

## چکیده

طیور بومی از ذخایر مهم ژنتیکی به شمار می‌روند که به عنوان سرمایه‌های ژنتیکی ملی مطرح هستند و نگهداری آن‌ها از نظر حفظ تنوع زیستی بسیار با اهمیت است. امروزه با کشف توالی‌های موجود در میتوکندری امکان بررسی ژن‌های کنترل کننده موجود در این اندامک به عنوان یکی از دیدگاه‌های جدید و مهم مطالعات ژنتیکی در آمده 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 HVR-I از ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری مرغ بومی فارس صورت گرفت. به این منظور از تعداد ۲۰ قطعه مرغ بومی فارس به طور 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. تعداد ۳ هاپلوتیپ از بین توالی‌های مورد بررسی مشخص شد که دارای ۵ جایگاه چند شکل (SNP) بودند. این تغییرات به طور عمده از نوکلئوتیدهای شماره ۲۱۷ تا ۴۴۶ 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 مرغ بومی فارس ایران با مرغ بومی کشور آذربایجان، لگهورن سفید، مرغ ابریشمی، مرغ جنگلی خاکستری (سونراتی)، پلیموتراک پرخطدار، مرغ بومی مرنندی 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.

**کلمات کلیدی:** ژنوم میتوکندری- تعیین توالی- ناحیه بسیار متغیر ۱ (HVR-I)- ناحیه D-loop- فیلوژنی