

التوصيف الجزيئي لمجموعة من المعز السوري باستخدام تقانة SSR

حسين عكه*⁽¹⁾ و غنوة لبابيدي⁽¹⁾ وحسين الزعبي⁽²⁾ ومعتصم بالله الدقر⁽²⁾

(1). قسم هندسة التقانات الحيوية، كلية الهندسة التقنية، جامعة حلب، حلب، سورية.

(2). الهيئة العامة للبحوث العلمية الزراعية، دمشق، سورية.

(* للمراسلة: م. حسين عكه. البريد الإلكتروني: HessainEkkeh@gmail.com).

تاريخ القبول: 2018/06/16

تاريخ الاستلام: 2018/04/23

المخلص

يبدل الانتشار الجغرافي الواسع والنمو الهائل في أعداد المعز في جميع أنحاء العالم بوضوح، على قدرة هذه الأنواع المجتررة على التكيف مع الظروف المناخية القاسية، والأراضي صعبة الرعي. هدفت هذه الدراسة إلى تقييم التنوع الوراثي لنحو 42 عينة من المعز السوري التابعة لعدة محطات تربية، تتضمن الجبلي، والشامي، والهجين (ناتج التهجين بين كلا النوعين الشامي والجبلي). تم استخلاص DNA لتلك العينات وتطبيق تقانة SSR باستخدام 7 مؤشرات توابع ترادفية Microsatellite. بلغ عدد الأليلات 29 أليل بمعدل قدره 4.1 أليل لكل موقع مورثي. وتراوح عدد الأليلات لكل موقع من 3 أليلات في المؤشرات الوراثية SRCRSP01، INRAD07، BMS1714، SRCRSP09 إلى 8 أليلات في المؤشر الوراثي SRCRSP01. وتراوحت نسبة تكرار الأليلات خلال كل المواقع المورثية المدروسة من 0.071429 للأليل ذي الحجم الجزيئي 210 bp للموقع المورثي McM527 إلى 0.97619 للأليل ذي الحجم الجزيئي 55 bp للموقع المورثي SRCRSP09.

الكلمات المفتاحية: معز، توصيف جزيئي، مؤشرات جزيئية، تنوع وراثي، SSR.

المقدمة:

يعدّ المعز من أقدم الحيوانات العشبية المستأنسة في الشرق الأدنى منذ حوالي 11000 عام، وفي بداية الانتقال التطوري من الصيد إلى المجتمعات المعتمدة على الزراعة. منذ ذلك الوقت كان للمعز دوراً أساسياً في الاقتصاد، والثقافة، والدين، في العديد من الحضارات الإنسانية. إنّ الجهد البحثي التعاوني الذي يجمع بين علمي الآثار والوراثة، قد وسّع بشكل كبير المقدرة على تحديد محتوى وموقع وتوقيت استئناس المعز البدائي، بالإضافة إلى تتبع المسارات المتنقلة المستخدمة بواسطة الإنسان لنشر هذه الحيوانات المزرعية حول العالم. ينتمي المعز *Capra hircus* وأقاربه البرية إلى عائلة *bovidae* من تحت العائلة *Caprinae*، ويختلف أصل هذه العائلة وتركيبها بشكل كبير. تفترض البيانات الجزيئية والمستحاثية أنّ الأصل المشترك الأكثر احتمالاً للمعز الموجود منشؤه الموطن الأصلي الألبيني في آسيا أو جزر البحر المتوسط خلال العصر الميوسيني الأخير (Manceau et al., 1999; Fernandez and Vrba, 2005; Ropiquet and Hassanin, 2005).

يعدّ المعز الأكثر خصوبة من بين جميع المجترات المستأنسة، وخاصةً تحت الظروف المناخية القاسية، وهذا يعود لقدرتها على التكيف مع الظروف البيئية المختلفة، والتبدلات الغذائية، إضافة إلى مقاومتها للأمراض، وقدرتها على البقاء تحت أنظمة دخل منخفضة. يُعدّ التفاعل السلسلي البوليميرازي Polymerase chain reaction (PCR) تقنية فعّالة ومفيدة جداً في حقول البيولوجيا الجزيئية، والتشخيص الطبي، ووراثة الجماعات، وتحليل الطب الشرعي (Saiki et al., 1985, 1988; White et al., 1992). تسمح هذه التقانة بالحصول على ملايين النسخ المضاعفة من قطعة واحدة من DNA التي تتضاعف أسياً exponentially وذلك باستخدام دورات حرارية متعددة. وقد ساعد تصنيع أجهزة التدوير الحراري الآلي automated thermo-cycler واكتشاف أنزيم البوليميراز (DNA Taq polymerase) في تطوير هذه التقانة، وفي استخداماتها لتحليل جينومات كل الكائنات، من خلال تقانات تعتمد عليها أهمها: AFLP، SSR، RAPD (Mullis et al., 1986; Rafalski et al., 1996).

والتوابع الترادفية (SSR) من المؤشرات الأكثر استخداماً بالتوصيف الجزيئي للمواشي، نظراً للمزايا المتعددة والنجاح الشائع لها (Aljumaah et al., 2012). وهي عبارة عن مكررات ترادفية قصيرة من الدنا الجينومي (كل وحدة تكرارية repeat unit تتألف من 1-6 أزواج قاعدية تتكرر بشكل ترادفي بعضها وراء البعض الآخر) موزعة عشوائياً على كل الصبغيات ومعظم مناطق الصبغي (Soysal et al., 2005).

في دراسة أجراها (Maudet *et al.*, 2001) باستخدام خمسة وسبعين زوجاً من بادئات التتابع الترادفية (SSR) المصممة من الأبقار المحلية، والأغنام، والمعز على ثلاثة أصناف معز بريه متقاربة *C. ibex* و *C. sibirica* و *C. pyrenaica* في أوروبا، حيث كانت 90% من البادئات فعالة وأعطت نواتج PCR على أنواع المعز البري.

وبيّن (Visser *et al.*, 2010) عند رسم خريطة الارتباط الوراثية لمعز الأنغورا الجنوب أفريقي باستخدام 94 مؤشر تتابع ترادفية (SSR) أنّ متوسط عدد الأليلات لكل مؤشر 8.6، وتمتلك 8 مؤشرات فقط أقل من 5 أليلات. وكان متوسط قيمة PIC في جميع المواقع 0.57، وكانت قيمة PIC أقل من 0.4 لنحو 12 مؤشر فقط.

ووضّح (Hoda *et al.*, 2011) في دراسة أجروها على 183 فرد غير مرتبطة ببعضها من 6 سلالات معز ألباني باستخدام ثلاثين مؤشر تتابع ترادفية. كان لدى تسعة وعشرين مؤشر 5 أو أكثر من الأليلات، وجميع المواقع ذات تعددية شكلية ومجموع عدد الأليلات 331 أليل، وكان متوسط عدد الأليلات لكل موقع 11.03، وتراوح متوسط تخالف اللواقح المتوقع من 0.712 إلى 0.758 لتلك المؤشرات.

أجرى (Hassen *et al.*, 2016) دراسة التنوع الوراثي على 398 فرد لثلاثة أنواع من المعز السوري وهي الجبلي، والشامي، والبلدي باستخدام 12 مؤشر تتابع ترادفية، كشفت المؤشرات عن إجمالي 281 أليل، وتراوح متوسط عدد الأليلات من 6.33 في الموقع MAF209 إلى 23.67 في الموقع BM6444 بمعدل 13.97. وتراوحت قيمة PIC بين 0.58 للمؤشر ILSTS005 و 0.94 للمؤشر BM6444 بمتوسط قدره 0.78 لكل مؤشر.

اعتمدت الدراسات العالمية الحديثة في التصنيف الحيواني على التوصيف الجزيئي، لما له أهمية في حفظ المصادر الوراثية وزيادة الإنتاج الحيواني، والأغراض التربوية، والاستمرارية والتكيف. يهدف هذا البحث إلى تقييم التنوع الوراثي باستخدام تقانة SSR لمجموعة من المعز السوري (الجبلي والشامي والهجين) التي تم الحصول عليها من أربع محطات تربية مختلفة، ومعرفة درجة القرابة الوراثية بين تلك الأفراد، من خلال رسم شجرة القرابة الوراثية وتحليل البنية الوراثية.

مواد البحث وطرقه:

تم العمل في مخابر التقانات الحيوية التابعة لمركز بحوث حلب، وكلية الهندسة التقنية بجامعة حلب على 42 عينة دموية من المعز الجبلي، والشامي، والهجين، مجموعة من أربع محطات تربية مختلفة، وهي محطة بحوث قرحتا في دمشق، ومحطة بحوث عري في السويداء، ومن منطقة جنديرس التابعة لعفرين، ومن منطقة برج العرب التابعة لحمص في سورية. وأعطى لكل عينة رقماً تسلسلياً كما هو موضح في الجدول (1)، ثم تم استخلاص المادة الوراثية DNA وفقاً لطريقة (Saghai-Marroof *et al.*, 1984).

الجدول 1. تسمية العينات المدروسة بأرقام تسلسلية محدداً بذلك النوع ومكان الجمع والجنس.

رقم العينة	النوع	مكان الجمع	الجنس
1	شامي	دمشق	أنثى
2	شامي	دمشق	أنثى
3	شامي	دمشق	أنثى
4	شامي	دمشق	أنثى
5	جبلي	السويداء	أنثى
6	جبلي	السويداء	أنثى
7	جبلي	السويداء	أنثى
8	جبلي	السويداء	أنثى
9	جبلي	السويداء	أنثى
10	جبلي	السويداء	أنثى
11	جبلي	السويداء	أنثى
12	جبلي	السويداء	أنثى
13	جبلي	السويداء	أنثى
14	جبلي	السويداء	أنثى
15	جبلي	السويداء	أنثى
16	جبلي	السويداء	أنثى
17	جبلي	السويداء	أنثى
18	جبلي	السويداء	أنثى
19	جبلي	السويداء	أنثى
20	جبلي	السويداء	أنثى
21	جبلي	السويداء	أنثى
22	جبلي	السويداء	أنثى
23	جبلي	السويداء	أنثى
24	جبلي	السويداء	أنثى
25	جبلي	السويداء	أنثى
26	جبلي	السويداء	أنثى
27	جبلي	السويداء	أنثى
28	جبلي	السويداء	أنثى
29	جبلي	السويداء	أنثى
30	جبلي	السويداء	أنثى
31	جبلي	السويداء	أنثى
32	جبلي	السويداء	أنثى
33	هجين	السويداء	أنثى
34	هجين	السويداء	أنثى
35	هجين	السويداء	أنثى
36	هجين	السويداء	أنثى
37	هجين	جنديرس	أنثى
38	هجين	جنديرس	أنثى
39	هجين	برج العرب	أنثى
40	هجين	السويداء	أنثى
41	شامي	دمشق	ذكر
42	شامي	دمشق	ذكر

1. تحديد تركيز ونوعية DNA:

تمّ التحديد الكمي والنوعي لعينات DNA بالرحلان الأفقي المعتمد على الأغاروز ذي التركيز 1% باستخدام مؤشر لامدا ذي التركيز 50 ng/μl.

2. تطبيق تقانة التتابع البسيطة الترادفية (SSR) Simple Sequence Repeat:

استُخدمت بعض بادئات التتابع البسيطة الترادفية (SSR) الموصى بها من قبل منظمة الغذاء والصحة العالمية Food and Agriculture organization (FAO) والمجتمع الدولي لوراثة الحيوانات International Society for Animal Genetics (ISAG). كل بادئ يحيط بتابع بسيط ترادفي سواء كان النوع غنمياً (Ovine) أو بقرياً (Bovine) أو معزياً (Caprine) (سيد، 2001). وتسلسل البادئات موضّح في الجدول (2).

تمّ اختبار 20 بادئاً، وذلك على ست عينات من المعز التي انتقيت بشكل عشوائي باستخدام تقانة SSR التي تعتمد على التفاعل السلسلي البوليميرازي PCR، مع عدة درجات التحام مختلفة والجدولين 3 و 4 يبينان مزيج تفاعل PCR والبرنامج الحراري المستخدم على التوالي.

الجدول 2. يبين البادئات العشرين والتسلسل النيوكليوتيدي الأمامي والعكسي الخاص بكل بادئ مع درجة حرارة الالتحام مرجعياً والمرجع العلمي المعتمد لكل بادئ.

المرجع	TM المقترحة	التتالي النيوكليوتيدي للبادئ 5'---3'	اسم البادئ
Kemp <i>et al</i> ,1995	64	AGGGACCTCATGTAGAAGC ACTTTTGGACCCTGTAGTGC	ILST019F ILST019R
Visser <i>et al</i> , 2010	66	GACCACAAAGGGATTTGCACAAGC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG	INRAD06F INRAD06R
Visser <i>et al</i> , 2010	60	GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG TGAAATGAAGCTAAAGCAATGC	INRAD07F INRAD07R
Visser <i>et al</i> , 2010	56	AGCAAGAAGTGTCCACTGACAG TCTAGGTCATCTGTGTTATTGC	INRAD09F INRAD09R
Kemp <i>et al</i> , 1993	60	AGCAGACATGATGACTCAGC CTGCCTCTTTTCTTGAGAG	ILSTS087F ILSTS087R
Hulme <i>et al</i> 1994	60	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC AAACCACTTGACTACTCCCAA	McM527F McM527R
Yeb <i>et al</i> , 1997	55	TGAACGGGTAAAGATGTG TGTTTTTAATGGCTGAGTAG	SRCRSP23F SRCRSP23R
Brezinsky <i>et al</i> ,1993	60	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	ILSTS11F ILSTS11R
Bhebhe <i>et al</i> 1994	58	AGAGGATCTGAAAATGGAATC GCACTCTTTTCAGCCCTAATG	SRCRSP9F SRCRSP9R
Hoda <i>et al</i> , 2011	62	GAGTCCTCAGCAAGCAGGTC CCAGGAATTGGATCACACCT	TCRVB6F TCRVB6R
Hoda <i>et al</i> , 2011	58	AACACCATCAAACAGTAAGAG CATAGTAACAGATCTTCCTACA	P19(DYE)F P19(DYE)R
Brezinsky <i>et al</i> ,1993	56	GGAAGCAATTGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	ILSTS005F ILSTS005R
Buchanan & Crawford,1992	68	CACGGAGTCACAAAGAGTCAGACC GCAGGACTCTACGGGGCCTTTGC	MAF70F MAF70R
Kemp <i>et al</i> ,1995	52	AGTCACCCAAAAGTAACTGG ACATGTTGTATTCCAAGTGC	ILSTS044F ILSTS044R
Vaiman <i>et al</i> ,1994	54	AGGAATATCTGTATCAACCTCAGTC CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA	INRA006F INRA006R
Crawford <i>et al</i> ,1995	58	TTTATCCCAAGAGGTTCCACC AGGTGCTTGCAGTGAATCTG	BMS1714F BMS1714R
Arevalo <i>et al</i> ,1994	56	TGCAAGAAGTTTTTCCAGAGC ACCCTGGTTTCACAAAAGG	SRCRSP01F SRCRSP01R
Moore <i>et al</i> ,1994	64	TGTTTTAAGCCACCCAATTATTTG TTGTCAGCAACTTCTGTATCTTT	CSSM019F CSSM019R
Bishope <i>et al</i> ,1994	58	GCTGCTGAAAATGTA AAAAGG GAGTTGGAAATGACTGAAGCG	BM1332F BM1332R
Kossarek <i>et al</i> ,1993	58	CAGCAAAATATCAGCAAACCT CCACCTGGGAAGGCCTTTA	RM004F RM004R

ثم اختبر كل بادئ فعال على عينة واحدة بطريقة PCR-gradient للبحث عن الدرجة المناسبة لالتحام البادئ (Annealing temperature)، والبرنامج المناسب لعمل البادئات على أفضل وجه.

الجدول 3. مكونات مزيج التفاعل السلسلي البوليميرازي (PCR).

dH2O	4.4 µl
Buffer (10X)	1 µl
Mgcl2 (2m)	0.4 µl
dNTPs(2µm)	1 µl
PrimerF(2Pmol)	0.5 µl
PrimerR(2Pmol)	0.5 µl
Taq Polymirase(5u/µl)	0.2 µl
DNA	2 µl
Sum	10 µl

الجدول 4. البرنامج الحراري المستخدم في التفاعل السلسلي البوليميرازي حيث تختلف درجة الاتحام وفقاً لكل بادئ.

Dinaturatone دنترنة	95 c°	5 min	دورة واحدة
Dinaturatone دنترنة	95 c°	30 sec	35 دورة
Annealing التحام البادئ	متغيرة حسب البادئ	1 min	
extention إطالة	72 c°	1 min	
Final exteintion إطالة نهائية	72 c°	10 min	دورة واحدة

تم قراءة نتائج ترحيل نواتج PCR على هلامات الأغاروز بتركيز 3% بالاعتماد على مقارنة العصابات الناتجة، مع تدرجات السلم الجزيئي للمؤشر المقطع بدرجة 50Pb ذي التركيز 50ng/µl، من شركة Thermo Fisher scientific، لمعرفة الوزن الجزيئي لنواتج PCR لكل عينة كما في الشكلين (4 و 5)، ثم تسجيل ذلك وإدخال النتائج باستخدام برنامج Microsoft Office Excel, 2016 لاستخدامها في التحليل الإحصائية اللاحقة (سيد وآخرون، 2010).

1.2. تقييم التنوع الوراثي:

تم تقييم التنوع الوراثي وفق عدة معايير وهي:

✓ عدد الأليلات الملاحظة وأحجام الأليلات الناتجة عند كل مؤشر (Hedrick and Philip, 1999).

✓ تخالف اللواقح المتوقع (Expected Heterozygosity (HE):

حيث حسبت لكل مؤشر جزيئي تبعاً للمعادلة التي وضعت من قبل Vos et al., (1995).

$$HE=1-\sum pi^2$$

p نسبة تكرار الأليل i في الطرز الوراثية أو الأصناف المدروسة (وجود وعدم وجود) وتتراوح قيمة HE ما بين 0-1، وتشير القيم القريبة من 0 (عدم وجود تخالف اللواقح)، والقيم القريبة من 1 (وجود تخالف اللواقح أي وجود عدد كبير من الأليلات المتخالفة المتكررة).

✓ قوة المؤشر الجزيئي Polymorphism Information (PIC):

تعد قيمة PIC مؤشر هام للتنوع الوراثي genetic diversity index لأنها تقدر أهمية المعلومات التي تنتج عن المؤشرات الجزيئية المستخدمة في التجربة [Botstein et al, 1980]. تم حساب قيمة PIC وحسبت لكل مؤشر جزيئي تبعاً للمعادلة التالية:

$$PIC= HE *n/n-1$$

يشير الرمز HE إلى تخالف اللواقح المتوقع، أما n فهي عدد العينات الكلي، تساعد هذه القيم في تحديد مدى قوة التمييز للموقع الوراثي اعتماداً على عدد الأليلات في كل موقع، ومدى قيمة التكرار النسبي للأليلات في المجموعة المدروسة. إذا كانت القيمة PIC > 0.5 فيعتبر المؤشر الجزيئي مفيداً، وإذا كانت القيمة بين 0.25 < PIC < 0.50 فهو مقبول، وإذا كانت القيمة PIC < 0.25 فهو قليل الفائدة (Vanhalala et al., 1998).

2.2. التحليل العنقودي للعينات المدروسة:

تم التحليل العنقودي باستخدام البرنامج الإحصائي (Past version 2.17c Hammer and Harper (2013)، وإنشاء شجرة القرابة الوراثية لتحديد درجة التشابه بين العينات المدروسة، وحسبت مقاييس البعد والتشابه بين العينات، وظهرت النتائج كمصفوفة تشابه متناسقة وفق طريقة Jaccard بالمعادلة التالية:

$$d_{jk} = M / (M + N)$$

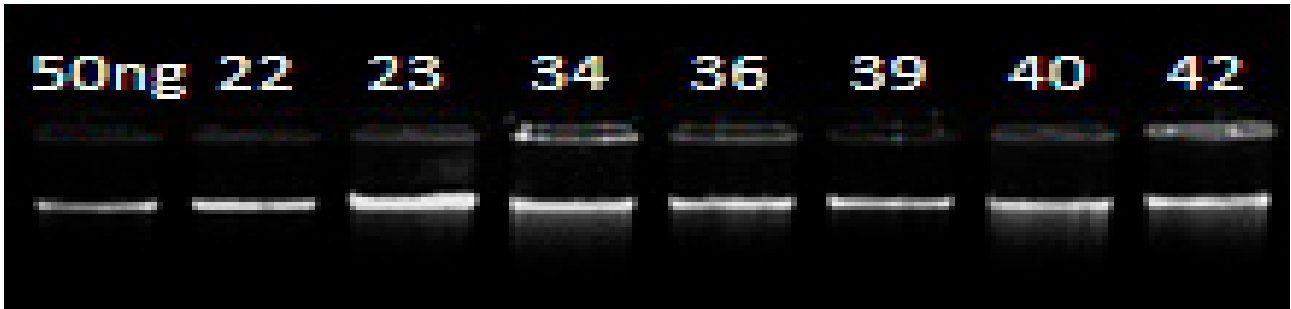
3.2. تحليل التركيب الوراثي للعينات المدروسة باستخدام برنامج Structure:

تم تقييم تركيب العينات المدروسة لاستنتاج العلاقات الوراثية بين المعز السوري، وتقييم مستوى الخلط باستخدام برنامج STRUCTURE V2.2 بالاعتماد على خوارزمية العنقدة (Pritchard *et al.*, 2000; Falush *et al.*, 2003). تم إعطاء القيم من $K = 2$ إلى $K = 10$ بقيمة فترة بدء (burn length) 1000 وقيمة فترة تشغيل (run length) MCMC 1000. تم استيراد النتائج إلى برنامج STRUCTURE HARVESTER الذي يعمل على شبكة الإنترنت لحساب القيمة الأمثل لعدد المجموعات (العناقيد K)، (Earl and Vonholdt, 2012).

النتائج والمناقشة:

1. تحديد تركيز ونوعية DNA:

تم ترحيل العينات على الأغاروز 1% بهدف تحديد تركيزها وتوحيده بما يقارب 50 ng/μl كما في الشكل (1).



الشكل 1. إحدى صور نتائج الرحلان الكهربائي للـ DNA الكلي باستخدام مؤشر جزيئي λ بتركيز 50 ng/μl.

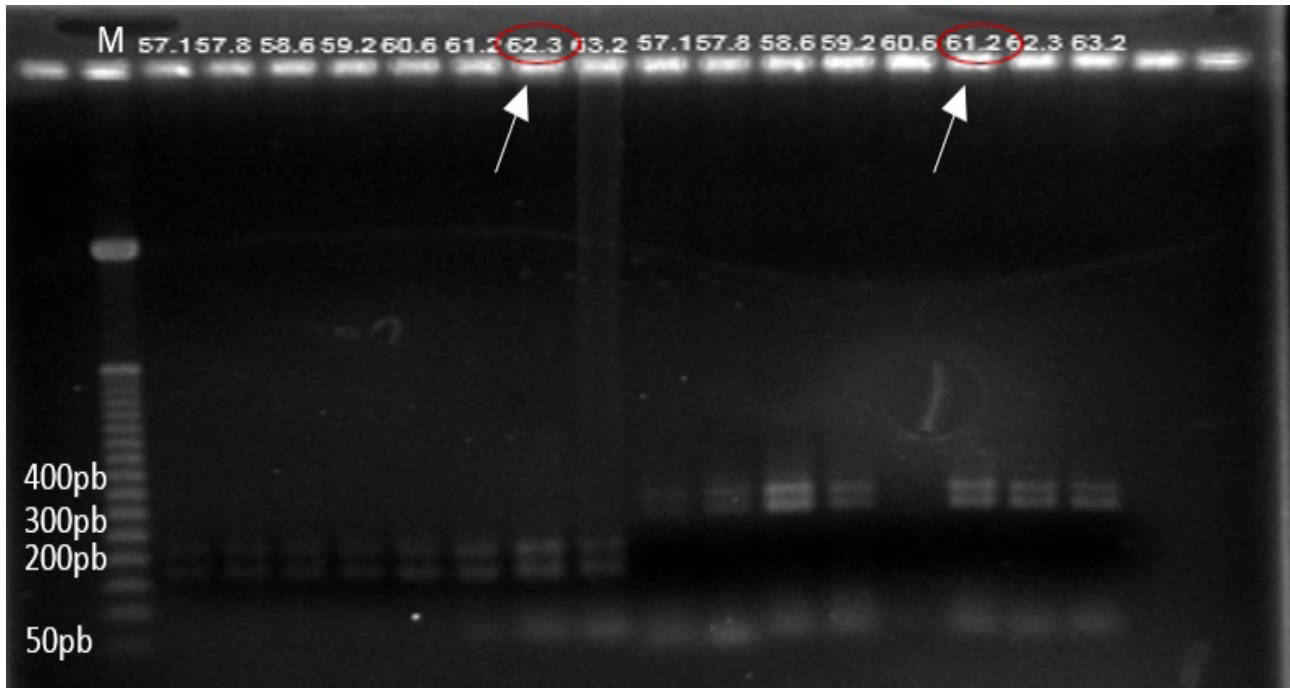
2. تطبيق تقانة التتابع البسيطة الترادفية (SSR):

تم انتقاء 7 بادئات توابع ترادفية إيجابية من البادئات العشرين المختبرة لاستخدامها في البحث، ويبين الجدول (5) اسم وخصائص المؤشرات المثبتة. ولقد كشفت البادئات السبعة المعتمدة عن تعدد شكلي (Polymorphism) بين العينات الستة، أي أعطت أحجام مختلفة لعصابات الـ DNA لذلك كانت مفيدة من أجل دراسة التنوع الوراثي. وتم استبعاد بقية البادئات التي كشفت عن تماثل شكلي monomorphism (أي كشفت عن وجود التتابع الترادفية في كافة العينات بنفس الحجم) لأنها غير مفيدة لدراسة التنوع الوراثي كما استبعدت البادئات التي لم تعمل مع الدرجات الحرارية المختلفة في الـ PCR. ثم اختبر كل بادئ فعال على عينة واحدة بطريقة الـ PCR-gradient باستخدام درجات حرارية مختلفة للبحث عن الدرجة المناسبة لالتحام البادئ (Annealing temperature)، والبرنامج المناسب لعمل البادئات على أفضل وجه كما في الشكل (2).

الجدول 5. خصائص المؤشرات المثبتة في البحث، أصل المؤشر، رقم الصبغي الذي يتوضع عليه بحسب المصدر مع درجة حرارة التطويح المقترحة والمشاهدة.

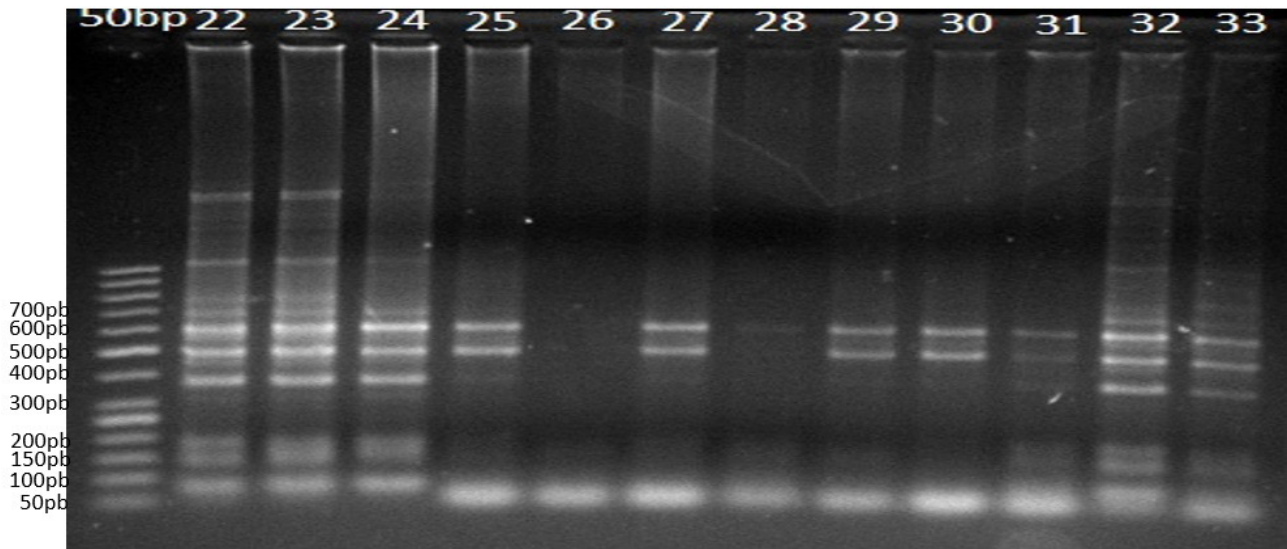
المشاهدة TM	المقترحة TM	رقم الصبغي	الأصل*	المؤشر
55	56	—	Bovine	INRAD09
55,56	56	13	Caprine	SRCRSP01
56,57	58	12	Caprine	SRCRSP9
55,56	55,56	28	Bovine	BMS1714
62	60	—	Bovine	INRAD07
61	60	14	Bovine	ILSTS11
60	60	7	Ovine	MCM527

* Ovine غنمي، Bovine بقري، Caprine ماعزي.

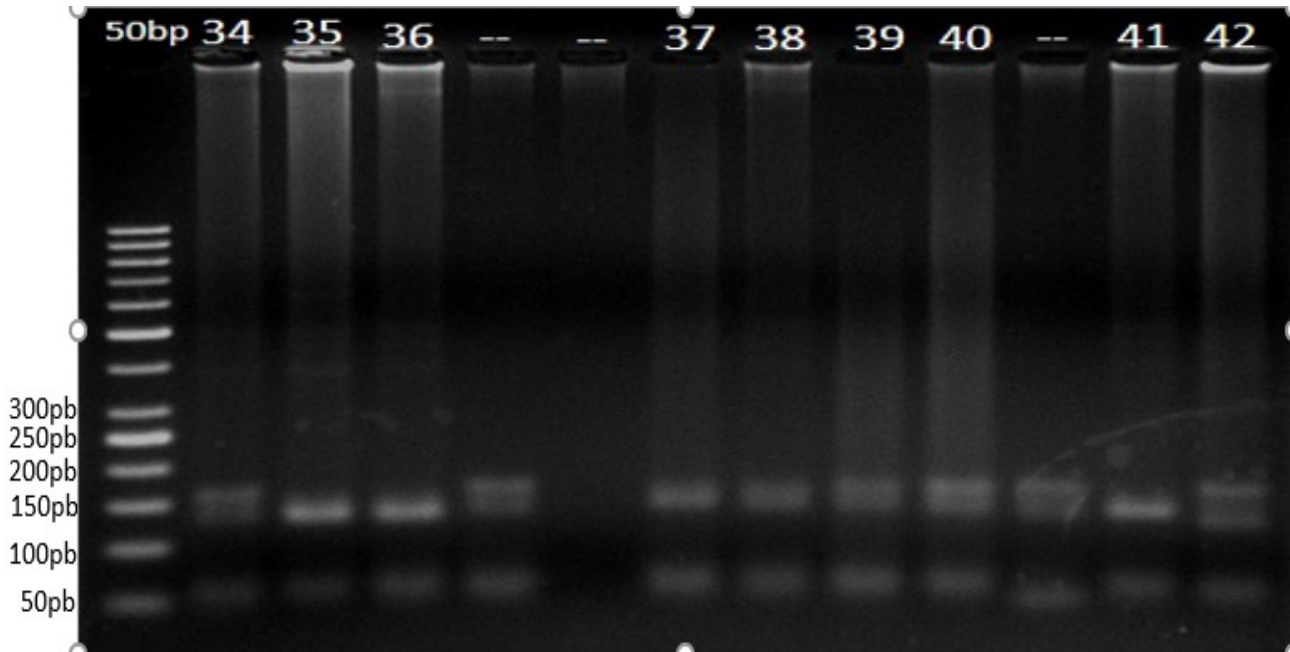


الشكل 2. نتائج البادئين المختبرين INRAD07 و ILSTS11 على عينة واحدة حيث أن الأرقام فوق كل حجرة تدل على درجة الالتحام المستخدمة لكل منها والتي تم اختيارها وفقاً لدراسات مرجعية سابقة والسهم يشير إلى درجة حرارة الالتحام الأمثل لكل بادئ.

أظهرت النتائج أن استخدام مؤشرات SSR مصممة من الأغنام والأبقار قد عكست تبايناً شكلياً polymorphism في عينات المعز المدروسة، (4 بادئات من الأبقار وبادئين من المعز وبادئ واحد من الغنم). وكان عدد الأليلات التي كشفتها البادئات المصممة من الأبقار في عينات المعز: (3,3,4,4) على التوالي، بينما كان عدد الأليلات في البادئين المصممين من المعز (8,3) أما في البادئ المصمم من الأغنام فكان عدد الأليلات 4. وهذه الدراسة تؤكد إمكانية استخدام البادئات المصممة من أحد الأنواع على عينات لأنواع أخرى قريبة منها وتنتمي للعائلة نفسها ويدل ذلك على وجود مناطق متشابهة في جينوم كل من الأبقار والمعز والأغنام، وبالتالي يمكن إعتبار تلك المؤشرات مميزة لتحت رتبة المجترات Ruminantia. وهذه النتيجة تتطابق مع ما وجدته [Maudet et al, 2001] عن إمكانية استخدام بادئات SSR مصممة من الأبقار المحلية والأغنام في دراسة المعز البري، ويوضح الشكلين (3 و 4) نواتج الـ PCR للمؤشرين الجزيئيين SRCRSP01 و SRCRSP9.



الشكل 3. إحدى صور نتائج ترحيل ناتج الـ PCR للمؤشر الجزيئي SRCRSP01.



الشكل 4. إحدى صور نتائج ترحيل ناتج الـ PCR للمؤشر الجزيئي SRCRSP9.

حيث تمثل الأرقام أفي الحجرات أرقام العينات ذات التسلسل المخبري والأرقام الجانبية تمثل أطوال حزم المؤشر القياسي.

3.تقييم التنوع الوراثي Genetic diversity Estimation:

بلغ عدد الأليلات 29 أليل باستخدام 7 مؤشرات SSR بمعدل قدره 4.1 أليل لكل موقع مورثي، وتراوح عدد الأليلات لكل موقع من 3 أليل في المواقع المورثية (SRCRSP09، INRAD07، BMS1714) إلى 8 أليلات في الموقع المورثي SRCRSP01 كما هو موضح في الجدول (6).

الجدول 6. المؤشرات الجزيئية وعدد الأليلات الملاحظة عند كل مؤشر، أحجام الأليلات الناتجة، مدى أحجام الأليلات مرجعياً ISAG/FAO,2004.

اسم المؤشر	عدد الأليلات	(bp)الوزن الجزيئي للأليلات المكتشفة مقدرةً بالزوج القاعدي	مدى أحجام الأليلات مرجعياً
INRAD09	4	140,150,170,225	-155126
SRCRSP01	8	70,150,180,380,500,600,670,1200	116-149
SRCRSP09	3	55,145,155	192125-
BMS1714	3	140,145,390	-151121
INRAD07	3	180,200,225	-151145
ILSTS11	4	265,290,300,305	256-296
McM527	4	160,185,200,210	159-183
المجموع	29		

وتراوحت نسبة تكرار الأليلات خلال كل المواقع المورثية المدروسة من 0.071429 للأليل ذي الحجم الجزيئي 210 bp للموقع المورثي McM527 إلى 0.97619 للأليل ذي الحجم الجزيئي 55 bp للموقع المورثي SRCRSP09. وكان أكبر عدد ممكن من الأليلات عند المؤشر المستخلص من المعز كما في المؤشر SRCRSP01 لذلك يعتبر الأكثر تبايناً شكلياً والسبب في ذلك قد يعود إلى خصائص SSR بأنها مؤشرات مميزة للنوع.

كشفت المؤشرات BMS1714، ILSTS011، MCM527، SRCRSP09 عن 3، 4، 4، 3 أليلات على التوالي، وبالمقارنة مع الدراسة التي قام بها (2010) Visser *et al.* لجماعات معز الأنغورا الجنوب أفريقي فقد كشفت عن 5، 7، 5، 11 أليلات على التوالي.

وفي الدراسة الحالية أظهرت المؤشرات ILSTS011، MCM527، SRCRSP09، 4، 3 أليلات على التوالي وبالمقارنة مع دراسة (2011) Hoda *et al.* فقد أظهرت المؤشرات ILSTS011، MCM527، SRCRSP09، 9، 13 أليلات على التوالي ويعود ذلك التباين إلى وجود صفات شكلية ووراثية مختلفة عن بعضها البعض.

تراوحت قيمة PIC، والتي تظهر مدى نفع المؤشر في كشفه عن التباينات الشكلية، من 0.3229 في الموقع المورثي SRCRSP09 إلى 0.5041 في الموقع المورثي BMS1714 بمعدل يساوي 0.4197 خلال كل المواقع المورثية المختارة، وتعكس هذه النتيجة أن قدرة المؤشرات المستخدمة في الكشف عن التباينات الشكلية للمعز الجبلي السوري مقبولة، إذ أن معدل قيمة PIC الإجمالية لبعض المؤشرات المستخدمة أكبر من 0.5 وهو المعيار الذي أشاروا إليه (1980) Botstein *et al.* لتحديد قيمة المؤشرات في كشف التباينات الشكلية.

ولدى دراسة كل موقع مورثي على حدة، وجد أن المؤشرات SRCRSP09 و INRAD07 و McM527 قد أظهروا قيم منخفضة نسبياً لـ PIC 0.3229 و 0.3868 و 0.3330 على التوالي. وبالتالي لا ينصح باستخدامها في الدراسات اللاحقة على المعز السوري على الرغم أن المؤشران SRCRSP09 و McM527 أعطيا قيم جيدة نسبياً لـ PIC 0.61 و 0.57 في الدراسة التي أجروها (2010) Visser *et al.* على جماعات معز الأنغورا في جنوب أفريقيا وبالتالي نستنتج بأن مؤشرات SSR يمكن أن تعطي نتائج جيدة على بعض الجماعات المدروسة ونتائج ضعيفة على جماعات أخرى.

أما المؤشرات INRAD09 و SRCRSP01 و ILSTS11 فقد أظهرت قيماً لـ PIC 0.4991، 0.4116، 8030.4، وبالنتيجة تعتبر مقبولة مقارنة بالمؤشرات السابقة. أما المؤشر ILSTS11 فقد أوضح قيمة جيدة لـ PIC 0.625 في الدراسة التي أجروها (2010) Visser *et al.* على جماعات معز الأنغورا في جنوب أفريقيا.

أما المؤشر BMS1714 فقد أظهر قيمة جيدة لـ PIC 0.5041 وبالتالي ينصح باستخدامه في الدراسات اللاحقة. كما دلّ المؤشر BMS1714 على قيمة جيدة لـ PIC 0.679 في الدراسة التي أجروها (2010) Visser *et al.* على جماعات معز الأنغورا في جنوب أفريقيا.

وتعود التباينات السابقة عند المقارنة مع بعض الدراسات إلى اختلاف الجماعات المدروسة، إذ يمتلك كل مؤشر قيمة معينة لـ PIC في كل جماعة كما في الجدول (6).

الجدول 7. عدد الأليلات ومتوسط تكرار الأليل مع تحالف اللواقح المتوقع (He) وقوة المؤشر الجيني (محتوى التعدد الشكلي PIC).

PIC	He	Allele-Frequency	Alleles NO.	LOCUS
0.4803	0.4688	0.5312	4	INRAD09
0.4116	0.4018	0.5982	8	SRCRSP01
0.3229	0.3152	0.6848	3	SRCRSP09
0.5041	0.4921	0.5079	3	BMS1714
0.3868	0.3776	0.6224	3	INRAD07
0.4991	0.4872	0.5128	4	ILSTS11
0.3330	0.3251	0.6749	4	McM527
0.4197	0.4097	0.5903	4.1	Mean

4. التحليل العنقودي للعينات المدروسة:

توزعت العينات المدروسة بناءً على بيانات المؤشرات الجزيئية إلى عنقودين أساسيين، وذلك بقطع شجرة القرابة عند قيمة معامل التشابه 0.3. توزع العنقود الأول بقطع شجرة القرابة عند قيمة معامل التشابه 0.33 إلى مجموعتين: تضمنت المجموعة الأولى 4 عينات وهي جبلي/سويداء (25، 27، 29، 30)، والمجموعة الثانية 4 عينات وهي جبلي/سويداء (26، 28) شامي/دمشق (41، 42). وتوزع العنقود الثاني بقطع شجرة القرابة عند قيمة معامل التشابه 0.32 إلى مجموعتين: تضمنت المجموعة الثالثة 3 عينات جبلي/سويداء (9) شامي دمشق (4، 1)، والمجموعة الرابعة 31 عينة وهي جبلي/سويداء (5، 21، 13، 20، 22، 23، 32، 8، 10، 19، 24، 31، 14، 16، 15، 17، 18، 6، 7، 12، 11)، شامي/دمشق (2، 3)، هجين برج العرب (39) هجين جنديرس (37، 38)، هجين/جنديرس (33، 34، 35، 36، 40) كما هو موضح في الشكل (5).

تضمنت المجموعة الأولى نمطاً واحداً فقط (4 عينات جبلي من السويداء)، والمجموعة الثانية تضمنت نمطين وهما (عينتان جبلي من السويداء وعينتان شامي من دمشق)، والمجموعة الثالثة تضمنت أيضاً نمطين وهما (عينة واحدة جبلي من السويداء وعينتان شامي من دمشق)، والمجموعة الرابعة تضمنت خمسة أنماط وهي (21 عينة جبلي من السويداء، وعينتان شامي من دمشق، وعينة واحدة هجين من برج العرب، وعينتان هجين من جنديرس، و5 عينات هجين من السويداء).

من تلك المعطيات تبين أن المعز الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء توزع على المجموعات الأربعة كما يلي: 4 عينات في المجموعة الأولى، وعينتين في المجموعة الثانية، وعينة واحدة فقط في المجموعة الثالثة، و21 عينة في المجموعة الرابعة، وبالتالي يتضح وجود تقارب وراثي بين أغلبية المعز الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى (21 عينة من أصل 28 كانت ضمن المجموعة الرابعة). وبالمقابل يوجد بعض الأفراد متباعدة عنها وراثياً لذلك توزعت على باقي المجموعات على الرغم أنها تابعة للنوع والمكان نفسه. أما المعز الشامي المأخوذ من محطة بحوث قرحتا في دمشق فتوزع على ثلاث مجموعات، حيث توزعت عينتين في كل مجموعة من المجموعات الثانية والثالثة والرابعة، وهذا يدل على وجود تباينات وراثية بين أفراد المعز الشامي التابع لمحطة بحوث قرحتا في دمشق. أما المعز الهجين التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء، فكانت العينات الخمسة ضمن المجموعة الرابعة فقط، ويدل ذلك على وجود تقارب وراثي بين تلك العينات أي ناتجة عن أصل مشترك عند التهجين بين آباء تلك الأفراد الهجينة، أما العينتين الهجنتين التابعتين لمنطقة جنديرس فكانت ضمن المجموعة الرابعة أي يوجد تقارب وراثي بينهما أيضاً. وأخيراً العينة الوحيدة الهجينة التابعة لمنطقة برج العرب كانت ضمن المجموعة الرابعة.

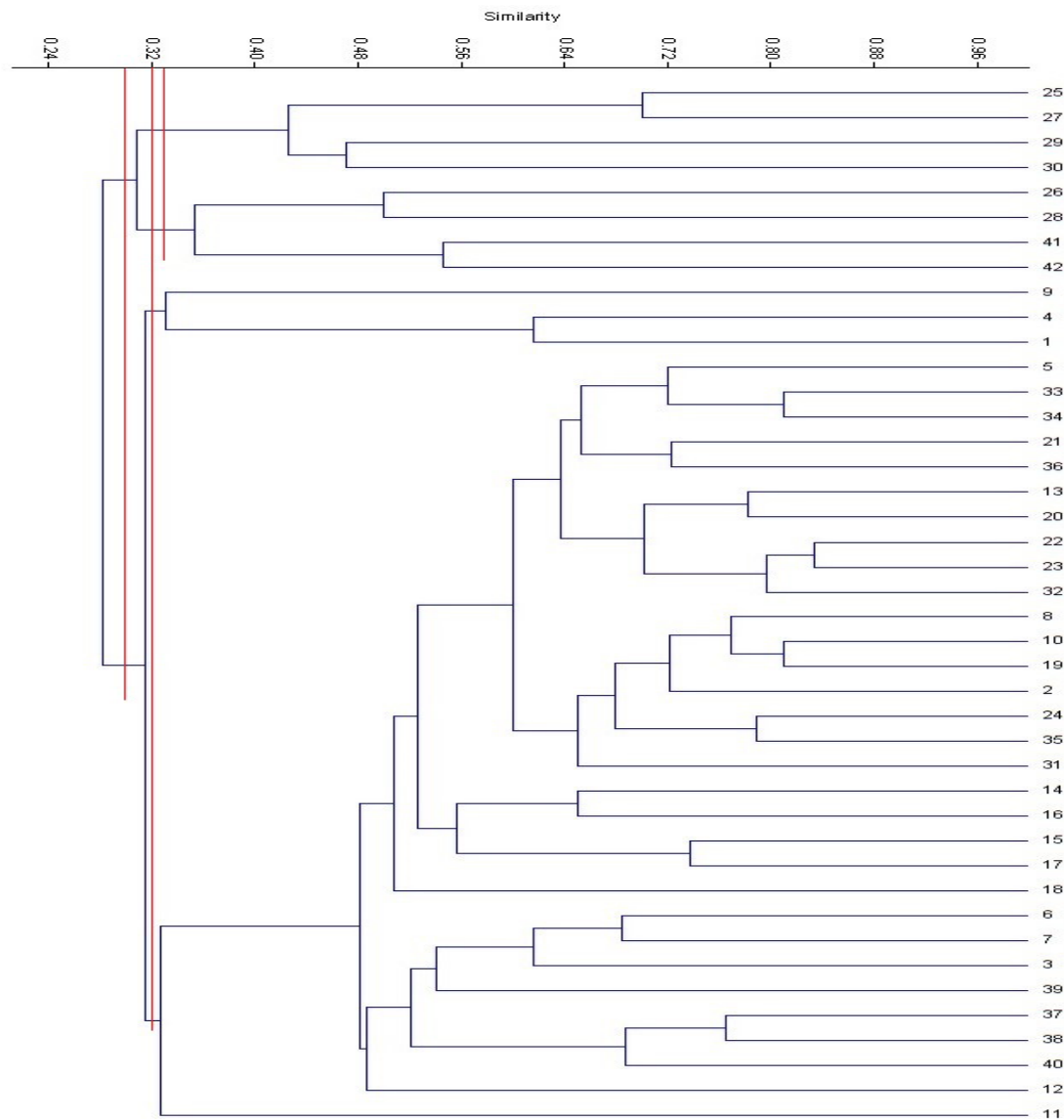
يتبين من النتائج السابقة وجود تقارب وراثي بين عينات تابعة لنوعين مختلفين، وكذلك منطقتين مختلفتين، وذلك يدل على أن تلك الأفراد ذات أصل مشترك أو على الأقل متقارب من الناحية الوراثية. وبالمقابل يوجد تباينات وراثية بين العينات التابعة للنوع والمكان ذاته، وذلك يدل على أن الأفراد الموجودة في تلك المحطات ليس بالضرورة أن تكون تابعة لسلالة واحدة فقط، بل ربما سلالتين أو أكثر متباعدة عن بعضها من الناحية الوراثية ويمكن الاستفادة من ذلك في برامج التربية فيما بعد.

أظهرت مصفوفة التشابه الوراثي الثنائية المحسوبة بالاعتماد على طريقة Jaccard أن أكبر درجة تشابه كانت 0.8333 بين العينتين (22، 23)، وأيضاً درجة التشابه ذاتها بين العينتين (23، 32)، وبالتالي هي الأفراد الأقرب لبعضها وتلك العينات من النوع الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء، ثم يليها العينتين (22، 34) بدرجة تشابه 0.8261 رغم أن العينة 22 جبلي والعينة 34 هجين وكلاهما تابعين لمحطة بحوث عرى في السويداء،

ثم يليها العينتين (10،19) من النوع الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء بدرجة تشابه 0.8095 وأيضاً درجة التشابه ذاتها بين العينتين (34،33) من النوع الهجين التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء. وبذلك نجد أن الأفراد التابعة للجبلي أو الهجين وعلى وجه الخصوص التابعة لمكان واحد تكون الأقرب لبعضها. ويفسر ذلك بأن تلك الأفراد ذات أصل مشترك أي ناتجة عن سلالة واحدة أو على الأقل من سلالتين متقاربتين وراثياً.

بينما أصغر قيمة تشابه (الأكثر بعداً) كانت 0.0588 بين العينتين (1،27)، ثم يليها العينتين (28،1) بدرجة تشابه 0.0625، ثم يليها العينتين (1،25) بدرجة تشابه 0.0714 ثم بعد ذلك العينتين (31،1) بدرجة تشابه 0.0909 حيث العينة 1 من النوع الشامي التابع لمحطة بحوث قرحتا في دمشق والعينات الأبعد عنه (25، 27، 28، 31) من النوع الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء. وبذلك يتضح أن الأفراد الأبعد وراثياً هي الأفراد التابعة لنوعين مختلفين ومكانين مختلفين (جبلي من السويداء وشامي من دمشق). ويفسر ذلك بأن تلك الأفراد ناتجة عن سلالتين مختلفتين أو متباعدين وراثياً.

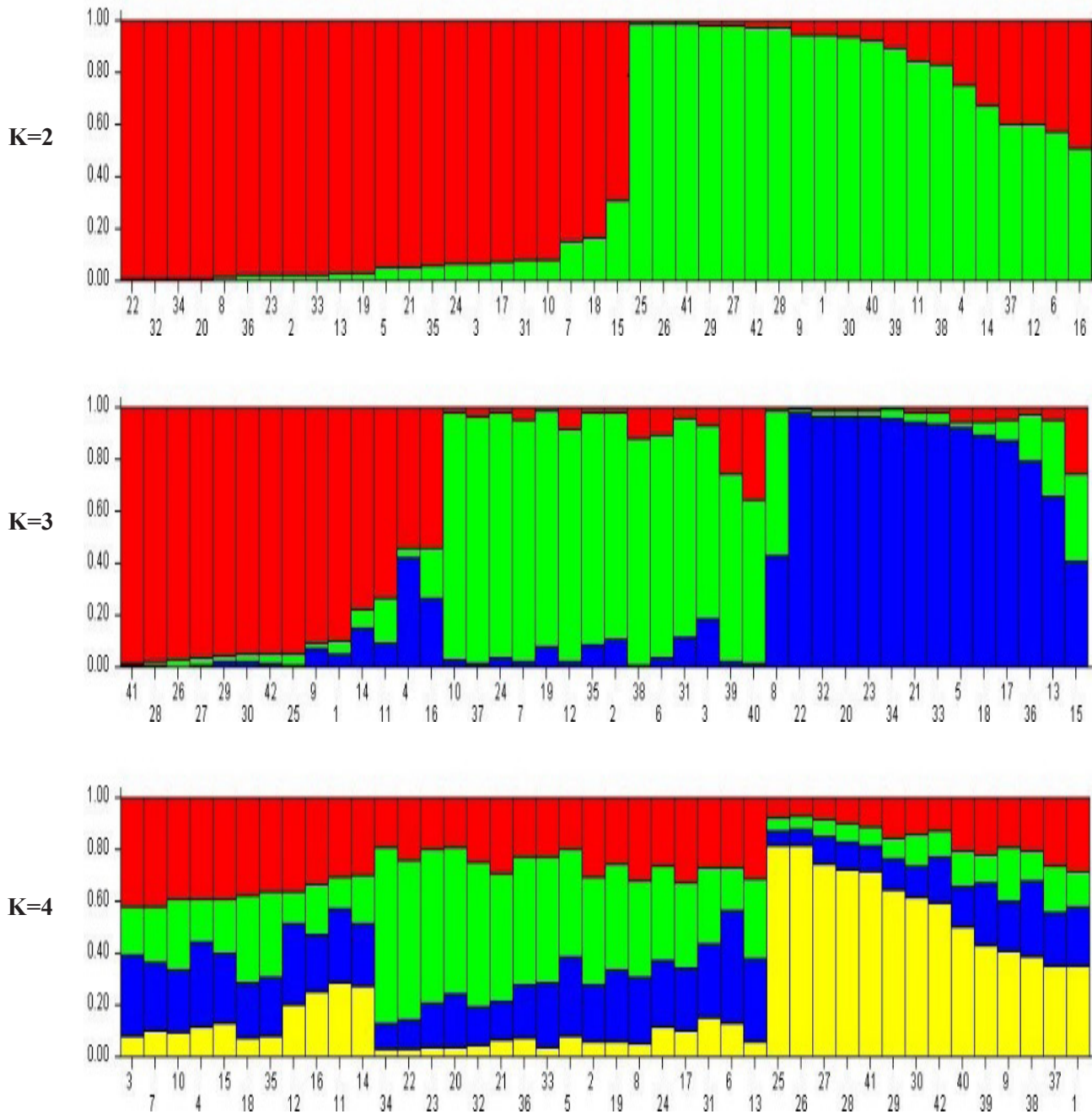
وقد يعود ذلك التباين في درجات التشابه والاختلاف بين العينات التابعة لنوع ومكان واحد أو إلى نوعين ومكانين مختلفين إلى وجود تباينات وراثية وشكلية بين تلك الأفراد، فالأفراد الأقرب إلى بعضها وراثياً ربما ذات أصل مشترك، أي ناتجة عن سلالة واحدة، أو على الأقل من سلالتين متقاربتين، والعكس صحيح بالنسبة للأفراد الأبعد عن بعضها وراثياً.



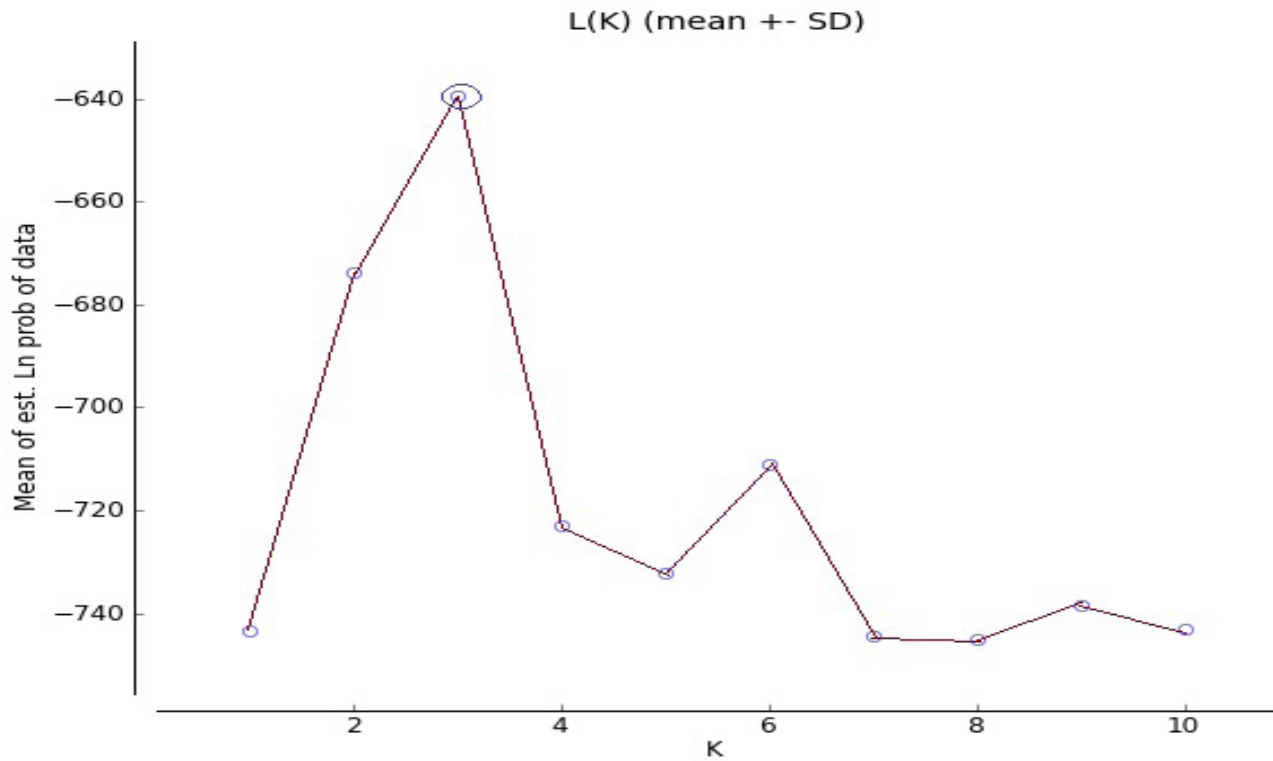
الشكل 5. مخطط شجرة القرابة الوراثية (التحليل العنقودي) المعتمدة على طريقة Jaccard.

5. تحليل التركيب الوراثي للعينات المدروسة باستخدام برنامج Structure:

تم تحليل التركيب الوراثي لمجموعات المعز السوري باستخدام برنامج STRUCUTRE (Pritchard *et al.*, 2000)، ويتراوح عدد العناقيد المتوقعة (K) من 1 إلى 10. يبين الشكل (6) مخطط الخلط لعينات المعز السوري K=2 إلى K=4.



الشكل 6. التركيب الوراثي لنحو 42 عينة من المعز السوري الناتجة عن بيانات مؤشرات SSR، وقيمة ΔK حسب عند $K=3$.



الشكل 7. مخطط تقدير عدد المجموعات لـ 42 عينة من المعز السوري باستخدام ΔK وقيم K من 1 إلى 10 وفق الطريقة المقترحة من [Evanno et al,2005].

تم توزيع 42 عينة وفقاً لقيمة K الأمثل إلى ثلاث مجموعات (الشكل 8) كل مجموعة لها لون مميز (A, B, C). عند $K=3$. أظهر المخطط ثلاث مجموعات من العينات ذات الألوان (أحمر، أخضر، أزرق) (الشكل 6)، المجموعة الأولى ذات اللون الأحمر تضمنت 14 عينة، من بينها عينة واحدة فقط متجانسة وهي العينة 41 شامية من دمشق، و 4 عينات ذات خلط مع المجموعة الثانية (ذات اللون الأخضر) وهي (25، 26، 27، 28 جبليّة من السويداء)، و 9 عينات ذات خلط مع كلا المجموعتين وهي (1، 4، 42 شامية من دمشق، 9، 11، 14، 16، 29، 30، جبليّة من السويداء). والمجموعة الثانية ذات اللون الأخضر تضمنت 15 عينة، من بينها 4 عينات ذات خلط مع المجموعة الثالثة (ذات اللون الأزرق) وهي (8، 10، 19، 24 جبليّة من السويداء) و 3 عينات ذات خلط مع المجموعة الأولى (ذات اللون الأحمر) وهي (37، 38 هجينة من جنديرس، 40 هجينة من السويداء)، و 8 عينات ذات خلط مع كلا المجموعتين وهي (2، 3 شامية من دمشق، 6، 7، 12، 31 جبليّة من السويداء، 35 هجينة من السويداء، 39 هجينة من برج العرب)، أما المجموعة الثالثة ذات اللون الأزرق تضمنت 13 عينة، من بينها عينة واحدة فقط متجانسة وهي 22 جبليّة من السويداء، وعينة واحدة ذات خلط مع المجموعة الثانية (ذات اللون الأخضر) وهي 34 هجينة من السويداء و 11 عينة ذات خلط مع كلا المجموعتين وهي (5، 13، 15، 17، 18، 20، 21، 23، 32 جبليّة من السويداء، 33، 36 هجينة من السويداء).

الجدول 8. المجموعات الناتجة عن تحليل التركيب الوراثي عند $k=3$.

المجموعة	الخط	العينات
الأولى (الأحمر) عينة 14	متجانسة	(41) شامية/دمشق
	مع الثانية	(25، 26، 27، 28) جبليّة/سويداء
	مع الثالثة	-----
	مع الاثنتين	(1، 4، 42) شامية/دمشق
		(9، 11، 14، 16، 29، 30) جبليّة/سويداء
الثانية (الأخضر) عينة 15	متجانسة	-----
	مع الأولى	(37، 38) هجينة/جنديرس
		(40) هجينة/سويداء
	مع الثالثة	(8، 10، 19، 24) جبليّة/سويداء
	مع الاثنتين	(2، 3) شامية/دمشق
		(6، 7، 12، 31) جبليّة/سويداء
		(35) هجينة سويداء
		(39) هجينة/برج العرب
	الثالثة (الأزرق) عينة 13	متجانسة
مع الأولى		-----
مع الثانية		(34) هجينة/سويداء
مع الاثنتين		(5، 13، 15، 17، 18، 20، 21، 23، 32) جبليّة/سويداء
		(33، 36) هجينة/سويداء

كما هو موضح بالجدول (8) تضمّنت المجموعة الأولى ذات اللون الأحمر نمطين من العينات (شامية من دمشق وجبليّة من السويداء) وجميعهم يشتركون بالأصل مع عينات أخرى ويفسر ذلك بأن تلك العينات المشتركة بالأصل ناتجة عن لجوء المربين إلى التهجين ما بين السلالات بهدف تحسين الصفات المرغوبة فيما بينها عبر الزمن باستثناء عينة واحدة متجانسة وهي شامية من دمشق أي تلك العينة من المحتمل ناتجة عن آباء نقية وتابعة لسلالة غير خاضعة لعمليات التهجين.

أما المجموعة الثانية فهي الأكثر تنوعاً من تلك المجموعات، وتضمّنت جميع الأنماط المدروسة (جبليّة وهجينة من السويداء وشامية من دمشق وهجينة من جنديرس وهجينة من برج العرب) وكانت كل تلك الأنماط مشتركة بالأصل مع عينات أخرى ويفسر ذلك بأن أغلب تلك العينات خاضعة للتهجين ضمن المحطة ذاتها ومحطات أخرى بهدف تحسين تلك الأنواع الموجودة ضمن القطر العربي السوري.

أما المجموعة الثالثة تضمّنت نمطين من العينات (جبليّة وهجينة من السويداء) والملفت بذلك أنّ جميعها من السويداء وكانت مشتركة بالأصل مع عينات أخرى وهذا يدلّ على أنّ تلك الأفراد خاضعة أيضاً لعمليات التهجين مع سلالات أخرى لتحسين الصفات المرغوبة باستثناء عينة واحدة فقط جبليّة والتي كانت نقية وغير مشتركة مع المجموعات الأخرى.

ومن تلك المعطيات في الجدول (8) يتّضح أنّ 28 عينة من المعز الجبلي التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء توزع على المجموعات الثلاث (10 عينات في المجموعة الأولى، 8 عينات في الثانية، 10 عينات في الثالثة وعينة واحدة منها فقط نقية)، ورغم أنها تابعة للنوع والمكان ذاته توزعت على ثلاث مجموعات مختلفة وهذا يدلّ على أنها سلالات متباينة وراثياً أي ناتجة عن آباء تابعة لنفس النوع ولكن ذات أصول وراثية متباينة، أما العينات الستة للمعز الشامي التابع لمحطة بحوث قرحتا في دمشق فتوزعت على مجموعتين (4 عينات في المجموعة الأولى واحدة منهم فقط كانت نقية، وعينتين في المجموعة الثانية)، وهذا يدلّ أيضاً على وجود تباينات وراثية فيما بينها،

أما العينات الخمسة للمعز الهجين التابع لمحطة بحوث عرى في السويداء توزعت على مجموعتين (عينتين في المجموعة الثانية وثلاث عينات في المجموعة الثالثة)، أما العينتين الهجنتين التابعتين لمنطقة جنديرس فكانت ضمن المجموعة الثانية وبالتالي متقاربتان وراثياً وكذلك العينة الوحيدة الهجينة التابعة لمنطقة برج العرب كانت ضمن المجموعة الثانية. ومن تلك النتائج نجد أنّ عينتين فقط نقية و 40 عينة (95.24% من المجموع الكلي) ذات أصل مشترك ($\alpha = 0.1104$). وهذا يدلّ على أنّ أغلب مجتمعات المعز الموجودة في البلد غير نقية ويجب أن يكون هناك برامج تربية مدروسة تحافظ على الأفراد النقية المتبقية ضمن البلد وعدم إدراجها ضمن برامج التهجين وخاصة إذا كانت غير مخطط لها أو مدروسة. أكدت النتائج التي تمّ الحصول عليها من خلال تحليل Structure إلى حد كبير نتائج تحليل العنقدة وفق طريقة Jaccard والتي بينت توزع عينات المعز ضمن مجموعات مختلفة وهذا يؤكد كفاءة البادئات المستخدمة في كشف التباين الوراثي بين الطرز المدروسة، كما أظهرت ارتباطاً واضحاً بين تركيب المدخلات والمناطق التابعة لها تلك الأفراد.

الاشتراك في المصادر الوراثية بين المربين أو بسبب الاستخدام المتكرر لسلاسل ذات صفات مرغوبة هي الأسباب الأكثر منطقية للأصول المشتركة (Van Esbroeck and Bowman, 1998). ففي الدراسة الحالية، تم توزيع معظم التراكيب الوراثية ذات الأصل المشترك مع بعضها البعض. ومع ذلك، كان هناك عدد قليل من التباينات كما في بعض التراكيب الوراثية التي لم تتوزع وفقاً للأصل المتوقع. من المحتمل أنّ التهجين بين أفراد المعز أو أحياناً الخلط أو التلقيح المتبادل بين المحطات قد يكون سبباً آخر للتخالف مع الأصل المتوقع. وبناءً على تلك النتائج فإنّ سلالات المعز المحلية السورية قد تتحدر من نفس الأصل.

الاستنتاجات:

- أظهرت الدراسة أنّه يمكن استخدام البادئات المصممة من أحد الأنواع على عينات لأنواع أخرى قريبة منها ويدلّ ذلك على وجود مناطق متشابهة في جينوم كلٍّ من الأبقار، والمعز، والأغنام، وبالتالي يمكن اعتبار تلك المؤشرات مميزة لتحتمل رتبة المجترات.
- أكبر عدد ممكن من الأليلات تمّ كشفه عند المؤشر الجزيئي المستخلص من المعز كما في المؤشر SRCRSP01 لذلك يُعدّ الأكثر تبايناً شكلياً والسبب في ذلك قد يعود إلى خصائص SSR بأنها مؤشرات مميزة للنوع.
- مؤشرات SSR يمكن أن تعطي نتائج جيدة على بعض الجماعات المدروسة ونتائج ضعيفة على جماعات أخرى، أي يمتلك كلّ مؤشر قيمة معينة PIC تختلف ما بين الأنواع والجماعات والمناطق والبلدان.
- وجود تقارب وراثي بين عينات تابعة لنوعين مختلفين، وكذلك منطقتين مختلفتين، وذلك يدلّ على أن تلك الأفراد ذات أصل مشترك أو على الأقل متقارب من الناحية الوراثية، وبالمقابل يوجد تباينات وراثية بين العينات التابعة للنوع والمكان ذاته، وذلك يدلّ على أنّ الأفراد الموجودة في تلك المحطات ليس بالضرورة أن تكون تابعة لسلالة واحدة فقط، بل ربما سلالتين أو أكثر متباعدة عن بعضها من الناحية الوراثية، ويمكن الاستفادة من ذلك في برامج التربية فيما بعد.
- الأفراد التابعة لنوع واحد الجبلي أو الشامي أو الهجين وعلى وجه الخصوص التابعة لمكان واحد، تكون الأقرب لبعضها وراثياً، ويفسر ذلك بأن تلك الأفراد ذات أصل مشترك أي ناتجة عن سلالة واحدة، أو على الأقل من سلالتين متقاربتين وراثياً. وبالمقابل الأفراد الأبعد وراثياً هي الأفراد التابعة لنوعين مختلفين ومكانين مختلفين، ويفسر ذلك بأن تلك الأفراد ناتجة عن سلالتين مختلفتين أو متباعدتين وراثياً.
- أوضحت النتائج أنّ عينتين فقط نقيتان و 40 عينة (95.24% من المجموع الكلي) ذات أصل مشترك ($\alpha = 0.1104$). وهذا يدلّ على أنّ أغلب مجتمعات المعز الموجودة في البلد غير نقية، ويجب أن يكون هناك برامج تربية مدروسة تحافظ على الأفراد النقية المتبقية ضمن البلد، وعدم إدراجها ضمن برامج التهجين، وخاصة إذا كانت غير مخطط لها أو مدروسة.
- الاشتراك في المصادر الوراثية بين المربين، أو بسبب الاستخدام المتكرر لسلاسل ذات صفات مرغوبة، هي الأسباب الأكثر منطقية للأصول المشتركة. وبالمقابل التهجين بين أفراد المعز، أو أحياناً الخلط أو التلقيح المتبادل بين المحطات، قد يكون سبباً آخر للتخالف مع الأصل المتوقع. وبناءً على تلك النتائج فإنّ سلالات المعز المحلية السورية قد تتحدر من الأصل نفسه.
- يمكن أن تكشف تقانة SSR عن التباينات الوراثية المختلفة سواء بين الأنواع المختلفة، أو بين الجماعات المختلفة، وحتى يمكن أن تظهر التباينات الوراثية بين نوع واحد مأخوذ من جماعة واحدة.
- تقانة SSR أظهرت تعددية شكلية كبيرة في إظهار التباينات بين عينات المعز المدروسة، ونوصي بالتوسع الأكبر للتقانات الحيوية في مجال الإنتاج الحيواني، بالإضافة إلى إجراء دراسات أوسع لربط التوصيف الجزيئي مع التوصيف المورفولوجي ليتمكن المربون من انتخاب السلالات المرغوبة من الناحية الوراثية والمورفولوجية.

المراجع:

- سيد، محمود هيثم (2001). استخدام مؤشرات من الدنا DNA في انتخاب مورثات المقاومة للأمراض في الشعير. رسالة دكتوراه، كلية الزراعة، جامعة دمشق، دمشق، سورية.
- سيد، محمود هيثم ومحمد الخطيب وفاطمة عبد الفتاح (2010). التوصيف الجزيئي لأغنام العواس السورية باستخدام تقانة التتابع البسيطة الترادفية (SSR). مجلة بحوث جامعة حلب، سلسلة العلوم الأساسية، (70): 148-131.
- Aljumaah, R.S.; M.M. Musthafa; M.A. Al-Shaikh; O.M. Badri; and M.F. Hussein (2012). Genetic diversity of Ardi goat based on microsatellite analysis. *African Journal of Biotechnology*. 11(100):16539-16545.
- Arevalo, E.; D.A. Holder; J.N. Derr; E. Bhebhe; R.A. Linn; F. Ruvuna; S.K. Davis; and J.F. Taylor (1994). Caprine microsatellite dinucleotide repeat polymorphisms at the SR-CRSP-1, SR-CRSP-2, SR-CRSP-3, SR-CRSP-41 and SR-CRSP-5 loci. *Animal genetics*. 25(3):202-202.
- Bhebhe, E.; J. Kogi; D.A. Holder; E. Arevalo; J.N. Derr; R.A. Linn; F. Ruvuna; S.K. Davis; and J.F. Taylor (1994). Caprine microsatellite dinucleotide repeat polymorphisms at the SR-CRSP-6, SR-CRSP-7, SR-CRSP-8, SR-CRSP-9 and SR-CRSP-10 loci. *Animal genetics*. 25(3):203-203.
- Bishop, M.D.; S.M. Kappes; J.W. Keele; R.T. Stone; S.L. Sunden; G.A. Hawkins; S.S. Toldo; R. Fries; M.D. Grosz; and J. Yoo (1994). A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, 136(2):619-639.
- Botstein, D.; R.L. White; M. Skolnick; and R.W. Davis (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*. 32(3):314.
- Brezinsky, L.; S.J. Kemp; and A.J. Teale (1993). Five polymorphic bovine microsatellites (ILSTS010-014). *Animal Genetics*. 24(1):75-76.
- Buchanan, F.C.; and A.M. Crawford (1992). Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF70 locus. *Animal genetics*. 23(2): 185-185.
- Crawford, A.M.; K.G. Dodds; A.J. Ede; C.A. Pierson; G.W. Montgomery; H.G. Garmonsway; A.E. Beattie; K. Davies; J.F. Maddox; and S.W. Kappes (1995). An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. *Genetics*. 140(2):703-724.
- Earl, D.A. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources*. 4(2):359-361.
- Evanno, G.; S. Regnaut; and J. Goudet (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*. 14(8): 2611-2620.
- Falush, D.; M. Stephens; and J.K. Pritchard (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*. 164(4): 1567-1587.
- Fernández, M.H.; and E.S. Vrba (2005). A complete estimate of the phylogenetic relationships in Ruminant: a dated species-level super tree of the extant ruminants. *Biological Reviews*. 80(2):269-302.
- Hassen, H.; B. Rischkowsky; A. Termanini; G. Jessry; A. Haile; M. Baum; and S. Lababidi (2016). Morphological and molecular genetic diversity of Syrian indigenous goat populations. *African Journal of Biotechnology*. 15(18):745-758.
- Hedrick, Philip W. "Antagonistic pleiotropy and genetic polymorphism: a perspective." *Heredity* 82, no. 2 (1999): 126-133.
- Hoda, A.; G. Hyka; S. Dunner; G. Obexer-Ruff; and E. Consortium (2011). Genetic diversity of Albanian goat breeds based on microsatellite markers. *Archivos de Zootecnia*. 60(231).
- Hulme, D.J.; J.P. Silk; J.M. Redwin; W. Barendse; and K.J. Beh (1994). Ten polymorphic ovine microsatellites. *Animal Genetics*. 25(6):434-435.

- ISAG/FAO Standing Committee (2004). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite markers.
- Kemp, S.J.; L. Brezinsky; and A.J. Teale (1993). ILSTS008: a polymorphic bovine microsatellite. *Animal Genetics*. 24(1):74-74.
- Kemp, S.J.; O. Hishida; J. Wambugu; A. Rink; A.J. Teale; M.L. Longeri; R.Z. Ma; Y. Da; H.A. Lewin; and W. Barendse (1995). A panel of polymorphic bovine, ovine and caprine microsatellite markers. *Animal Genetics*. 26(5):299-306.
- Kossarek, L.M.; W.M. Grosse; A.B. Dietz; J.E. Womack and R.A. McGraw (1993). Rapid communication: bovine dinucleotide repeat polymorphism RM004. *Journal of Animal Science*. 71(11):3175-3175.
- Manceau, V.; L. Després; J. Bouvet; and P. Taberlet (1999). Systematics of the genus *Capra* inferred from mitochondrial DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 13(3):504-510.
- Maudet, C.; G. Luikart; and P. Taberlet (2001). Development of microsatellite multiplexes for wild goats using primers designed from domestic Bovidae. *Genetics Selection and Evolution*. 33, p.S.193.
- Moore, S.S.; K. Byrne; K.T. Berger; W. Barendse; F. McCarthy; J.E. Womack; and D.J.S. Hetzel (1994). Characterization of 65 bovine microsatellites. *Mammalian Genome*. 5(2):84-90.
- Mullis, K.; F. Faloona; S. Scharf; R.K. Saiki; G.T. Horn; and H. Erlich (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology* [51: 263-273]. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Pritchard, J.K.; M. Stephens; and P. Donnelly (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155(2):945-959.
- Rafalski, J.A.; J.M. Vogel; M. Morgante; W. Powell; C. Andre; and S.V. Tingey (1996). Generating and using DNA markers in plants. In *Nonmammalian Genomic Analysis*. 75-134.
- Ropiquet, A.; and A. Hassanin (2005). Molecular phylogeny of caprines (Bovidae, Antilopinae): the question of their origin and diversification during the Miocene. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*. 43(1):49-60.
- Saghai-Marouf, M.A.; K.M. Soliman; R.A. Jorgensen; and R.W. Allard (1984). Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 81(24):8014-8018.
- Saiki, R.K.; S. Scharf; F. Faloona; K. Mullis; G.T. Hoorn; and N. Arnheim (1985). Polymerase chain reaction. *Science*. 230:1350-1354.
- Soysal, M.I.; Y.T. Tuna; E. Ozkan; E.K. Gurhan; I. Togan; and V. Altunok (2005). Study on the wool characteristics of several Turkish sheep breeds according to Microsatellite DNA type. *Pak. J. Biol. Sci.*, 8:186-189.
- Vaiman, D.; D. Mercier; K. Moazami-Goudarzi; A. Eggen; R. Ciampolini; A. Lépingle; R. Velmala; J. Kaukinen; S.L. Varvio; P. Martin; and H. Lévéziel (1994). A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome*. 5(5):288-297.
- Van Esbroeck, G.; and D.T. Bowman (1998). Cotton germplasm diversity and its importance to cultivar development. *Journal of Cotton Science*.
- Vanhala, T.; M. Tuiskula-Haavisto; K. Elo; J. Vilkki; and A. Maki-Tanila (1998). Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science*. 77(6):783-790.

- Visser, C.; R.P.M.A. Crooijmans; and E.V.M. Köster (2010). A genetic linkage map for the South African Angora goat. *Small Ruminant Research*. 93(2):171-179.
- Vos, P.; R. Hogers; M. Bleeker; M. Reijans; T.V.D. Lee; M. Hornes; A. Friters; J. Pot; J. Paleman; M. Kuiper; and M. Zabeau (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*. 23(21):4407-4414.
- White, T.J.; R. Madej; and D.H. Persing (1992). The polymerase chain reaction: clinical applications. In *Advances in clinical chemistry*. 29:161-196).
- Yeb, C.C.; J.K. Kogi; M.T. Holder; T.M. Guerra; S.K. Davis; and J.F. Taylor (1997). Caprine microsatellite dinucleotide repeat polymorphisms at the SR-CRSP 21, 22, 23, 24, 25, 26 and 27 loci. *Animal Genetics*. 28(370):1.

Molecular Characterization of Jabali Goats Using SSR

Hessain Ekkeh^{* (1)} Ghinwa Lababidi⁽¹⁾ Hussien Alzubi⁽²⁾ Moatasembellah Dekker⁽²⁾

(1). Department of Biotechnology, Faculty of Technical Engineering, Aleppo University, Aleppo, Syria.

(2). General Commission for Scientific Agricultural Research (GCSAR), Damascus, Syria.

(*Corresponding author: Eng. Hessain Ekkeh. E-Mail: HessainEkkeh@gmail.com).

Received: 23/04/2018

Accepted: 16/06/2018

Abstract

The wide geographical spread and the exponential growth of the numbers of goats around the world clearly demonstrate the ability of these ruminants to adapt to harsh climates and grazing land. The aim of this study was to assess the genetic diversity of 42 samples of Syrian goats from many domestication stations including Jabali, Shami and hybrid (hybridization between both Shami and Jabali). The study was done by DNA extraction of these samples, application of SSR technology using 7 microstellite markers. The alleles number of markers were 29 alleles, at a rate of 4.1 allele for each genetic locus. The number of alleles of each locus ranged from 3 alleles in genetically markers (BMS1714, INRAD07, SRCRSP09) to 8 alleles at the genetic marker SRCRSP01. The rate of allele-frequency across all studied genetic sites ranged from 0.071429 with the molecular size of 210 bp for the McM527 genetic site to 0.97619 with a molecular size of 55 bp for the SRCRSP09 genetic site.

Key words: Goat, Molecular Characterization, Molecular Markers, Genetic diversity, SSR.