

عنوان مقاله:

تجزیه و تحلیل ژنتیکی و فیلوژنتیکی ناحیه D-loop در شترهای تک کوهان و دوکوهان ایران

محل انتشار:

مجله پژوهش در نشخوارکنندگان، دوره 3، شماره 2 (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 18

نویسندگان:

مرجان ازغندی - دانشگاه فردوسی

مجتبی طهمورث پور - دانشگاه فردوسی مشهد

خلاصه مقاله:

چکیده: نژادهای بومی ایران بخشی از سرمایه ملی تلقی شده بنابراین شناسایی و حفظ آن ها اهمیت ویژه ای دارد. توجه بیشتر به این نژادها از دیدگاه ژنتیک حفاظتی با توجه به کاهش شدید جمعیت آن ها، در برخی مناطق از اهمیت زیادی برخوردار است. شتر از جمله دام های اهلی مناطق بیابانی است که می تواند چندین روز متوالی را بدون خوردن آب سپری کند و حداکثر استفاده را از مراتع بنماید، در صورتی که این امر برای سایر دام ها مشکل و اغلب غیر ممکن می باشد. این حیوان اهمیت بسیار زیادی در اقتصاد برخی از پرورش دهندگان و روستانشینان حاشیه کویر از جهت تولید شیر و گوشت و هم چنین به واسطه سواری و بارکشی دارد. این تحقیق با هدف بررسی ژنتیکی و فیلوژنتیکی توالی ناحیه دی لوپ در دو گونه شتر تک کوهانه و شتر دو کوهانه ایران انجام گرفت. نمونه خون شترهای تک کوهانه (10 نفر) از کشتارگاه مشهد و نمونه خون شترهای دو کوهانه (15 نفر) از مرکز اصلاح نژاد شهر مشکین شهر در استان اردبیل جمع آوری شد. پس از استخراج DNA توالی مورد نظر با استفاده از آغازگرهای اختصاصی به روش PCR تکثیر و توالی یابی شد. نتایج نشان داد که تمامی نمونه ها به خوبی توالی یابی شده اند، پس از تجزیه و تحلیل اطلاعات بدست آمده، 3 هاپلوتایپ در نژادهای تک کوهانه و 6 هاپلوتایپ در نژادهای دوکوهانه مشاهده گردید. نتایج درخت فیلوژنی نیز نشان داد که گونه شتر در میانه گونه های دارای توالی ثبت شده در بانک ژنی، بیشترین شباهت را با توالی های مرجع ثبت شده که مربوط به شترهای عربی می باشند دارد که این امر ممکن است به دلیل قرابت ژنتیکی بسیار نزدیک شترهای ایرانی با نژادهای عربی باشد. کلمات کلیدی: شتر بومی ایران- میتوکندری- هاپلوتایپ-

Abstract: Iranian

native species are considered as part of the national asset therefore their preservation is important. Due to severe decrease in their population size in some parts of Iran, more attention to these species from conservation genetics perspective is required. The goal of this study was to analyse the DNA sequence of the D-loop region of mitochondria in Iranian camels and draw the phylogenetic tree. For this study 10 blood samples from Dromedary and 15 blood samples from Bactrian camels were collected. After DNA extraction, D-loop region was amplified with specific primers using PCR, and then the fragments were sequenced. In studied populations, 3 and 6 haplotypes were observed in single-humped and double-humped Iranian camels, respectively. The Neighbor-Joining phylogenetic test results showed that Iranian camels have the lowest genetic distance with Arabian camels, it can be concluded that Iranian camels has genetic similarities with Arabian camels. Key words: Iranian camels- mitochondria- haplotypes- phylogenetic

کلمات کلیدی:

شتر بومی ایران، میتوکندری، هاپلوتایپ، فیلوژنی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/955249>

