استمارة مستخلصات رسائل الماجستير والدكتوراه في جامعة البصرة

الكلية: الزراعة **اسم الطالب: جعفر محمد عويد**

القسم: الثروة الحيوانية **اسم المشرف: أ. م. د. طالب أحمد جايد**

التخصص:وراثة/ وراثة جزيئية **الشهادة: ماجستير**

عنوان الرسالة:

دراسة التشابه الوراثي بين سلالات الأغنام العراقية باستخدام تقنيات التتابعات الدقيقة (Microsatellites) والتفاعل السلسلي للبوليمريز (Polymerase Chain Reaction-PCR)

ملخصالرسالة:

أخذت عينات الدم من سلالة العرابي في المنطقة الجنوبية(محافظةالبصرة)،سلالة العواسيفي المنطقة الوسطى(محافظة القادسية)، سلالة الحمداني في المنطقة الشمالية (محافظة نينوى) و سلالة الكرادي في المنطقة الشمالية ايضا (محافظة السليمانية). اجريت هذه الدراسة في مختبر الهندسة الوراثية، كلية الزراعة، جامعة البصرة، سحبت نماذج الدم من الوريد الوداجي للحيوانات بمقدار 5 مل لكل عينة. استخلص DNA باستعمال Kit المجهز من شركة Invitrogen` الامريكية. قيست كمية DNA لكل عينة بوساطة جهاز Nano drop المجهز من شركة Thermo scientific الأمريكية. وهدفت الدراسة الحالية إلى قياس التنوع الوراثي والتشكل الوراثي لسلالات الاغنام العراقية بتقنية التتابعات الدقيقة. تم جمع ثمانون عينة لإجراء هذهالدراسة من دم الاغنام ليس بينها درجة قرابة. تم استعمال 15واسم لتقنية التتابعات الدقيقة Microsatellites(**BM1258** ، **BM1818** ،**BM6444** **CSSM47**،**OARJMP8** ،**OARVH72**،**,OarFCB304 OARCP34,OARHH35,OARCP20** ,**TGLA137**،**ILSTS029** ,**OarAE129** ،**ILSTS005**، **CSSM31and**،)**CSSM31**).أجريت تجارب تقنية التفاعل التسلسلي للبوليمريز Polymerase Chain Reaction–PCRلهذه الواسمات. تتلخص نتائج الدراسة بما يلي: أنَّ جميع الواسمات الوراثية المستعملةالجزيئية أدت إلى تضخيم الشريط الوراثي لكل سلالات الاغنام العراقية وانتجت مقاطع جينية.اعطت تشكل وراثي جديد في كل العينات المفحوصة باستثناء الواسم CSSM47 لم يظهر أي تشكل وراثي في جميع السلالات. وبذلك يمكن عدَّه واسم واطئ المعلومات الوراثية Low information marker. كان هناك تباين وراثي واضح بين الواسمات الجزيئية المستخدمة و بين السلالات المدروسة، كان المجموع الكلي لعدد الاليلات و لكل الواسمات الجزيئية 494 بتكرار اليلي تراوح من 0.025–0.225 و تراوح حجم الاليلات من 27–221 زوج قاعدي. أعطى الواسم OARCP20أعلى تشكل وراثي،إذ نتج عنه 28اليلاوبحجم تراوح بين 38–176زوج قاعدي، في حين انتج الواسم OARCP34 فقط 16اليلا و بحجم تراوح من 65–122 زوج قاعدي. كانت قيم الخلط الاليلي المشاهد Hoلجميع الواسمات و السلالات واحد. أما بالنسبة لقيمة الخلط الاليلي المتوقع Heللواسمات المدروسة فقد تراوحت من 0.766إلى 0.939. درست صفة الرقم المؤثر للأليلات (Effective number of alleles -Ne) في كل السلالات و كذلك صفة محتوى التشكل الوراثي و التربية الداخلية و قيس الاختلاف الوراثي بين السلالات المدروسة من خلال صفة المسافة الوراثية بين السلالات المدروسة. تبينان قيمة التربية الداخلية كانت سالبة واقل من الصفر في جميع السلالات ولجميع الواسمات المدروسة. وهذه القيمة تعني غياب الكامل للتربية الداخلية للعشائر المدروسة. لقياس الاختلاف الوراثي بين السلالات المدروسة، استخدمنا التدفق الجيني بين تلك السلالات. لوحظت اعلى قيمة للتدفق الوراثي بين سلالة العرابي و الحمداني (0.9622).

College: Agriculture **Name of student: Jaafar M. Owaid**

Dept: Animal production **Name of supervisor: Prof. Talib Ahmed Jaayid**

Certificate: Master Digree **Specialization: Genetics/ Molecular Genetics**

Study of genetic similarity among Iraqi sheep breeds using microsatellites and PCR techniques

Blood samples were collected from unrelated of Arabi breed from south region (Basrah province), Awasi breed from the middle east (Al-Qadessia province), Hamdani breed from north region (Nenva province) and Karadi breed from also north region (Sulaimaniay province). This study was conducted in the of Genetic Engineering lab., College of Agriculture, University of Basrah. Blood samples was drawn from the jugular vein of the animals by 5 ml per sample. DNA was extracted using Kit from Invitrogen company, U.S.A. Measured the amount of DNA per sample by using Nano drop (Thermo Scientific company, U.S.A.) to determine the size of the sheep genome (the amount of DNA in ng / µl). The aim of the study was to measure the genetic diversity and polymorphism for Iraqi sheep breed, 80 blood of Iraqi sheep breed. DNA extraction was done on 14 microsatellite markers (**BM12581818 BM‹BM6444 ‹ILSTS005 ‹ILSTS029 ,OarAE129‹,OarFCB304 OARCP34,OARHH35,OARCP20 ,TGLA137‹OARVH72 ‹OARJMP8‹CSSM47‹ (CSSM31**) and the polymerase chain reaction –PCR was done. All microsatellites tested amplified the Iraqi sheep breed DNA and produced a PCR fragments and generated novel and polymorphic DNA fragments in all tested samples with the exception **of** CSSM47which filled to produce amplifiable DNA. There was a differences among the genetic markers used in this study and breeds, A total of **494** alleles were obtained for molecular markers with allele frequency ranged from **0.025** to **0.225** with alleles ranging in size from **27** to **221bp**.OARCP20 marker gave the highest genetic polymorphism (28 alleles) and the size ranged between 38-176 bp, while the marker OARCP34 produced only 16 alleles ranged from 65-122 base pairs. A values of observed heterozygousity - **Ho** for all markers and all breeds were one, while the values of the expected heterozygousity –**He** for the studied markers ranged from **0.766 to 0.939**.Effective number of alleles – **Ne**, The values of polymorphism information content-**PIC**, the inbreeding values (**FIS**) were negative and below the zero. These values meaning the complete absence of inbreeding within the populations under study, the genetic differentiation between all breeds, and the gene flow between these breeds (**FST**).It is noticed that all the inbreeding values (FIS) were negative and below the zero. These values meaning the complete absence of inbreeding within the populations under study. To measure the genetic differentiation between all breeds, we used the gene flow between these breeds (FST). The higher value of gene flow observed between Arabi and Hamdani (0.9626).