استمارة مستخلصات رسائل الماجستير والدكتوراه في جامعة البصرة

الكلية: الزراعة **اسم الطالب: أيوب راضي طعمه زعلان**

القسم: الثروة الحيوانية **اسم المشرف: أ. د. أسعد يحيى عايد**

أ. د. عدنان عيسى البدران

التخصص: وراثة جزيئية **الشهادة: دكتوراه**

التنوع الوراثي وتركيب العشائر في الجمال العراقية باستخدام تقانات الوراثة الجزيئية

أجريت هذه الدراسة في مختبر الهندسة الوراثية، كلية الزراعة، جامعة البصرة. هدفت الدراسة الحالية الى توصيف الإبل العراقية مظهرياً ووراثياً ودراسة التاريخ التطوري لها. جمعت 80 عينة من عينات الدم عشوائيا من حيوانات لا توجد بينهما قرابة من مناطق مختلفة من العراق، إذ جمعت 50 عينة من سلالة الجودي بواقع 10 عينات لكل من محافظة البصرة والمثنى والنجف وبابل وواسط وجمعت 15 عينة من سلالة الخوار من محافظة الأنبار و15 عينة من سلالة الحرة من محافظة ذي قار. أُخذت القياسات الجسمية باستخدام شريط قياس لارتفاع الكتف ومحيط الصدر ومحيط السنام وارتفاع وطول الحيوان وطول الرأس والرقبة والذيل والوزن كما أُخذت الأوصاف الشكلية كاللون وشكل الوجه وحجم وموقع واتجاه السنام وحجم واتجاه الاذن وحجم الضرع. استخلص DNA باستعمال عدة التشخيص Kit من شركة Geneaid وبحسب الخطوات المرفقة مع عدة التشخيص. قيست كمية DNA لكل عينة بواسطة جهاز Nano drop. أجري التفاعل السلسلي للبوليمريز PCR لمنطقة D-loop وجين ATP6 وCytb وCox3 في الميتوكوندريا ثم أجريت تنقية منتج التضخيم ثم أرسلت العينات إلى شركة Macrogene الكورية لتحليل تسلسل DNA. أظهرت النتائج تفوق سلالة الجودي بشكل معنوي من حيث الوزن وارتفاع الكتف ومحيط الصدر ومحيط السنام وارتفاع الحيوان وتفوقت سلالة الحرة في طول الرقبة وطول الحيوان وطول الرأس بينما تفوقت سلالة الخوار في طول الذيل فقط مقارنة بالسلالات الأخرى. بلغ تنوع النمط الفردي (HD) وتنوع النيوكليوتيدات (π) الكلي لمنطقة D-loop ولجين ATP6 وCytb وCox3 متوسط وعالي (0.987، 0.00605) و (0.590، 0.00149) و(0.419، 0.00104) و(0.718، 0.00137) على التوالي. بلغ عدد الأنماط الفردية (H) الكلية لمنطقة D-loop ولجين ATP6 وCytb و47 Cox3 و19 و15 و23 نمط فردي على التوالي ولجميع السلالات. أمّا عدد المجاميع الفردية Haplogroup فقد كان 4 و0 و3 و0 مجموعة للجينات المدروسة على التوالي عند مقارنتها مع سلالات الإبل في الدول الأخرى. أظهرت شجرة النشوء والتطور لسلالات الإبل المدروسة لجميع الجينات تميز سلالة الجودي بفرع وكل من سلالتي الخوار والحرة بفرع أخر وقد تطابقت هذه النتائج مع نتائج الشجرة المظهرية. أمّا شجرة النشوء والتطور مع سلالات الإبل في البلدان الأخرى أظهرت الإبل العراقية بفرع مستقل عن باقي السلالات في تلك الدول. أظهرت أحداث التوسع Expansion أنَّ زمن التوسع فى سلالة الجودى كان قبل 2550 سنة وفى سلالة الخوار 5021 سنة وفى سلالة الحرة 4044 سنة.

عنوان الأطروحة:

College: Agriculture **Name of student: Ayoob R. Tuama Zalaan**

Dept: Animal production **Name of supervisor: Prof. Dr. Asaad y. Ayied**

Prof. Dr. Adnan I. Al-Badran

Certificate:
Ph.D. Degree

Genetic diversity and composition of Iraqi camel population using molecular genetics

This study was conducted in the Genetic Engineering Lab., College of Agriculture, University of Basrah (UoB). The current study was aimed at characterizing Iraqi camels, morphological and developmental studies. A total of 80 samples of blood samples were randomly collected from animals that did not have close relatives from different parts of Iraq. Fifty samples of the Joudi breed were collected from Basrah, Al-Muthanna, Najaf, Babylon and Wasit (10 samples each). As well as 15 samples of the Khawar breed from Anbar and 15 samples of the Hurra breed from the of DhiQar. Body measurements were taken using a measuring tape for shoulder height, chest circumference, hump circumference and height, length of the animal and head, neck, tail length and weight, Phenotypic descriptions were also taken as color, shape of the face, size, location, direction of the hump and size, direction of the ear and size of the udder. DNA was extracted using Kit from Geneaid Company according to the instructions attached with kit with some necessary modifications. The amount of DNA per sample measured by using Nano drop technique. Polymerase chain reaction PCR was done for the D-loop region, ATP6, Cytb and Cox3 genes in the mitochondria were then purified by the amplification product and samples were then sent to the Korean Macrogene Company to analyze the DNA sequence. A result showed The Joudi breed was significantly higher in weight, shoulder height, chest circumference, hump circumference and animal height. The Hurra breed was superior in neck length, animal length and head length while the Khawar breed were superior in tail length only compared to other breeds. The total haplotype diversity (HD) and nucleotide diversity (π) of the D-loop region and the ATP6, Cytb, and Cox3 genes were average and high (0.987, 0.00605), (0.590, 0.00149), (0.419, 0.00104) and (0.718, 0.00137) respectively. The total number of haplotype (H) for the D-loop region and for the ATP6, Cytb and Cox3 genes 47, 19, 15 and 23 haplotype, respectively and for all breeds. The number of Haplogroup was 4, 0, 3 and 0 groups of genes studied, respectively when compared with camel breeds in other countries. The phylogenetic tree of the studied camel breeds and of all the genes showed that the Joudi breed was characterized by a branch and each of the Khawar and Hurra breeds in another branch. These results were consistent with the results of the Phenotypic tree. The phylogenetic tree with camel breeds in other countries showed Iraqi camels a separate branch from the rest of the breeds in those countries. The events of expansion showed that the time of the expansion of the Joudi breed was 2550 years ago and the Khawar breed was

Specialization: Molecular genetics

Title of thesis