

## عنوان مقاله:

بررسی تنوع ژنتیکی بز و حیوانات اهلی با استفاده از ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی

## محل انتشار:

چهارمین همایش سراسری کشاورزی و منابع طبیعی پایدار (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

## نویسندگان:

وحیده کریمی عوری - دانشجوی کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی

نعمت هدایت ایوریق - استادیار علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی

رضا سیدشریفی - استادیار علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی

سعید نیک بین - استادیار علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی

## خلاصه مقاله:

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی بین بز و حیوانات اهلی ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی مناسب ترین ژندرمطالعات فیلوژنتیک، و ژنتیک جمعیت بشمار می رود. توالی های نوکلئوتیدی مربوط به ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی حیوانات اهلی از طریق بانک ژن موسسه اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا (NCBI) به دست آمد. سپس با استفاده از نرم افزارهای بیوانفورماتیک بعد از ویرایش و همردیف سازی جهت بررسی تفاوت های گونه ای و شرایط موجود در جمعیت ها مورد استفاده قرار گرفت. طول کلی توالی پس از ردیف بندی 625 جفت باز بود و 323 جهش اتفاق افتاده بود. در 59 توالی بدست آمده 36 هاپلوتیپ DNA میتوکندریایی یافت شد از بین گونه های اهلی گونه های گوسفند و خوک به ترتیب کمترین فاصله ژنتیکی (0/13881) و بیشترین تمایز ژنتیکی (0/24542) را نسبت به بز داشتند در بین دام های اهلی جمعیت بز بیشترین و گاو بدون کوهان کمترین تمایز ژنتیکی را داشتند کمترین مربوط به گاو بدون کوهان است.

## کلمات کلیدی:

تنوع ژنتیکی، تمایز ژنتیکی، DNA، میتوکندریایی، آنالیز بیوانفورماتیکی

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/472472>

