

عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی و اثر انتخاب ژن های RNA ریپوزومی و ناقل در ژنوم میتوکندری شترهای تک کوهانه و دو کوهانه

محل انتشار:

فصلنامه محیط زیست جانوری، دوره 11، شماره 1 (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسندگان:

زهرا رودباری - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، جیرفت، ایران

خدیجه نصیری - گروه فیزیولوژی، دانشکده علوم ورزشی، دانشگاه مازندران، بابل، ایران

خلاصه مقاله:

حفاظت از ذخایر ژنتیکی با آگاهی از ساختار ژنتیکی و بررسی ژنوم میتوکندری بین و درون گونه ای یک شاخص مناسب از میزان تنوع ژنتیکی جهت مطالعه ژنتیک جمعیت است. از آن جایی که ژن های غیرکدکننده ۱۲S RNA، ۱۶S RNA و tRNA عناصر تنظیمی درگیر در همانندسازی و رونویسی میتوکندری می باشند، در این پژوهش توالی های ۲ rRNA و ۲۲ tRNA موجود در ژنوم میتوکندریایی شترهای تک کوهانه و دوکوهانه مقایسه و مورد تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیکی قرار گرفت. نتایج نشان داد که در مقایسه توالی ژن های RNA غیرکدکننده شترهای تک کوهانه و دوکوهانه ۴۶ نوکلئوتید در توالی ۴۵، ۱۶S RNA، نوکلئوتید در ۱۲S RNA و ۴۴ نوکلئوتید در tRNA متغیر می باشد که تنها ۲ ژن rRNA و ۴ ژن از tRNA نسبت به تست های تکامل خنثی معنی دار بودند. بررسی پیامدهای ساختاری این نوکلئوتیدهای متغیر با استفاده از مدل سازی تایید کرد که تنها نوکلئوتیدهای متغیر در حلقه D از ژن tRNA-Trp سبب تغییر شکل فضایی ساختار برگ شبدری tRNA تربیتوفان و انرژی آزاد گیبس می شود. براساس تجزیه و تحلیل های این پژوهش ژن های RNA غیرکدکننده ژنوم میتوکندری گونه های شتر حفاظت شده اند.

کلمات کلیدی:

ژنوم میتوکندری، اثر انتخاب، حفاظت ژنتیکی، نواحی غیرکدکننده

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1305536>

