

بررسی وضعیت Bottleneck در نمونه‌ای از جمعیت کبک ایرانی با استفاده از آنالیز ریز ماهواره‌ها

کربلائیان عباس^۱، امیری نیا سیروس^۲، همتی بهزاد^۳ و عمرانی حسین^۴

۱-دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه آزاد کرج karbala_47@yahoo.com

۲ و ۴-عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور^۳- عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد کرج

چکیده

در این تحقیق از ۱۲۰ قطعه کبک بطور تصادفی خونگیری و با استفاده از روش نمکی استخراج DNA صورت گرفت. جایگاه ARU ARU 1G49، ARU1I 125، ARU1E7، ARU1E93 ARU 1F25 ARU 1D39 و ARU 1A1.1K10 آمیزی به روش نیترات نقره انجام شد و تعیین ژنوتیپ صورت گرفت. داده‌های آماری با استفاده از نرم افزارهای POPGENE و GENALEX مورد آنالیز و همچنین جهت برآورد میزان باتلنك از نرم افزار BOTTLENECK استفاده گردید.. تعادل هاردی واینبرگ با آزمون مرربع کای^۲ بدست آمد. در کل جمعیت تمامی مکانهای ژنی مورد مطالعه از تعادل فوق انحراف معنی داری نشان دادند ($P<0.05$). بیشترین و کمترین تعداد الی مشاهده شده به ترتیب مربوط به جایگاه‌های ARU1G49 با ۲۱ الی و ۱۰ ARU 1K10 با ۴ الی بود. میانگین فراوانی الی (NA)، شاخص شانون و PIC به ترتیب 9.7333 ، $1/8283$ و 0.7092 بود. تنوع درون جمعیتی بر اساس آنالیز مقادیر هتروزایگوستی بررسی شد که میانگین هتروزایگوستی مشاهده شده ۰/۲۰۳ و میانگین هتروزایگوستی مورد انتظار نا اریب در این جمعیت $0/797$ بود. تعداد مورد انتظار جایگاه‌های با فزونی هتروزایگوستی با استفاده از مدل IAM و TPM به ترتیب $3/56$ و $3/54$ بدست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب $0/4331$ و $0/4228$ محاسبه شد که بر اساس آن می‌توان گفت BOTTLENECK اتفاق نیفتاده است.

واژه‌های کلیدی: کبک ایرانی - نشانگرهای ریز ماهواره - هتروزایگوستی -BOTTLENECK

مقدمه

افراش اطلاعات از ساختار ژنتیکی پرندگانی مثل کبک و بلدرچین (عمرانی و همکاران ۱۳۸۸) می‌تواند مقدمه‌ای بر برنامه ریزی‌های اصلاح نژادی آتی باشد. این تحقیق بعنوان دومین بررسی بر روی ساختار ژنتیکی کبک ایرانی انجام شد، به علت کاهش افراد، علایم inbreeding depression در جمعیت پدیدار می‌شود. در واقع فراوانی‌های ژنی دستخوش تغییر می‌شوند. ژنهایی با فراوانی بالاتر احتمال باقی ماندن شان بیشتر و ژنهای نادر احتمال عدم وجودشان در جمعیت Bottleneck یافته بسیار زیاد است. به دلیل ثبات آلل‌های کشنده و کاهش واریانس ژنتیکی روی Fitness تاثیر منفی می‌گذارد. ضمناً موتاسیون‌های مفید کمتری رخ می‌دهد (به دلیل کاهش سایز جمعیت) و به سبب رانده شدن ژنی بسیاری آلهای مفیدی که در اثر موتاسیون یجاد شده بود نیز حذف خواهند شد (Reed.D.H 2003). بسیاری از جمعیتهاي bottleneck یافته به این ترتیب منقرض شده اند یا در معرض خطر انقراض هستند. هدف از این تحقیق بررسی احتمال بروز Bottleneck در نمونه‌ای از جمعیت کبک ایرانی می‌باشد.

مواد و روش‌ها