

تجزیه و تحلیل مولکولی جمعیتی از مرغ بومی گردن لخت با استفاده از توالی ناحیه HVR-I ژنوم میتوکندری

فهیمه جمالی^۱، نصرالله پیرانی^۲، ندا میر آخورلی^۳

۱. دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی

۲. دانشیار گروه علوم دامی

۳. استادیار گروه بیوتکنولوژی

Fahimeh_jamali۱۳۶۹@yahoo.com

چکیده

ارزیابی و حفاظت از مرغان بومی به عنوان منابع ژنتیکی، برای بهبود آن‌ها در آینده ضروری است. یکی از راه‌های شناسایی این نژادها استفاده از تکنیک‌های مولکولی بخصوص استفاده از ژنوم میتوکندری است. در این تحقیق تنوع ژنتیکی مرغان بومی گردن لخت با استفاده از تجزیه و تحلیل توالی ژنوم میتوکندری بررسی شد. برای انجام این تحقیق یک قطعه ۴۵۵ جفت بازی از بخش HVR-I ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری در ۲۰ مرغ گردن لخت پس از تکثیر توسط پرایمرهای اختصاصی توالی‌یابی شد. در کل ۲ هاپلوتیپ شناسایی شد. که این هاپلوتیپ‌ها از جانشینی ۴ نوکلئوتید ایجاد شده‌اند. تنوع هاپلوتیپی و تنوع نوکلئوتیدی در مرغان بومی گردن لخت به ترتیب 0.1591 ± 0.3556 و 0.02356 ± 0.031 بدست آمد. برای مشخص شدن رابطه این نژاد با سایر نژادهای گرفته شده از بانک جهانی ژن و پس از رسم درخت فیلوژنی برای ناحیه موردنظر مشخص شد که مرغ گردن لخت در گروه مرغ پیلیموت‌راک و سونراتی قرار دارد که این نزدیکی ممکن است به دلیل مشابهت ژنتیکی نژاد گردن لخت با این نژادها باشد.

واژگان کلیدی: ژنوم میتوکندری، تعیین توالی، مرغ گردن لخت، فیلوژنی

۱- مقدمه

از اوایل قرن بیستم جمعیت جهان روندی رو به افزایش داشته و تامین نیازهای خوراکی بخصوص پروتئین حیوانی از چالش‌های اساسی در کشورهای در حال توسعه می‌باشد (محمدی، ۱۳۹۰: ۱-۹). با افزایش جمعیت جهان این مسئله بوجود می‌آید که افزایش روز به روز تقاضا برای محصولات دامی باعث فرسایش منابع ژنتیکی می‌شود و این مشکل در مورد کشورهای در حال توسعه به دلیل تنوع ژنتیکی بالاتر، بیشتر است (سیلوا و همکاران، ۲۰۰۸: ۱-۹). طیور بومی از منابع ژنتیکی با ارزش هر منطقه بوده و با توجه به داشتن تطابق با روش پرورش در شرایط باز و نامساعد روستاها، یک منبع تامین پروتئین مفید برای خانواده‌های روستائی می‌باشند بنابراین حفظ این نژادها همراه با برنامه‌ریزی برای افزایش تولید و سودآوری آن‌ها امری بسیار ضروری می‌باشد. (بی‌نام، ۱۳۷۰: ۱-۱۵).

تمامی تفاوت‌های ژنتیکی موجود میان افراد، لاین‌ها، جمعیت‌ها، گونه‌ها، نژادها و یا سویه‌های مختلف را که باعث تمایز بین آن‌ها می‌شود را می‌توان به عنوان نشانگر ژنتیکی در نظر گرفت. تاکنون انواع متعددی از نشانگرها شناسایی و بکار گرفته شده‌اند و کاربردهای متنوعی برای آن‌ها پیشنهاد شده است. پیشرفت‌های اخیر در زمینه ژنتیک مولکولی نشانگرهای جدیدی را معرفی کرده که سطوح بالای از چند شکلی را نشان می‌دهند و به خوبی برای آنالیز تنوع ژنتیکی در داخل و بین جمعیت‌ها مناسب می‌باشند (نصیری، ۱۳۹۱: ۲۴-۱۶).