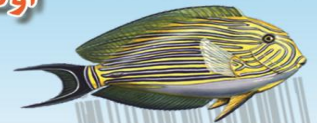




اولین همایش جایگاه DNA Barcoding در آرایه شناسی بهمن ماه ۱۳۹۰



تعیین جنسیت مولکولی پرندگان شکاری ایران با استفاده از ژن *CHD1*

رضا ولدان^۱، فروغ نجات اللهی^{۲*}، منصور علی آبادیان^۳، حمید امینی^۴

۱- دانشگاه فردوسی مشهد،

۲- دانشگاه علوم پزشکی شیراز، دانشکده پزشکی، بخش ایمونولوژی،

۳- دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده علوم پایه، گروه زیست شناسی،

۴- دفتر تنوع زیستی و حیات وحش، سازمان حفاظت محیط زیست، تهران

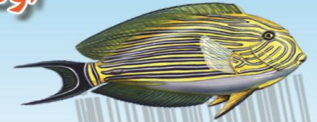
* nejatollah@sums.ac.ir

تعیین جنسیت پرندگان در مطالعات تکاملی و اکولوژی پرندگان بسیار با اهمیت می باشد که از جمله می توان به استفاده از آن در زمینه های برآورد نسبت جنسیتی، ساختار و دینامیک جمعیت از نظر جنسیت، رفتارهای وابسته به جنس و مهم تر از همه حفاظت پرندگان در معرض خطر انقراض اشاره کرد. تعیین جنسیت صحیح در پرندگان مشکلی اساسی بشمار می آید زیرا بیشتر از ۵۰ درصد پرندگان از لحاظ جنسی یک شکل هستند بنابراین تعیین جنسیت بر اساس شاخص های مورفولوژی خارجی در این پرندگان و پرندگان نابالغ مشکل به نظر می رسد. اخیراً روش های مولکولی که بر اساس تکثیر قطعاتی از ژن های *CHD1W* و *CHD1Z* استوار می باشند، به صورت گسترده جهت تعیین جنسیت پرندگان مورد استفاده قرار می گیرند. در این روش ها از یک جفت پرایمر که در دو طرف یک اینترون با طول متفاوت در ژن های *CHD1Z* و *CHD1W* قرار می گیرند، جهت تکثیر قطعه مورد نظر استفاده می شود. بر این اساس هدف از این مطالعه استفاده از ژن *CHD1* جهت تعیین جنسیت مولکولی ۲۲ گونه از پرندگان شکاری بومی ایران می باشد. این روش با موفقیت قادر به تعیین جنسیت ۲۰ گونه از پرندگان شکاری مورد مطالعه بود و قطعاتی با طول ۶۳۰ جفت باز و ۴۰۰ جفت باز به ترتیب از ژن *CHD1Z* و *CHD1W* تکثیر شدند. صحت این تکنیک از طرق تعیین توالی محصولات PCR مورد ارزیابی قرار گرفت و به صورتی نتایج تعیین توالی تایید کننده اختصاصیت قطعه تکثیر شده در هر دو ژن بود. در مجموع این روش به عنوانی روشی سریع و دقیق و غیر تهاجمی جهت جنسیت پرندگان شکاری مطرح می شود

واژه های کلیدی: تعیین جنسیت- پرندگان شکاری- ژن *CHD1*



اولین همایش جایگاه DNA Barcoding در آرایه شناسی
بهمن ماه ۱۳۹۰



**Molecular sex identification of Iranian birds of prey using
CHD1Z and *CHD1W* gametologs**

Reza Valadan^{*1}, Forough Nejatollahi^{*2}, Mansour Aliabadian³, Hamid Amini⁴

1- Department of biology, Faculty of science, Ferdowsi university of mashhad, mashhad

2- Department of immunology, Shiraz university of medical science

3- Department of biology, Faculty of basic science, Ferdowsi university of Mashhad

4- Wildlife Bureau, Department of the Environment, Tehran

nejatollah@sums.ac.ir *

Sex identification in birds is important for studies in evolution and ecology, including sex ratio estimation, population dynamics and structure, sex-biased and mating behavior, and also for the conservation of endangered avian species. Accurate sex identification in birds poses a difficult problem since over 50% of avian species are sexually monomorphic, and thus it is difficult to sex monomorphic and even immature biomorphic birds from external morphology. Recently, PCR methods based on the amplification of different-length intron fragments of Chromo-helicase DNA binding protein 1 gene (*CHD1W* and *CHD1Z*), have been extensively used to sex most non-ratites birds. These methods employ a primer pair flanking an intron which varies considerably in length between *CHD1W* and *CHD1Z*. Accordingly *CHD1Z* is amplified in both sexes, while *CHD1W* is only amplified in females which enable accurate and rapid sex identification. The objective of this study was to we test the applicability of *CHD1* in sexing of 22 endemic raptor birds of Iran. In this study 20 species were successfully sexed using *CHD1W* and *CHD1Z* genes and in the each species fragments of 630bp and 400bp were amplified for *CHD1Z* and *CHD1W* respectively. The accuracy of this assay was verified by DNA sequencing of the PCR products from the opposite sexes. Results of DNA sequencing indicated the specific amplification of non-equal fragments of *CHD1Z* and *CHD1W* in both sexes. The results showed that this method could be used for accurate and non-invasive sex identification in raptor birds.

Keywords: Molecular sex identification-Raptor birds-*CHD1Z* and *CHD1W*