

عنوان مقاله:

ارزیابی تنوع ژنتیکی مرغان بومی فارس بر مبنای توالی یابی بخشی از ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری

محل انتشار:

فصلنامه پژوهشهای تولیدات دامی، دوره 7، شماره 14 (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

مهسا نیکوبین بروجنی

نصرالله پیرانی

فریبا رفیعی بروجنی

خلاصه مقاله:

طیور بومی به عنوان ذخایر ژنتیکی ملی مطرح هستند و نگهداری آن ها از نظر حفظ تنوع زیستی بسیار با اهمیت است. بررسی ژنوم میتوکندری در یک نژاد و مقایسه آن با سایر نژادها می تواند شاخص مناسبی از میزان تنوع موجود در آن جمعیت را ارائه دهد. این پژوهش با هدف تعیین توالی بخش بسیار متغیر ۱ (HVR-I) از ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری مرغ بومی فارس صورت گرفت. به این منظور از تعداد ۲۰ قطعه مرغ بومی فارس به طور تصادفی خون گیری انجام شد. پس از استخراج DNA از خون کامل، ناحیه HVR-I با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر و سپس توالی یابی شد. در کل ۱۲ عدد توالی با کیفیت مناسب به دست آمد. بعد از تجزیه و تحلیل توالی ها، تعداد ۳ هاپلوتیپ از بین توالی های مورد بررسی مشخص شد که دارای ۵ جایگاه چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) بودند. این تغییرات به طور عمده از نوکلئوتیدهای شماره ۲۱۷ تا ۴۴۶ مشاهده شدند. درخت فیلوژنی پس از اخذ توالی های مشابه ژنوم میتوکندری دیگر نژادهای موجود در بانک جهانی ژن ترسیم شد. نتایج فیلوژنی مشخص کرد که مرغان بومی فارس با مرغان بومی کشور آذربایجان، لگهورن سفید، مرغ ابریشمی، مرغ جنگلی خاکستری (سونراتی)، پلیموت راک پر خط دار، مرغ بومی مرنندی و مازندرانی ایران در یک دسته قرار دارند. بنابراین می توان نتیجه گیری کرد که مرغ فارس ممکن است دارای برخی شباهت های ژنتیکی با این نژادها باشد.

کلمات کلیدی:

ژنوم میتوکندری، ناحیه بسیار متغیر ۱ (HVR-I)، چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP)، فیلوژنی، Genome, Highly variable region I (HVR-I), Single Nucleotide Polymorphism (SNP), Phylogenetic

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1285234>

