

عنوان مقاله:

تنوع ژنتیکی جمعیت های آهو و جبیر در استان فارس براساس ژن سیتوکروم b

محل انتشار:

فصلنامه محیط زیست جانوری، دوره 7، شماره 3 (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

فصیحه محمدی گرجی - گروه محیط زیست، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۹۱۳۸-۱۵۷۳۹

حمیدرضا رضایی - گروه محیط زیست، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۹۱۳۸-۱۵۷۳۹

شاهو قوامی - گروه محیط زیست، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ۴۹۱۳۸-۱۵۷۳۹

خلاصه مقاله:

آهوسانان، گونه های در معرض خطری هستند که جمعیت آن ها با نرخ بالایی در حال کاهش بوده و حفاظت از آن ها باید در اولویت برنامه های حفاظتی قرار گیرد. در این تحقیق ۹ نمونه جمع آوری شده از ۴ جمعیت غزال در استان فارس بر اساس توالی ژن سیتوکروم b از DNA میتوکندریایی مورد آنالیز قرار گرفتند. پس از مقایسه توالی به دست آمده با توالی موجود در ژن بانک در نرم افزار ۵.۲ MEGA و ترسیم درخت فیلوژنتیک، ۲ گونه متفاوت از آهو در این نواحی شناسایی شد. نتایج آنالیز واریانس مولکولی در نرم افزار ۳ Arlequine نشان داد تفاوت در بین این جمعیت ها ۸۸/۰۹ و در درون جمعیت ها ۱۱/۹۱ است که نشان می دهد ساختار ژنتیکی بارزی در بین جمعیت ها وجود دارد و جریان ژنی بین آن ها کم است. شاخص تثبیت ۰/۸۸، FST است و چون این شاخص بزرگ تر از ۰/۲۵ است نشان می دهد که تنوع ژنتیکی بارز است. شبکه هاپلوتایپی آهوی ایرانی حاصل از نرم افزار network نشان می دهد که دو نمونه ۲ abad و ۳ bam دارای هاپلوتایپ مشترک هستند و بقیه نمونه ها هاپلوتایپ جداگانه ای را تشکیل دادند. شبکه هاپلوتایپی جبیر نشان می دهد که نمونه های جبیر در منطقه بهرام گور دارای هاپلوتایپ مشترک هستند و نمونه های منطقه هرمود لار هاپلوتایپ جداگانه ای را تشکیل دادند.

کلمات کلیدی:

DNA میتوکندریایی، آهوسانان، فاصله ژنتیکی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1313400>

