

بررسی ساختار ژنتیکی سنجاب بلوچی (*Funambulus pennantii*) با استفاده از آنالیز ریزماهواره

- سیامک یوسفی سیاهکرودی*: دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین- پیشوا
- صابر خدرزاده: دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین- پیشوا
- مریم عیدی: دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین- پیشوا
- منا ایزدیان: دانشکده علوم زیستی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین- پیشوا

تاریخ دریافت: خرداد ۱۳۸۹ تاریخ پذیرش: مهر ۱۳۸۹

چکیده

بمنظور مطالعه ساختار ژنتیکی سنجاب بلوچی، پس از صید ۵۰ نمونه از آن، نمونه برداری و استخراج DNA از تار مو، از ۷ نشانگر ریزماهواره استفاده گردید. پس از تکثیر جایگاه‌ها بوسیله تکنیک PCR و تعیین ژنوتیپ، با استفاده از نرم‌افزار، آنالیزهای مربوطه انجام شد. در این تحقیق از بین نشانگرهای مورد مطالعه، جایگاه Thu 50 دارای بیشترین تعداد آلل مشاهده شده (۳ آلل) و جایگاه Thu 21 دارای کمترین تعداد آلل (۲ آلل) بودند. بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی در جایگاه Thu 50 نمایان شد. بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و هتروزیگوسیتی مورد انتظار ناریب نی در جایگاه Thu 50 (بترتیب ۰/۲۵۰ و ۰/۵۵۹) و کمترین مقدار پارامترهای مذکور در جایگاه Thu 21 (بترتیب ۰/۱۰۰ و ۰/۴۴۴) مشاهده گردید. بیشترین و کمترین مقدار شاخص شانون نیز بترتیب در جایگاه‌های Thu 50 (۰/۹۳۴) و Thu 21 (۰/۶۳۷) دیده شد. در این جمعیت، کلیه جایگاه‌ها در تعادل هاردی-وینبرگ بودند.

کلمات کلیدی: سنجاب بلوچی، ساختار ژنتیکی، چندشکلی، ریزماهواره

مقدمه

افراد جمعیت، بررسی ساختار و تمایز جمعیت‌ها بکارگیری شده، می‌توان به نشانگرهای ریزماهواره و جایگاه‌های موجود در DNA میتوکندری (mtDNA) اشاره نمود که امروزه بطور گسترده از این جایگاه‌ها در راستای مطالعات ژنتیکی موجودات مختلف استفاده می‌شود (۴، ۶ و ۷).

با توجه به غنای زیستگاه‌های کشور از لحاظ تنوع جانوری و در معرض خطر انقراض قرار گرفتن تعدادی از گونه‌های موجود، بررسی‌های جمعیتی و حفظ این ذخایر از اهمیت بسیار بالایی برخوردار است. متأسفانه در ایران بررسی ساختار ژنتیکی و تعیین قرابت جمعیت‌های مختلف جانوران در سالیان اخیر آغاز

در سال‌های اخیر، تکنیک‌های پیشرفته مولکولی که تفاوت بین افراد را در سطح مولکول DNA مشخص می‌نمایند، جهت مطالعه تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنتیکی بین جمعیت‌ها و نژادهای مختلف، به یاری متخصصان آمده و به ابزار قابل‌اعتمادی در این راستا تبدیل گردیده است زیرا با توجه به اطلاعات دقیقی که بدست می‌آید، می‌توانند نتایج تجزیه و تحلیل رکوردها که با روش‌های پیشرفته آماری تعیین شده‌اند را تأیید و تکمیل نمایند (۱).

از ابزارهای ژنتیکی کارآمد که برای تعیین هویت حیوانات اهلی و غیراهلی، مشخص نمودن والدین آنها، روابط شجره‌ای بین



