قرابت ژنتیکی ندارد.

نتیجه‌گیری کلی

شناسایی فردی حیوان‌های مورد نظر و کنترل شجره‌ای والدین برای حمایت از پرورش‌دهندگان در اهداف تجاری و مدیریت کارآمدِ جمعیت حیوانی ضروری است. بنابراین، اجرای یک برنامهٔ اصلاحی، مستلزم در اختیار داشتن روابط صحیح شجره‌ای تمامی حیوانات موجود در جمعیت مورد مطالعه می‌باشد. در مدل حیوانی که پرکاربردترین مدل ارزیابی در سال‌های معاصر می‌باشد، ارزیابی دام‌ها بر اساس تمام روابط ژنتیکی شناخته شدهٔ حیوانات در جمعیت مورد مطالعه صورت می‌گیرد. طبق فرض این مدل، باید تمام روابط شجره‌ای حیوانات به درستی ثبت شده باشد. در نتیجهٔ ثبتِ شجرهٔ اشتباه یا شجرهٔ ناقص، ارزیابی‌های ژنتیکی دارای اریب بوده و پیشرفت ژنتیکی کل و سالانه نیز کاهش خواهد یافت. نشانگرهای مولکولی می‌توانند در تصحیح و شناسایی اشتباهات شجره راهگشا باشند. نشانگرهای مختلفی می‌توانند برای این مهم به کار روند که از ارزان قیمت‌ترین روش‌ها برای آزمون والدین می‌توان به استفاده از مارکرهای میکروستلایت اشاره نمود. می‌توان با بررسی الگوی توارثی توالی اختصاصی موجود بین ژنوتیپ والدین و نتایج انتساب درست را رقم زد و خطای شجره را به حداقل رساند. این روش طی مقالات متعدد و اسناد علمی قبلی کارآیی و دقت خود را به اثبات رسانده است.

منابع

بادبرین، س.؛ سیدشریفی، ر.؛ خمیس‌آبادی، ح. و احمدپناه، ج. (۱۳۹۹). "بررسی پلی مورفیسم نشانگرهای ریزماهواره بز مرخز." *فیزیولوژی و تکوین جانوری*، (۱۴)، ۲۵-۱۳.

عرفانی مقدم، و. (۱۳۸۲). "*حفاظت شدگی وتوانایی ایجاد پلی مورفیسم میکروساتلایت‌های EST درتعدادی از گونه‌های مرتعی خانواده Leguminous*." پایان نامه کارشناسی ارشد. گروه بیوتکنولوژی کشاورزی. دانشگاه صنعتی اصفهان. اصفهان. ایران.

Barnett, N.L., Purvis, I.W., van Hest, B., and Franklin, I.R. (1999). "The accuracy of current dam pedigree recording strategies employed by stud Merino breeders." *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, Mandurah, Western Australia, July 4–7.

Christensen, L.G., Madsen, P., and Petersen, J. (1982). "The influence of incorrect sire identification on the estimates of genetic parameters and breeding values." *Proceeding of Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Madrid, Spain, 200–208.

Comstock, K.E., Wasser, S.K., and Ostrander, E.A. (2000). "Polymorphic microsatellite DNA loci identified in the African elephant (Loxodonta africana)." *Molecular Ecology*, 9, 993–1011.

Eggert, L.S., Ramakrishnan, U., Mundy, N.I., and Woodruff, D.S. (2000). "Polymorphic microsatellite DNA markers in the African elephant (Loxondonta africana) and their use in the Asian elephant (Elephas maximus)." *Molecular Ecology*, 9, 2155–2234.

Girish, P.S., and Barbuddhe, S.B. (2020). "*Meat traceability and certification in meat supply chain.*" In Meat Quality Analysis, Academic Press. 153-170.

Graber, R.A., and Morris, J.W. (1983). "General equation for the average power of exclusion for genetic systems of n co-dominant alleles in one-parent and in no-parent cases of disputed parentage." In Inclusion Probabilities in Parentage Testing (Ed. by R.H. Walker, pp. 277-280), American Association of Blood Banks, Arlington, WV.

Reece, J.B., Urry, L.A., Cain, M.L., Wasserman, S.A., Minorsky, P.V., and et al. (2011). *Campbell biology*, No. 9, Boston: Pearson.

Slides Published by Jayson Parsons https://slideplayer.com/slide/8526371/ (Academic press, 2002)

Usha, A.P., Simpson, S.P., and Williams, J.L. (1994). "Evaluation of microsatellite markers for parentage verification." *In Proceedings of the 24th ISAG Conference of Animal Genetics*, 25, 41.

Vaiman, D., Schibler, L., Bourgeois, F., Oustry, A., Amigues, Y., and et al. (1996). "A genetic linkage map of the male goat genome." *Genetics*, 144, 279–305.

Van Vleck, L.D. (1970a). "Misidentification in estimating the paternal sib correlation." *Journal of Dairy Science*, S31469.

Van Vleck, L.D. (1970b). "Misidentification and sire evaluation." *Journal of Dairy Science*, 531697.

Visscher, P.M., Woolliams, J.A., Smith, D., and Williams, J.L. (2002). "Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection." *Journal of Dairy Science*, 85, 2368-2375.

Yeh, F.C., Yang, R., and Boyle, T. (1999). POPGENE Ver. 3.31. Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis.

Publisher Note
Animal Science Students Scientific Association, Campus of Agriculture and Natural Resources at the University of Tehran

Submit Your Manuscript:
https://domesticsj.ut.ac.ir/contacts?_action=loginForm

Grundel, H., and Reets, I. (1981). "Exclusion probabilities obtained by biochemical polymorphisms in dogs." *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 12, 123–32.

Henderson, C.R. (1975). "Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model." *Biometrics*, 31, 423-447.

Jakabova, D., Trandzik, J., and Chrastina, J. (2002). "Effectiveness of six highly polymorphic microsatellite markers in resolving paternity cases in Thoroughbred horses in Slovakia." *Czech Journal of Animal Science*, 47, 497-501.

Jamieson, A. (1979). "Electromorphs and erroneous pedigree." *Proceedings of the XVIITH International Conference on Animal Blood Groups and Biochemical*.

Jamieson, A. (1994). "The e effectiveness of using co-dominant polymorphic allelic series for (1) checking pedigrees and (2) distinguishing full-sib pair members." *Animal Genetics*, 25 (S1), 37–44.

Jamieson, A., and Taylor, S.C.S. (1997). "Comparison of three probability formulae for parentage exclusion." *Animal Genetics*, 28, 397–400.

Jeffreys, A.J., Wilson, V.S.C., and Thein, S.L. (1985). "Individual-specific'fingerprints' of human DNA." *Nature*.

LONG, S.E. (1990). "Chromosomes of sheep and goats." In Advances in veterinary science and comparative medicine (Vol. 34, pp. 109-129), Academic Press.

Cifuentes, L.O., Martínez, E.H., Acuña, M.P., and Jonquera, H.G. (2006). "Probability of Exclusion in Paternity Testing: Time to Reassess." *Journal of Forensic Sciences*, 51(2), 349-350.

Luikart, G., Biju-Duval, M.P., Ertugrul, Y., Zagdsuren, C., Maudet, C., and et al. (1999). "Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (Capra hircus)." *Animal Genetics*, 30, 431-438.

Marklund, S., Ellegren, H., Eriksson, S., Sandberg, K., and Andersson, L. (1994). "Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic microsatellites." *Animal Genetics*, 25, 19-23.

Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L., and Pemberton, J.M. (1998). "Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations." *Molecular Ecology*, 7, 639-655.

Mrode, R.A. (1996) "Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values." No. 3, Centre for Agriculture and Biosciences International, USA.

Nyakaana, S., and Arctander, P. (1998). "Isolation and characterization of microsatellite loci in the African elephant, Loxodonta africana." *Molecular Ecology*, 7, 1431–1439.

Domestic; 22 (1): 33-39

Scientific-Extensional (Professional) Journal

Domestic

Animal Science Students Scientific Association at the University of Tehran, Spring 2022

https://domesticsj.ut.ac.ir/article_88523.html

Scientific-Extensional Article

Review of the theoretical aspects of the parentage test based on microsatellite marker evidence using extension language: Saanen as model animal models

Ramyar Gharedaghi[1*], Mohammad Molapiri[1], Matin Nasiri[1] and Arash Javanmard[2]

[1] B.Sc. Student of Animal Science, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture at the University of Tabriz, Tabriz, Iran
[2] Assistant Professor of Animal Breeding and Genetics, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture at the University of Tabriz, Tabriz, Iran

https://doi.org/10.22059/domesticsj.2022.339479.1091

Abstract

Today, for most experienced ranchers and genetic researchers, the importance and necessity of accurately recording the pedigree and relationships of a herd and livestock population are obvious. There are various reasons for the occurrence of errors in the pedigree and registration of relationships between livestock on the farm, which in this text are summarized and discussed. One of the proposed solutions in identifying the errors that occurred in the registration of the pedigree is to use the perspective of molecular markers. There are a wide variety of indicators for this important goal right now; however, due to the cost situation and the importance of cost-effectiveness of the method, in this article, only the use of microsatellite markers for parental testing is considered. With this research motivation, the present review article aims to transfer the experience regarding the theoretical foundations of the parent test based on microsatellite markers in promotional language using goat and saanan as the animal model studied. In such cases, from a molecular genetic point of view, molecular markers can confirm the accuracy of the information from a specific DNA sequence using various experiments. To achieve this goal, in the first step, blood sampling and extraction of the whole genome and artificial reproduction and artificial replication of microsatellites between suspicious parents and possible offspring belonging to these parents can be done. This manuscript tries to portray some of these governing rules and how to interpret the results to readers and interested parties and convey them in advertising language.

Keyword(s): Parental test, Molecular genetics, Microsatellite, Output interpretation

***Corresponding Author E-mail:** ramyar.gharedaghi@gmail.com

Section: Animal and Poultry Breeding & Genetics **Associate Editor:** Marjan Azghandi

Received: 21 Feb 2022 **Revised:** 14 Apr 2022 **Accepted:** 02 May 2022 **Published online:** 07 Jun 2022

Citation: Gharedaghi, R., Molapiri, M., Nasiri, M., Javanmard, A. Review of the theoretical aspects of the parentage test based on microsatellite marker evidence using extension language: Saanen as model animal models. *Professional Journal of Domestic*, 2022; 22(1): 33-39.