بررسی وضعیت باتلنک در نمونه‌ای از جمعیت کبک‌ایرانی با استفاده از آنالیز ریز ماهواره‌ها

عباس کربلائیان*[1]، سیروس امیری نیا [2]، بهزاد همتی [1]و حسین عمرانی[2]

تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۰۸/۱۱
تاریخ تصویب:۱۳۹۱/۱۲/۱۰

چکیده

در این تحقیق، به منظور بررسی تنوع ژنتیکی واحتمال بروز *باتلنک* درجمعیت کبک‌ایرانی موجود در موسسه تحقیقات علوم دامی کشور که از مراتع کشور گردآوری شده بودند از ۸ نشانگر ریز ماهواره استفاده گردید. جایگاه‌های مورد استفاده عبارت بودند از: Aru 1F25، Aru1E9، Aru1E7، Aru1I 125، Aru 1G49، Aru 1K10، Aru 1A1 و Aru 1D39. جمعیت مذکور برای تمامی مکان‌های ژنی مورد مطالعه انحراف معنی داری از تعادل هاردی واینبرگ را نشان دادند. بیشترین و کمترین تعداد آلل مشاهده شده به ترتیب مربوط به جایگاه‌های Aru1G49 با 21 آلل و Aru 1K10 با ۴ آلل بود. میانگین فراوانی آللی (na)، شاخص شانون و PIC[1]، به ترتیب ۹/۳۳۳، ۱/۸۲۸۳ و ۰/۷۰۹۲ برآورد شدند. تنوع درون جمعیتی نیز بر اساس آنالیز مقادیر هتروزایگوسیتی بررسی شد. میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده شده ۰/۲۰۳ و میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار نااریب در این جمعیت ۰/۷۹۷ بود. تعداد مورد انتظار جایگاه‌های با افزایش میزان هتروزایگوسیتی با استفاده از مدل‌های IAM و TPM به ترتیب ۳/۵۶ و ۳/۵۴ بدست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب ۰/۴۳۳۱ و ۰/۰۴۲۲۸ محاسبه شد. برای بررسی وجود اختلاف معنی دار بین تعداد جایگاه هایی که افزایش تنوع ژنتیکی دارند آزمون‌های Sign test, Standardized different test وآزمون رتبه‌ای Wilcoxon – که نسبت به دو آزمون دیگر توانمند تر است – به کار گرفته شدند و بر اساس آن می‌توان گفت که در جمعیت مذکور *باتلنک* اتفاق نیفتاده است.

کلمات کلیدی: کبک‌ایرانی، نشانگرهای ریز ماهواره، هتروزایگوسیتی، *باتلنک*

۱- گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، کرج، ایران
۲- عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور
* عهده دار مکاتبات: Karbala_47@yahoo. com

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

مقدمه

تقاضا برای پرورش صنعتی سایر ماکیان و عدم وجود مزارع پشتیبان وتمرکز بخش‌های مرغ مادر، تخمگذار، گوشتی و جوجه کشی دریک مزرعه وکمبود آگاهی‌های اصلاح نژادی در بین پرورش دهندگان مخاطرات زیادی را برای‌این پرندگان به همراه دارد، لذا افزایش اطلاعات از ساختار ژنتیکی پرندگانی مثل کبک و بلدرچین (۳) می‌تواند مقدمه‌ای بر برنامه ریزی‌های اصلاح نژادی آتی باشد. از آنجا که تعیین خصوصیات ژنتیکی وفنوتیپی برای تعیین اهداف اصلاح نژادی و اولویت بندی نژادها برای حفظ ذخایر ژنتیکی ضروری می‌باشد از نشانگرهای مولکولی که دارای چند شکلی بالا، توارث مندلی، سهولت کار و توزیع گسترده در طول ژنوم می‌باشند استفاده می‌شود(5). در پژوهش‌های جمعیتی بر روی کبک‌های پا قرمز که توسط Frerrero و همکاران (۲۰۰۷) با استفاده از ۱۶ نشانگر ریز ماهواره انجام شد و همچنین تحقیقات بروفه (۱۳۸۹) که بر روی جمعیت کبک‌ایرانی موجود در موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، با استفاده از ۸ نشانگر ریز ماهواره انجام شد، آلل‌های جدیدی که معرف وجود پلی مورفیسم در جایگاه مذکور بودند شناسایی شدند. علاوه براین مطالعات متعددی در خصوص بررسی روابط خویشاوندی و تفاوت‌های ژنتیکی به کمک نشانگرهای ریز ماهواره‌ای برای کبک گزارش شده است(۱۲، ۱۱، ۴).این تحقیق به عنوان دومین بررسی بر روی ساختار ژنتیکی کبک ایرانی در آزمایشگاه بیوتکنولوژی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور انجام شده است. به طور کلی *باتلنک* به کاهش ناگهانی تعداد افراد جمعیت در اثر وقوع حوادث مختلف گفته می‌شود. علایم افت همخونی[1] پس از کاهش اندازه جمعیت موثر موجب افزایش آمیزش خویشاوندی در جمعیت پدیدار می‌شود. واریانس ژنتیکی نیز معمولاً کاهش می‌یابد و بسیاری از آلل‌ها از مخزن ژنی حذف می‌شوند ولذا فراوانی‌های ژنی دستخوش تغییر می‌شوند. در جمعیت‌های مبتلا به *باتلنک*، احتمال باقی ماندن ژن‌هایی با فراوانی بالاتر بیشتر وهمچنین احتمال کاهش و عدم وجود ژن‌های نادر بسیار زیاد است و به دلیل ثبات آلل‌های کشنده و کاهش واریانس ژنتیکی بر روی مقاومت و سازگاری فرد تاثیر منفی می‌گذارد. ضمناً به دلیل کاهش اندازه موثر جمعیت، موتاسیون‌های مفید کمتری رخ می‌دهد و به سبب رانده شدن ژنی بسیاری از آلل‌های مفیدی که در اثر موتاسیون قبلاً ایجاد شده بود نیز حذف خواهند شد(۸)، لذا بسیاری از جمعیت‌های *باتلنک* یافته به این ترتیب منقرض شده و یا در معرض خطر انقراض قرار می‌گیرند. هدف از این تحقیق بررسی احتمال بروز *باتلنک* در نمونه‌ای از جمعیت کبک‌ایرانی موجود درموسسه تحقیقات علوم دامی کشور می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در تحقیق حاضر از ۱۲۰ قطعه کبک ۵ ماهه موجود درموسسه تحقیقات علوم دامی (جمع آوری شده از مراتع کشور)، ۲۰۰ میکرولیتر خون گرفته شد وسپس استخراج نمکی DNA صورت گرفت (۷). پس از استخراج DNA،

1- Inbreeding Depression

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

برای تعیین کیفیتDNA ژنومی از دو روش اسپکتروفتومتری و ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد(۵).

برای تعیین میزان چند شکلی [1](PIC)به عنوان یکی از معیارهای مناسب در مطالعه تنوع ژنتیکی, تعداد آلل [2], تعداد آلل موثر[3] و میزان هتروزایگوسیتی از آغازگرهای طراحی شده توسط Ferrero (۲۰۰۷) استفاده شد. توالی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق، در صورت جدول شماره ۱ مشاهده می‌شود. برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز از بافر PCR، dNTPs، $MgCl_2$ و آنزیم Taq پلیمراز ساخته شده توسط شرکت Gene Craft آلمان استفاده شد.

برنامه‌های دمایی واکنش زنجیره‌ای پلیمراز شامل ۳۵ سیکل تکثیر با دمای واسرشت اولیه ۹۴ درجه سیلسیوس به مدت ۲ دقیقه، دمای واسرشت ۹۴ درجه سیلسیوس به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال پرایمر متغیر(جدول ۲) به مدت ۳۰ ثانیه، دمای گسترش ۷۲ درجه سیلسیوس به مدت ۳۰ ثانیه و دمای گسترش نهایی ۷۲ درجه سیلسیوس به مدت ۵ دقیقه بود. محصول واکنش زنجیره‌ای پلیمراز روی ژل پلی اکریلامید ۸% الکتروفورز و متعاقبا باروش نیترات نقره رنگ آمیزی گردید (۹) و سپس تعیین ژنوتیپ صورت گرفت و داده‌های حاصل با استفاد از نرم افزار POPGENE (۱۳) و برای اطمینان بیشتر توسط نرم افزار GENALEX مورد آنالیز قرار گرفتند و جهت برآورد میزان باتلنک از نرم افزار BOTTLENECK استفاده شد.

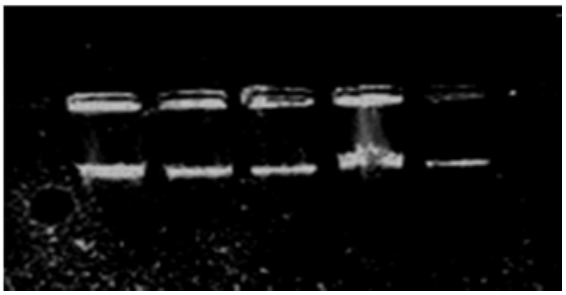
نمونه‌ها عاری از هر گونه کشیدگی و شکستگی بودند که نشان دهنده کیفیت خوب و عدم آلودگی آن‌ها بود و کیفیت آن‌ها برای انجام واکنش PCR مناسب ارزیابی گردید. کلیه نشانگرهای مورد مطالعه در این تحقیق، به جز دو نشانگر Aru1F25 و Aru1A1، پس از بهینه سازی میزان دماها و غلظت اجزای مورد استفاده در واکنشهای زنجیره‌ای پلیمراز به خوبی تکثیر شدند. محاسبه تنوع ژنی مورد انتظار دراین جمعیت از روی تعداد آلل‌های مشاهده شده انجام می‌پذیرد به‌این ترتیب برای انجام آزمون *باتلنک* مدل TPM (جهش دو مرحله‌ای) که حد واسط دومدل SMM (جهش مرحله‌ای) و IAM (آلل نامحدود) می‌باشد و نسبت به‌این دو مدل، برای ریز ماهواره‌ها مناسب تر می‌باشد، پیشنهاد می‌گردد (۲). برای تعیین معنی داربودن یا نبودن تعداد جایگاه هایی که افزایش تنوع ژنتیکی دارند سه آزمون به کار گرفته شد. آزمون Sign test، که از لحاظ آماری آزمونی ضعیف شناخته می‌شود، آزمونStandardized different test یا آزمون تفاوت‌های استاندارد شده که‌این آزمون به حداقل ۱۰ جایگاه چند شکل برای داشتن دقت بالا نیاز دارد وآزمون رتبه‌ای Wilcoxon (آزمون ناپارامتری) که نسبت به دو آزمون دیگر توانمندتر است، زیرا برای تعداد جایگاه کم و یا برای هر جمعیت با هر تعداد فرد می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد (۲).

1- Polymorphism Information Content

2- Number of alleles

3- Number of effective alleles

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)



شکل۱ –DNA استخراج شده پس ازالکتروفورز با استفاده از ژل آگارز

جدول ۱– مشخصات جایگاه‌های انتخاب شده در تحقیق حاضر

نام جایگاه	توالی آغازگرها		سایز (bp)	واحد تکرار شونده	شماره دسترسی
Aru1A1	GGAAGCCAGATGAACCAAGG	F	۲۳۲-۲۵۲	(CCAT)19	AEF54663
	ATGCATGCGTGGAGGCTGAG	R			
Aru 1D39	ATGTGGAGACCTGGCGAGGA	F	۱۵۰-۱۶۰	(GT)16	EF546639
	CCACTTCACATCAACACCCA	R			
Aru 1E7	CCACTTCACATCAACACCCA	F	۱۷۶-۲۱۲	(GGAT)12	EF546640
	GACACTGGATTTCGGTTTGG	R			
Aru 1G49	TTCTACGATCTGGTCAGCCTC	F	۲۳۳-۳۳۳	(GAGAA)31	EF546648
	GCACTTCTTCAGGCGCAGCT	R			
Aru 1I121	TTCTACGATCTGGTCAGCCTC	F	۹۱-۹۷	(GCT)8	EF546649
	TGCCTGCTAAGGAGCCCAC	R			
Aru 1E93	CACGTCAATATGCTAGAGCG	F	۸۲-۱۲۶	(GACA)32	EF546642
	TGCCTGCTAAGGAGCCCAC	R			
Aru 1K10	GTGGAGAAGATATTGTTC	F	۹۱-۹۷	(GT)14	EF546651
	GGGAGCATTCATTTATTG	R			
Aru 1F25	CCTAATGCTGTGTCCACCTC	F	۱۷۴-۲۴۰	(CCAT)15	EF546645
	CCTAATGCTGTGTCCACCTC	R			

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

جدول ۲- غلظت و میزان اجزاء مورد استفاده دراین تحقیق

غلظت	اجزاءواکنش
1x	Buffer PCR
2 mM	$MgCL_2$
1.5µM	Primer Forward
1.5µM	Primer Reverse
200µM	$dNTP_S$
0.5u/reaction	Taq
150 ng/reaction	DNA
-	ddH_2O
20ML	حجم نهایی

نتایج و بحث

قبل از انجام واکنش‌های PCR، اجزا و چرخه‌های دمایی PCR طبق پیشنهاد Ferrero و همکاران (۱۹۹۶) بهینه سازی شد. اندازه آللی، تعداد آلل مشاهده شده و دمای اتصال برای هر جایگاه بررسی و به شرح جدول شماره ۱ نشان داده شده است. همچنین غلظت و میزان اجزای مورد استفاده PCR در این تحقیق به شرح جدول ۲ ارائه شده است.

در این تحقیق، دامنه مقادیر هتروزایگوسیتی مشاهده شده(Ho) از ۰/۹۴ تا یک متغیر می‌باشد که کمترین مقدار درجایگاه Aru 1D39 و بیشترین مقدار در جایگاه‌های Aru1E7, Aru1G49 می باشد و میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده شده دراین مطالعه ۰/۷۹۴ بدست آمد.

میانگین آلل موثر دراین مطالعه ۶/۲۲ بدست آمد در حالیکه Ferrero و همکاران (۲۰۰۷) که از جایگاه‌های مشابه تحقیق حاضر بر روی کبک‌های اسپانیا استفاده کرده بودند، میانگین آلل واقعی (برای ۶ جایگاه مشابه دراین تحقیق)در منطقه Cadiz را ۷/۴۵ مورد و برای منطقه Alava، ۸/۱۵ مورد گزارش نمودند. با توجه به مقادیر محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) محاسبه شده مربوط به نشانگر Aru 1G49 در جمعیت کبک‌های مورد مطالعه، با وجود تعداد ۲۱ آلل مشاهده شده در آن دارای بیشترین چندشکلی است. شاخص اطلاعات شانون (I) نیز تایید کننده‌این مطلب است. همچنین نشانگر Aru 1K10 که ۴ آلل دارد، چند شکلی کمتری دارد.

با توجه به‌اینکه جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی واینبرگ نمی‌باشد (جدول شماره ۴)، لذا محاسبه تنوع ژنی مورد انتظار دراین جمعیت از روی تعداد آلل‌های مشاهده شده انجام می‌پذیرد به‌این ترتیب برای انجام آزمون *ژنتنک* مدل TPM (جهش دو مرحله‌ای) که حدواسط دومدل SMM (جهش مرحله‌ای) و IAM (آلل نامحدود) می‌باشد و نسبت به‌این دو مدل، برای ریز ماهواره‌ها مناسب‌تر می‌باشد، پیشنهاد می‌گردد (۲). برای تعیین معنی‌داربودن یا نبودن تعداد جایگاه‌هایی که افزایش تنوع ژنتیکی دارند سه آزمون به کار گرفته شد. آزمون Sign

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

test، که ازلحاظ آماری آزمونی ضعیف شناخته می‌شود، آزمون Standardized different test یا آزمون تفاوت‌های استاندارد شده که‌این آزمون به حداقل ۱۰ جایگاه چند شکل برای داشتن دقت بالا نیاز دارد و آزمون رتبه‌ای Wilcoxon (آزمون ناپارامتری) که نسبت به دو آزمون دیگر توانمند تر است، زیرا برای تعداد جایگاه کم و یا برای هر جمعیت باهر تعداد فرد می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد (۲).

جدول ۳- خلاصه‌ای از وضعیت تکثیر جایگاه‌های مورد مطالعه

نام جایگاه	دمای اتصال در این تحقیق	تعداد آلل مشاهده شده	تعداد آلل موثر در گزارش FERRERO **CADIZ /ALAVA**	دامنه اندازه آللی مشاهده شده(BP)	دامنه اندازه آللی در گزارش FERRERO
Aru1D39	۵۸	۷	۴/۵	۱۴۰–۱۷۰	۱۵۰–۱۶۰
Aru1E7	۵۵	۹	۷/۸	۱۷۵–۲۱۵	۱۷۶–۲۱۲
Aru1G49	۶۲	۲۱	۱۵/۱۵	۲۳۵–۳۳۵	۲۳۳–۳۳۳
Aru1I121	۶۲	۶	۲/۳	۹۰–۹۸	۹۱–۹۷
Aru K10	۵۲	۴	۲/۴	۹۰–۹۷	۹۱–۹۷
Aru1E93	۵۶	۹	۷/۷	۸۰–۱۲۰	۸۲–۱۲۶

جدول۴- نتایج آزمون X^2 برای تعادل هاردی- وینبرگ

نام جایگاه	دمای اتصال در این تحقیق	تعداد آلل مشاهده شده	تعداد آلل موثر در گزارش FERRERO **CADIZ /ALAVA**	دامنه اندازه آللی مشاهده شده(BP)	دامنه اندازه آللی در گزارش FERRERO
Aru1D39	۵۸	۷	۴/۵	۱۴۰–۱۷۰	۱۵۰–۱۶۰
Aru1E7	۵۵	۹	۷/۸	۱۷۵–۲۱۵	۱۷۶–۲۱۲
Aru1G49	۶۲	۲۱	۱۵/۱۵	۲۳۵–۳۳۵	۲۳۳–۳۳۳
Aru1I121	۶۲	۶	۲/۳	۹۰–۹۸	۹۱–۹۷
Aru K10	۵۲	۴	۲/۴	۹۰–۹۷	۹۱–۹۷
Aru1E93	۵۶	۹	۷/۷	۸۰–۱۲۰	۸۲–۱۲۶

Key: ns=not significant, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

جدول ۵- آزمون فرض صفر با استفاده از ۳ مدل تکامل ریزماهواره‌ای

Test/Model	IAM		TPM		SMM	
	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال
Sign test	۳/۵۶	۰/۴۳۳۱	۳/۵۴	۰/۰۴۲۲۸	۳/۵۵	۰/۵۲۵۶۶
Wilcoxon test	۳/۵۱۷	۰/۰۰۰۲۲	۲/۹۱۰	۰/۰۰۱۸۰	۱/۲۳۴	۰/۰۱۰۸۵
Standardized different test	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۰/۹۷۶۵۶	۰/۳۹۰۶

در مطالعه حاضر تعداد مورد انتظار جایگاه‌های با افزایش میزان هتروزایگوسیتی با استفاده از مدل IAM و TPM به ترتیب ۳/۵۶ و ۳/۵۴ بدست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب ۰/۴۳۳۱ و ۰/۰۴۲۲۸ محاسبه شد که بر اساس آن می‌توان گفت *بوتلنک* اتفاق نیفتاده است (جدول ۵).

تشکر و قدردانی

این مطالعه در محل موسسه تحقیقات علوم دامی کشورانجام گرفته است، که بدینوسیله از کلیه مسئولین، هیئت علمی، کارشناسان وکلیه کارکنان محترم آن موسسه و گروه محترم علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج تشکر و قدردانی می‌گردد.

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

منابع

۱- بروفه .۱۳۸۹. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت کبک ایرانی موجود در مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور با استفاده از آنالیز ریز ماهواره. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج.

۲ - سیدآبادی حمیدرضا و همکاران. ۱۳۸۸. بررسی تنوع ژنتیکی و احتمال وقوع *باتلنک* در جمعیت اسبچه خزر با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره.

۳- عمرانی. ح.، نجاتی. ا.، امیری نیا. س.، اسماعیل خانیان. س.، علیوردی نسب. ر.، جوانروح. ع.، ۱۳۸۸. آنالیز تنوع ژنتیکی در جمعیت بلدرچین با استفاده از مارکرهای ریزماهواره. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور. گزارش نهایی.

4-Arruga, M. V. , HandJisterkotis E. , Monteagudo, L. V. , 2007. A comparative genetic study of two groups of chukar partridges (Alectorise chukar) from Cyprus and Argentia using micro satellite analysis. European Journal of wild life research.

5-Ferrero, M. E. , Gonzalez, P. , DAVILA P. , 2007. Sixteen new polymorphic microsatellite markers isolated for red legged partridge (Alectoris rufa) and related species. Molecular Ecology Notes. 2007. Volume 7 Issue 6, Pages 1349 – 1351

6-Karp. A. , P. G. Isaac and D. S. Ingram. 1988. Molecular tools for screening biodiversity, Plants and Animals, First edition. Chapman & Hall, London. UK.

7-Luikart G. , Allendorf F. W. , Cornuet J. M. and Sherwin W. B. 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. The Journal of Heredity 89, 238-247.

8- Miller S. A. , Dykes D. D. and Polesky H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research 16, 1215.

9-Reed D. H, E. H. Lowe, D. A. Briscoe and R. Frankham, 2003. Fitness and adaptation in novel environment:Effect of inbreeding, prior environment and lineage.

10-Sanguinetti C. J. , Neto E. D. and Simpson A. J. G. 1994. Rapid silver staining and recovery of PCR product separated on polyacrylamide gels. Biotechniques 17, 915-919.

11- M. T. Tejedor, L. V. Monteagudo, E. Hadjisterkotis, M. V. Arruga. 2005. Genetic variability and population structure in Cypriot chukar partridges (Alectoris chukar cypriotes) as determined by microsatellite analysis. Europeian Journal of Wildlife Research. (2005) 51: 232–236.

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

12-Xin Zhou, Yu Xu, Jianghong Ran, Bisong Yue, Lusha Cao and Jing Li. 2009. Polymorphic microsatellites in Buff-throated partridge developed by cross-species amplification. Europeian Journal of Wildlife Research (2009) 55:81–83.

13- Yeh, F. C. , Yang, R. and Boyle, T. 1999. POPGENE Version 1. 31. Microsoft windows based Freeware for Population Genetic Analysis. University of Alberta. Edmonton. AB. Canada. pp. 26.

Create PDF files without this message by purchasing novaPDF printer (http://www.novapdf.com)

An investigation on bottleneck in a Persian Partridge population sample using microsatellite markers

A. Karbalaein*[1]., S. Amirinia[2]., B. Hemati[1] and H. Omrani[2]

Received Date: 01/11/2012

Accepted Date:28/02/2013

Abstract

This study was aimed to investigate the genetic variation and bottleneck probability in a Persian partridge population of the Iranian animal science institute using 8 microsatellite markers. The loci used in this study were Aru 1F25, Aru1E93, Aru1E7, Aru1I 125, Aru 1G49, Aru 1K10, Aru 1A1 and Aru 1D39. All loci in this population showed significant bias from the Hardy-Weinberg equilibrium. The maximum and minimum number for observed alleles in this study were Aru1 G49 (21 alleles) and Aru 1K10 (4 alleles) respectively. The average allele frequency (na), Shannon diversity index and Polymorphism Information Content (PIC) were 9.333, 1.8283 and 0.7092 respectively. Intra-population diversity investigated based on heterozygosity values. The averages of observed and expected unbiased heterozygosity were 0.203 and 0.797 respectively based on data analysis of the population. The numbers of expected loci with increasing of heterozygosity determined by IAM and TPM models were 3.56 and 3.54 respectively. Probability for each model was obtained 0.4331 and 0.0423 respectively. Standardized different test, Sign test and Wilcoxon test, probability values calculated in these models showed no bottleneck occurrences in the population.

Key words: Persian partridge - micro satellite markers - heterozygosity- Bottleneck

1- Department of animal science, Karaj branch, Islamic azad university, Karaj, Iran,

2- Faculty member of animal science institute

* Corresponding author (Karbala_47@yahoo.com)