



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

مهسا نیکوبین بروجنی^۱، نصرالله پیرانی^۲ و فریبا رفیعی بروجنی^۳

۱ و ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد و استادیار، دانشگاه شهرکرد
۲- دانشیار، دانشگاه شهرکرد، (نویسنده مسول: napirany@gmail.com)
تاریخ دریافت: ۹۲/۱۲/۱۹ تاریخ پذیرش: ۹۳/۱۰/۲۰

چکیده

طیور بومی به عنوان ذخایر ژنتیکی ملی مطرح هستند و نگهداری آن‌ها از نظر حفظ تنوع زیستی بسیار با اهمیت است. بررسی ژنوم میتوکندری در یک نژاد و مقایسه آن با سایر نژادها می‌تواند 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 به‌طور تصادفی خون‌گیری انجام شد. پس از استخراج DNA از خون کامل، ناحیه HVR-I با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر و سپس توالی‌یابی شد. در کل ۱۲ عدد توالی با کیفیت مناسب به دست آمد. بعد از تجزیه و تحلیل توالی‌ها، تعداد ۳ هاپلوتیپ از بین توالی‌های مورد بررسی مشخص شد که دارای ۵ جایگاه چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) بودند. این تغییرات به‌طور عمده از نوکلئوتیدهای شماره ۲۱۷ تا ۴۶۶ مشاهده شدند. درخت فیلوژنی پس از اخذ توالی‌های 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، لکه‌پور سفید، مرغ ابریشمی، مرغ جنگلی خاکستری (سونراتی)، پلیموت راک پرخطدار، مرغ بومی مرنده و مازندرانی ایران در یک دسته قرار دارند. بنابراین می‌توان نتیجه‌گیری کرد که مرغ فارس ممکن است دارای برخی شباهت‌های ژنتیکی با این نژادها باشد.

واژه‌های کلیدی: ژنوم میتوکندری، ناحیه بسیار متغیر ۱ (HVR-I)، چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP)، فیلوژنی

مقدمه

نژادهای بومی، از ذخایر مهم ژنتیکی به شمار می‌روند و از این نظر از سرمایه‌های ژنتیکی ملی خواهند بود. استفاده از طیور بومی که جمعیت مولد ژنتیکی پایه محسوب می‌شوند، در برنامه‌های اصلاح نژادی طیور کشور و شناخت دقیق و کسب اطلاعات بیشتر در مورد آن‌ها برای حفظ این ذخایر ژنتیکی، ضروری به نظر می‌رسد (۹). امروزه استفاده از ژنوم میتوکندری (mtDNA) یکی از روش‌های کاربردی در بررسی تنوع زیستی و ارزیابی بین گونه‌ها و نژادها محسوب می‌شود (۷). میتوکندری اندامکی سیتوپلاسمی است که در بیشتر سلول‌های بدن وجود دارد. این اندامک که قادر به تولید انرژی برای سلول است، دارای DNA حلقوی اختصاصی و مستقل از DNA هسته‌ای است و در گونه‌های جانوری ۳۷ ژن را کد می‌کند که شامل ۱۳ ژن کدکننده زنجیره تنفسی، ۲۲ ژن کدکننده tRNA و ۲ ژن کدکننده rRNA است (۱۶).

ناحیه کنترل ۳ (HVR-III) و قطعه میانی یا ناحیه کنترل ۲ (HVR-II) که در بین دو ناحیه فوق قرار دارد (۱۴). اولین توالی کامل ژنوم میتوکندری مرغ به طول ۱۶۷۷۵ جفت باز و همچنین طول قطعات ژنی آن از قبیل ناحیه D-loop به طول ۱۲۲۷ با کد دسترسی X52392 گزارش شده است (۳). سپس فومی هیتو و همکاران (۶) با مطالعه ناحیه کنترل غیر کدکننده mtDNA پرندگان مختلف به روش RFLP، زیرگونه مرغ جنگلی قرمز (گالوس گالوس) را جد مادری تمام نژادهای اهلی مرغ معرفی کردند. هدف از این مطالعه، تعیین و بررسی توالی نوکلئوتیدهای بخش HVR-I از ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری مرغ بومی فارس ایران، تعیین میزان تنوع موجود در این جمعیت و ترسیم رابطه فیلوژنی آن با سایر نژادهای مرغ ثبت شده در بانک جهانی ژن بود.

مواد و روش‌ها

معرفی مرغ بومی فارس

این نژاد، بومی استان فارس بوده که بر اساس نتایج به‌دست آمده، میانگین کل درصد تخم‌گذاری، وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ تولیدی در طی یک دوره تخم‌گذاری ۱۲ ماهه به ترتیب ۳۷/۳۲±۶/۰۸ درصد، ۴۲/۷۵±۴/۷۴ گرم و ۱۴۰/۲۰±۳۷/۶۴ عدد بوده است. همچنین میانگین وزن بدن در سنین ۸، ۱۲، ۱۸، ۳۰، ۳۸، ۴۶ و ۶۰ هفتگی به ترتیب ۴۱۷/۹۹، ۴۶۱/۱۴، ۸۷۸/۴۴ و ۱۲۶۲/۹۴، ۱۳۳۵/۹۰، ۱۴۰۹/۸۳ و ۱۵۴۲/۸۵ گرم گزارش شده است (۱۰).

جمع‌آوری نمونه‌ها و استخراج DNA

برای انجام این پژوهش تعداد ۲۰ قطعه مرغ (۱۰ مرغ و ۱۰ خروس) به‌طور تصادفی از مرکز پرورش مرغ بومی فارس، واقع در شمس‌آباد شیراز مورد استفاده قرار گرفت. اخذ نمونه‌های خون از طریق ورید زیر بالی و با استفاده از سرنگ صورت گرفت، سپس بلافاصله داخل میکروتیوب‌های ۱/۵ میلی‌لیتری حاوی ماده ضد انعقاد خون EDTA، ریخته و داخل فلاسک محتوی یخ قرار داده شد و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سلسیوس در آزمایشگاه نگهداری شدند. استخراج DNA توسط روش بیلز و همکاران (۲) انجام شد. برای آگاهی از میزان DNA استخراج شده و میزان خلوص آن، از الکتروفورز روی ژل آگارز ۰/۸ درصد و دستگاه اسپکتروفوتومتر استفاده شد.

انتخاب آغازگرها و واکنش زنجیره‌ای پلیمرز

در این پژوهش از یک جفت آغازگر اختصاصی رفت و برگشت طراحی شده بر اساس ژنوم میتوکندری (قسمت اول ناحیه D-loop) گونه مرغ اهلی با کد دسترسی (X52392) استفاده شد (۳). توالی آغازگرها به شرح زیر است:

F (5'-GGCTTGAAAAGCCATTTGTTG-3)
R (5'-CCCCAAAAAGAGAAGGAACC-3)

واکنش زنجیره‌ای پلیمرز به حجم ۲۰ میکرولیتر شامل ۵۰ نانوگرم DNA ژنومی، ۱/۵ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی‌مولار از مخلوط dNTP، ۷ پیکومول از هر کدام از پرایمرها، بافر یک برابر PCR، یک واحد آنزیم Taq DNA پلیمرز بود. برنامه حرارتی شامل دمای واسرشته شدن اولیه ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه، ۳۰ چرخه دمایی با دمای واسرشته ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال ۵۵ درجه سانتیگراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۹۰ ثانیه و دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. برای اطمینان از تکثیر قطعه مورد نظر، نمونه‌ها و DNA اندازه روی ژل آگارز با غلظت ۱/۵ درصد الکتروفورز شدند.

تعیین توالی محصولات تکثیرشده

پس از اطمینان از تکثیر ناحیه مورد نظر، محصولات PCR با استفاده از کیت ExoSAP-IT (شرکت USB آلمان) تخلیص شده و سپس با استفاده از کیت توالی‌یابی (شرکت

USB آلمان) توالی‌یابی شدند. بدین منظور محصولات آماده شده روی ژل پلی‌آکرلامید ۶ درصد بارگذاری شدند. پس از بررسی اولیه توالی‌های به‌دست آمده، مشخص شد تمامی تغییرات نوکلئوتیدی در فاصله ۴۵۵-۱ جفت باز قرار دارند، بنابراین همین اندازه مبنای مقایسه برای تمامی توالی‌های به‌دست آمده قرار گرفت.

تجزیه و تحلیل توالی‌ها

کلیه توالی‌های مربوط به مرغ بومی فارس با نرم‌افزار BioEdit7 (۸) هم‌ردیف شدند و به کمک نرم‌افزار MEGA5 (۱۵) پس از هم‌ردیف کردن توالی‌های به‌دست آمده، نوکلئوتیدهای جایگزین، حذف و یا اضافه شده، تعیین گردید و هاپلوتیپ‌ها نیز مشخص شدند. فاصله درون هاپلوتیپی، تنوع هاپلوتیپی (هتروزیگوسیتی) و تنوع نوکلئوتیدی () با نرم‌افزار Arlequin3.5 (۵) محاسبه شدند. هاپلوتیپ‌های به‌دست آمده با استفاده از برنامه Sequin جهت ثبت در پایگاه اطلاعاتی (NCBI) ارسال شدند. توالی کلی (جامع) مرغ بومی فارس با توالی‌های مشابه در نژاد و سویه‌های مختلف مرغ اهلی اخذ شده از بانک ژن، در ابتدا با نرم‌افزار MEGA5 (۱۵) هم‌ردیف و سپس درخت فیلوژنی با استفاده از رویه NJ بر پایه ML^h رسم شد.

نتایج و بحث

پس از بررسی توالی‌های به‌دست آمده، توالی‌یابی در ۲۰ نمونه به خوبی انجام گرفت و فقط هشت نمونه، به علت وجود هتروپلاسمی در ۳ نمونه قادر به توالی‌یابی نبودند و یا اینکه فقط در یک جهت توالی‌یابی شدند، به همین دلیل مورد استفاده قرار نگرفتند. به طور متوسط در تمام نمونه‌ها، تعداد ۴۵۵ نوکلئوتید مورد استفاده قرار گرفتند که از این میان ۵ جایگاه چند شکل (SNP) مشاهده شد. این تغییرات به طور عمده از نوکلئوتید شماره ۲۱۷ تا ۴۴۶ مشاهده شدند. به طور کلی در نمونه‌های مورد بررسی تعداد ۳ هاپلوتیپ مشخص شد (جدول ۱). توالی‌های هاپلوتیپ به‌دست آمده از نمونه‌ها به طول ۴۵۵ نوکلئوتید در مرکز ملی اطلاعات زیست فن‌آوری (NCBI) با کدهای دسترسی KF973201، KF973202 و KF973204 ثبت شدند.

جدول ۱- SNP و هاپلوتیپ‌های بدست آمده برای نمونه‌های مرغ بومی فارس

Table 1. SNP and Haplotypes of Fars native chicken

موقعیت SNP					هاپلوتیپ	فراوانی
۲۱۷	۲۴۶	۲۸۱	۳۰۶	۴۴۶		
C	C	A	T	T	۱	۷
.	T	.	.	.	۲	۱
T	.	G	C	C	۳	۴

1- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Sequin/>
4- Neighbor-Joining

2- National Center for Biotechnology Information
5- Maximum Likelihood

3- Consensus

GU481096-105 در جدول ۲ آورده شده است که تفاوت بسیار اندکی در آن‌ها مشاهده می‌شود. با این وجود تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتیپی در مرغ نژاد مرندی بیشتر است که بیان‌گر وجود تنوع بیشتر در این جمعیت می‌باشد.

فراوانی نسبی نوکلئوتیدها در توالی تک رشته ناحیه HVR-I توالی کلی (جامع) مرغ فارس به طول ۴۵۵ نوکلئوتید با توالی ناحیه مشابه در مرغ مازندرانی (۱۲) و مرندی (۹) به‌عنوان دو نژاد ایرانی با توالی ثبت شده در بانک جهانی ژن به‌ترتیب با کدهای دسترسی JQ7882.1-JQ7900.1 و

جدول ۲- تعداد هاپلوتیپ، درصد فراوانی نسبی نوکلئوتیدها، تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتیپی ناحیه HVR-I مرغ فارس، مرندی (۹) و مازندرانی (۱۲)

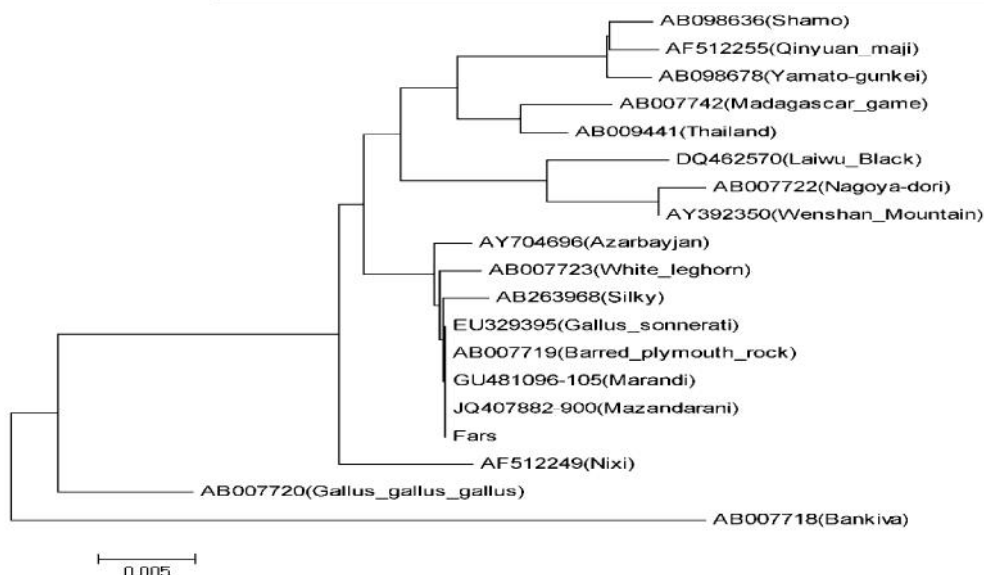
Table 2. No of haplotypes, percentage of relative frequencies, nucleotide and halpotype diversity in HVR-I region of Fars, Marandi (9) and Mazandran (12) native chickens

تعداد نمونه	تعداد هاپلوتیپ	A	G	C	T	تنوع نوکلئوتیدی	تنوع هاپلوتیپی	جمعیت
۱۲	۳	۲۹/۳	۱۳/۱	۲۷/۴	۳۰/۲	۰/۰۰۴۶ ± ۰/۰۰۳۱۳	۰/۱۰۷۹ ± ۰/۰۵۹	فارس
۱۰	۵	۲۹/۲	۱۳/۱	۲۷/۵	۳۰/۲	۰/۰۱۱۵ ± ۰/۰۰۶۸۹	۰/۰۹۶۹ ± ۰/۰۸۲	مرندی
۱۹	۶	۲۹/۲	۱۳/۱	۲۷/۶	۳۰/۲	۰/۰۰۵۱ ± ۰/۰۰۳۳۴	۰/۰۷۴ ± ۰/۰۰۸۵	مازندرانی

منتسب به ژاپن از داخل ژاپن منشأ نگرفته‌اند و نژادهای سایر کشورها، پایه مرغ‌های بومی ژاپنی را تشکیل داده‌اند (۱۱). همچنین از کاربردهای ژنوم میتوکندری، می‌توان به تشخیص هم‌زمان گوشت گونه‌های مختلف مثل: گاو، گاو میش، گوسفند و بز در مخلوط گوشت توسط الیاسی و همکاران (۴) اشاره کرد.

در مطالعه‌ای تنوع ژنتیکی مرغان بومی ۵ ناحیه مجزای سریلانکا بررسی شد. در این پژوهش ۱۴۰ مرغ بومی برای بررسی ناحیه کنترل mtDNA مورد استفاده قرار گرفت. در نهایت ۴۴ SNP و ۴۲ هاپلوتیپ در ۶ گروه هاپلوتیپی مشخص شدند. توالی D-loop نشان داد که ۶۲ جفت باز از ژنوم میتوکندری مرغ‌های بومی سریلانکا از دست رفته است و مشخص شد که مرغان بومی سریلانکا به‌شدت به‌گونه جنگلی قرمز^۱ و گونه جنگلی سبز^۲ مربوط هستند و ارتباط ژنتیکی کمتری با گونه گالوس لافایتی^۳ (مرغ جنگلی سیلان) دارند (۱۳).

شکل ۱ نمودار فیلوژنی رسم شده توالی کلی بخش HVR-I از ناحیه D-loop مرغ بومی فارس و توالی‌های مشابه از ۱۸ نژاد مرغ موجود در بانک جهانی ژن به‌همراه کد دسترسی آن‌ها را نشان می‌دهد. همان‌طور که در شکل مشخص است توالی این ناحیه در مرغ فارس با مرغ بومی مرندی، مازندرانی، پلیموتراک پرخطدار، مرغ جنگلی خاکستری (سونراتی)، بومی آذربایجان، لگهورن سفید و مرغ ابریشمی نزدیکی بیشتری دارد که این امر ممکن است به دلیل مشابهت ژنتیکی مرغ فارس ایران به نژادهای مدیترانه‌ای باشد. در مطالعات سایر پژوهشگران نیز چنین تشابهاتی وجود دارد مثلاً در مطالعه‌ای که به روش RFLP روی ناحیه غیر کدکننده mtDNA پرندگان مختلف انجام شده است، زیر گونه مرغ جنگلی قرمز (گالوس گالوس) را به عنوان جد مادری تمام نژادهای اهلی مرغ معرفی کردند (۶). همچنین در مطالعه دیگری که به منظور بررسی منشأ مادری و تعیین روابط فیلوژنتیک ۲۰ نژاد مرغ بومی ژاپنی و بومی اندونزیایی انجام دادند نتیجه گرفتند که بعضی نژادهای



شکل ۱- نمودار فیلوژنی (نمودار درختی N-J) توالی کلی (جامع) ناحیه تکثیر شده از ژنوم میتوکندری مرغ بومی فارس و برخی از نژادهای مرغ موجود در بانک جهانی ژن به همراه کد دسترسی آن‌ها.

Figure 1. Phylogenetic tree (N-J tree) of mitochondrial consensus sequence of Fars native chicken and other chickens available in Genbank with their accession numbers

مرغ‌های بومی شده است. با توجه به سازگاری نژادهای مرغ بومی نسبت به شرایط محل زندگی خود و به کمک شیوه‌های اصلاح نژادی امکان افزایش ظرفیت تولیدی آن‌ها وجود دارد. استفاده از توالی‌یابی بخش HVR-I از ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری می‌تواند به عنوان شاخص مناسبی جهت شناسایی نژادها به‌شمار رود. تشکیل بانک اطلاعات نژادهای بومی به خصوص در مورد نژادهایی که در معرض خطر انقراض قرار دارند، ضروری می‌نماید. همچنین ثبت توالی به‌دست آمده قدمی موثر برای شناساندن این نوع نژادها به متخصصین و دست اندرکاران اصلاح نژاد در سطوح جهانی است. مرغ فارس ایران نژادی بومی و در حال انقراض است که با توجه به شباهت ژنتیکی با نژادهای تجاری، بررسی‌های بیشتر و سرمایه‌گذاری در جهت استفاده از آن به عنوان نژاد پایه، به رفع خطر انقراض این نژاد و همچنین افزایش قابلیت‌های طیور بومی مورد استفاده در روستاها منجر خواهد شد. منشا مشترک این نژاد با نژادهای مدیترانه‌ای که عموماً دارای خصوصیات تخم‌گذاری خوبی هستند، می‌تواند گویای توانایی‌های این نژاد برای پرورش به منظور تخم‌گذاری باشد، از طرفی سازگاری با شرایط بومی و مقاومت به بیماری‌های منطقه‌ای نیز از مزایای این نژاد است.

تشکر و قدردانی

از مسوولین و دست اندرکاران مرکز پرورش مرغ بومی استان فارس به دلیل در اختیار گذاشتن نمونه‌های خون برای اجرای پژوهش حاضر و همچنین از آزمایشگاه آقای وایگند^۴ به پاس کمک‌های ارزنده‌شان در تعیین توالی نمونه‌ها تشکر و قدردانی می‌شود.

پیرانی و همکاران (۱۲) تنوع ژنتیکی ۲۰ قطعه مرغ بومی مازندرانی را با استفاده از توالی‌یابی HVR-I ناحیه میتوکندریایی را بررسی کردند که در نهایت ۶ هاپلوטיפ شناسایی شدند که دارای ۱۰ جایگاه چند شکلی SNP بودند. نتایج فیلوژنی مشخص کرد که مرغان بومی مازندران با مرغ مردی ایران، بومی کشور آذربایجان، لگهورن سفید، پلیموتراک پرخطدار، مرغ ابریشمی، جنگلی، خاکستری (سونراتی) در یک دسته قرار دارند. بنابراین آن‌ها چنین نتیجه گرفتند که مرغ مازندرانی احتمالاً واجد برخی شباهت‌های ژنتیکی با این نژادها می‌باشد.

در پژوهشی دیگر ۱۵ قطعه مرغ بومی مردی ایران، پس از توالی‌یابی و بررسی تنوع در قطعه HVS-I تعداد ۵ هاپلوטיפ مشخص شد. نتایج فیلوژنی مشخص کرد که مرغان بومی مردی ایران با مرغ بومی کشور آذربایجان، پلیموتراک پرخطدار، لگهورن سفید، مرغ ابریشمی و مرغ جنگلی خاکستری (سونراتی) نزدیکی بیشتری دارد، که این امر ممکن است به دلیل نزدیکی جغرافیایی زیستگاه نژاد مردی و بومی کشور آذربایجان و همچنین شباهت ژنتیکی مرغ مردی ایران با نژادهای مدیترانه‌ای باشد (۹).

یاکوب و همکاران (۱۷) ۵۰۰ جفت باز از ناحیه D-loop میتوکندریایی مرغان بومی عربستان سعودی را توالی‌یابی کردند و به این نتیجه رسیدند که مرغان بومی و گونه گالوس گالوس، یک جفت توالی تکراری با ۱۴ واحد باز در دو رونوشت دارند. ۲ هاپلوטיפ C و T در این مرغ‌ها شناسایی شد. این نتایج نشان داد که نژادهای مرغان بومی به گونه‌های گالوس گالوس و همچنین گالوس گالوس اسپادیکوس^۳ و گالوس گالوس بانکیوا^۱ ربط دارند. ورود مرغ‌های اصلاح شده خارجی به کشور موجب بی‌توجهی به ظرفیت تولیدی

1- Gallus gallus Sonerati
4- S.Weigend (Institute of Farm Animal Genetics, Mariensee, Germany)

2- Gallus gallus Spadiceus

3- Gallus gallus Bankiva

منابع

1. Anderson, S.A.T., G. Bankier, M. Barrell, A. De Bruijn, J. Couson, I. Drouin, B. Nierlich, F. Roe, PH. Sanger and Young I.G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290: 457-465.
2. Bailes, S.M., J.J. Devers, J.D. Kirby and D.D. Rhoads. 2007. An expensive, simple protocol for DNA isolation from blood for high-throughput genotyping by polymerase chain reaction or restriction endonuclease digestion. *Poultry Science*, 86: 102-106.
3. Desjardins, P. and R. Morais. 1990. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. A novel gene order in higher vertebrates. *Journal of Molecular Biology*, 212: 599-634.
4. Elyasi Zarringhabaie, G.H., N. Pirany and A. Javanmard. 2011. Molecular traceability of the species origin of meats using multiplex PCR. *African Journal of Biotechnology*, 10: 15461-16465.
5. Excoffier, L., G. Laval and S. Schneider. 2005. Arlequin version 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47-50.
6. Fumihito, A., T. Miyake, S. Sumi, M. Takada, S. Ohno and N. Kondo. 1994. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *National Academy of Sciences of the United States of America*, 91: 12505-12509.
7. Guha, S., S.P. Goyal and V.K. Kashyap. 2006. Genomic variation in the mitochondrially encoded cytochrome b and 12s RNA genes. Characterization of eight endangered pecorn species. *Animal Genetics*, 37: 262-265.
8. Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 4: 95-98.
9. Mohammadpestebik, F., N. Pirany, J. Shodja and A. Mohammadhashemi. 2011. Determination the mtDNA D-loop Sequence in Marandi Native Chicken Population and Its Phylogenic Relationships with Other Breeds. *Research Journal of Animal Science*, 21: 1-9 (In Persian).
10. Norollahi, H. and M.A. Kamali. 2011. A survey on performance of native poultry in rural areas of Fars. *Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 95: 8-12 (In Persian).
11. Oka, T., Y. Ino, K. Nomura, S. Kawashima, T. Kuwayama, H. Hanada, T. Amano, M. Takada, N. Takahata, Y. Hayashi and F. Akishinonomi-ya. 2007. Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. *Animal Genetics*, 38: 287-293.
12. Pirany, N., A. Mohammadhashemi, S. Alijani, R. Rezazadeh Goli and S. Ghanbari. 2010. Molecular Analysis of Mazandrani native chicken population based on HVR-I region of Mitochondrial DNA. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 1: 53-65 (In Persian).
13. Silva, P., X. Guan, O. Ho-Shing, J. Jones, J. Xu, D. Hui, D. Notter and Smith E. 2008. Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and the Ceylon jungle fowl (*Gallus lafayetti*). *Animal Genetics*, 40: 1-9.
14. Sultana, S. and H. Mannen. 2004. Polymorphism and evolutionary profile of mitochondrial DNA control region inferred from the sequences of Pakistani goats. *Animal Science Journal*, 75: 303-309.
15. Tamura, K., J. Dudley, M. Nei and S. Kumar. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 1596-1599.
16. Wallace, D.C. 1992. Mitochondrial genetics a paradigm for aging and degenerative diseases. *Science*, 256: 628-632.
17. Yacoub, H.A. and M.M. Fathi. 2013. Phylogenetic analysis using D-loop marker of mtDNA of Saudi native chicken strains. *Animal Science Journal*, 44: 5-6.

Analysis of Genetic Diversity in Fars Native Chicken Based on Partial Mitochondrial DNA D-loop Region Sequences

Mahsa Nikoubin Borujeni¹, Nasrollah Pirany² and Fariba Rafiei Boroujeni³

1 and 3- M.Sc. Student and Assistant Professor, University of Shahrekord.

2- Associate Professor, University of Shahrekord,

(Corresponding Author: napirany@gmail.com)

Received: March 10, 2014

Accepted: January 10, 2015

Abstract

Native chickens are considered as national genetic resources and their conservation is very important from biodiversity aspects. The study of mitochondrial genome in one breed and comparing it with others can be a useful index for genetic diversity in that population. This study carried out for determining the sequences of mitochondrial high variable 1 (HVR-I) of D-loop region in Fars native chicken. Blood samples were collected randomly from 20 birds. After extracting DNA from whole blood, the HVR-I region was amplified using specific primers and then was sequenced. Totally, 12 sequences were obtained properly. After analyzing of the sequences, three haplotypes were identified with 5 single nucleotide polymorphic sites (SNP). These changes were mainly observed from nucleotides 217 to 446. After obtaining similar mtDNA sequence from GenBank, phylogenetic tree was drawn. Phylogenetic results indicated the Fars native chickens were clustered with Azerbaijan native, White Leghorn, Silky, Sonneratii, Barred Plymouth Rock, Iranian Marandi and Mazandarani native chickens. Therefore, we conclude that the Fars chicken might has some genetic similarities with these chicken breeds.

Keywords: Mitochondrial Genome, Highly variable region I (HVR-I), Single Nucleotide Polymorphism (SNP), Phylogenetic