Research on Animal Production, Vol. 14, No. 40, Summer 2023 p: 110-120

"Research Paper"

Analysis of the Genetic and Phylogenetic Structure of the Mitochondrial Genome of Wild and Domestic Goat Species

Batol Asghari Esfedan[1], Alireza Khan Ahmadi[2], Gholam Reza Dashab[3] and Elias Lotfi Farokhad[4]

1- PhD Graduated, Department of Animal Science, Zabol University, Zabol, Iran,
(Corresponding author: batol_asghari@yahoo.com)
2- Associate Professor, Department of Animal Science, Gonbad Kavos University, Gonbad Kavos, Iran
3- Assistant Professor, Department of Animal Science, Zabol University, Zabol, Iran
4- PhD student, Department of Animal Science, Gorgan Faculty of Agriculture, Gorgan, Iran
Received: 20 April, 2023 Accepted: 31 July, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objectives: DNA Mitochondria is one of the most commonly molecular markers for phylogenetic studies in animals due to its simple genome structure, which presents an ideal model to study evolution and genetic similarity. The aim of the present study was to investigate the divergence and percentage of genetic similarity along with the phylogenetic analysis of the eight species of wild and domestic goat based on the complete sequence of the mitochondrial genome and the separate sequences of 13 protein-coding genes for each genome.

Material and Methods: In the present study, complete mitochondrial genome sequences along with separate sequences of 13 protein-coding genes per each genome from seven wild species of goat including Markhor (*C. falcoeri*), *Capra ibex*, *Capra nubiana*, *Capra pyrenaica*, *Capra sibirica*, *Capra caucasica*, *Capra aegagrus*, and domesticated species of goat (*Capra hircus*) were retrieved from NCBI database and compared to each other. Mitochondrial genomes and genes alignment were accomplished by the MegAlign module of DNASTAR software and compared by the Clustal W method. The Sequence distances sub-section of the MegAlign module of DNASTAR also was used for the analysis of complete genome and gene sequences divergence and similarity percentage. For phylogenetic analysis, complete mitochondrial genomes and protein-coding genes' sequences were aligned using MEGA7 software.

Results: Based on the analysis, it was found that the highest similarity between the nucleotide sequences of the complete genome (99.50) of domestic goat (*Capra hircus*) and wild *Capra aegagrus* goat and the lowest percentage of similarity (93.79) between the nucleotide sequences of the complete genome of the breed *Capra nubiana*) with wild goat *Capra sibirica* goat. Also, based on the results of the phylogenetic tree, it was found that domestic goat breeds (*Capra hircus*) and wild *Capra aegagrus* goat are divided into one group and wild *Capra ibex* and *Capra pyrenaica* breeds are divided into another distinct cluster.

Conclusion: In this study, all the results obtained from complete sequences of the mitochondrial genome analysis are consistent with the results obtained from the sequence of 13 protein coding genes per each genome, which indicates the correct clustering of wild and domestic goat breeds. Therefore, mitochondrial genome sequences could be used as a suitable genetic marker for accurate phylogenetic analysis and clustering of different species of goat.

Keywords: Genetic diversity, Goat, Mitochondrial genome, Phylogenetic analysis, Sequencing

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

تجزیه و تحلیل ساختار ژنتیکی و فیلوژنتیکی ژنوم میتوکندریایی گونه های وحشی و اهلی بز

بتول اصغری اسفدن[۱]، علیرضا خان احمدی[۲]، غلامرضا داشاب[۳] و الیاس لطفی فرخد[۴]

۱- دکتری گروه علوم دامی، دانشگاه زابل، زابل، ایران، (نویسنده مسوول: batol_asghari@yahoo.com)
۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبدکاووس، ایران
۳- دانشیار گروه علوم دامی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
۴- دانشجوی دکتری گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی گرگان، گرگان، ایران
تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱/۳۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۵/۹
صفحه: ۱۱۰ تا ۱۲۰

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: DNA میتوکندریایی یکی از پرکاربردترین نشانگرهای مولکولی برای مطالعات فیلوژنتیک در حیوانات به علت ساختار ساده ژنوم آن است که یک مدل ایده‌آل برای مطالعه تکامل و تشابه ژنتیکی ارائه می‌دهد. هدف از مطالعه حاضر، شناسایی شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی و فیلوژنتیکی با استفاده از توالی کامل ژنوم میتوکندریایی به همراه توالی‌های جداگانه ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به‌طور جداگانه به ازای هر ژنوم، در بین هشت گونه بز وحشی و بز اهلی بود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی و همچنین توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به‌طور جداگانه به ازای هر ژنوم مربوط به هفت نژاد بز وحشی شامل (*C. falconeri*, *Capra nubiana*، *Capra pyrenaica*, *Capra ibex sibirica*, *Capra caucasica*, *Capra aegagrus*) و نژاد بز اهلی (*Capra hircus*) از پایگاه داده‌ها NCBI استخراج شدند. هم‌ردیفی چندگانه ژنوم‌ها و توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم، با استفاده از نرم‌افزار DNASTAR بانام MegAlign و با روش Clustal W انجام شد؛ و برای محاسبه واگرایی و درصد شباهت ژنتیکی ژنوم‌ها و توالی‌های نوکلئوتیدی از بخش دیگر نرم‌افزار DNASTAR به نام Sequence Distances استفاده شد؛ برای آنالیز فیلوژنتیکی ژنوم کامل میتوکندریایی و توالی ۱۳ ژن رمزگر با نرم‌افزاری MEGA7 هم‌تراز شدند.

یافته‌ها: بر اساس آنالیزهای انجام‌شده مشخص شد که بیشترین شباهت در بین توالی‌های نوکلئوتیدی ژنوم کامل میتوکندریایی (۹۹/۵۰) بین بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* و کمترین درصد شباهت (۹۳/۷۹) بین نژاد *Capra nubiana* با بز وحشی *Capra sibirica* وجود دارد. هم‌چنین، بر اساس نتایج درخت فیلوژنتیکی مشخص شد که نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* در یک گروه و نژاد وحشی *Capra ibex* و *Capra pyrenaica* در یک خوشه متمایز دیگر تقسیم‌بندی شده‌اند.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه، تمام نتایج بدست آمده از آنالیز توالی کل ژنوم میتوکندریایی با نتایج حاصل از توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم مطابقت داشت که نشان‌دهنده خوشه‌بندی صحیح نژادهای بز وحشی و اهلی می‌باشد؛ بنابراین می‌توان از توالی‌های ژنوم میتوکندری به‌عنوان یک نشانگر ژنتیکی مناسب در جهت تجزیه‌وتحلیل دقیق فیلوژنتیک و خوشه‌بندی گونه‌های مختلف بز استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: آنالیز فیلوژنتیکی، بز، تنوع ژنتیکی، توالی یابی ژنوم میتوکندریایی

مقدمه

گونه‌ها مشخص‌ترین واحدهای زیستی هستند که حفاظت و مدیریت تنوع ژنتیکی در آن‌ها بر اساس یک دانش جامع از ساختار جمعیت شامل تنوع ژنتیکی بین گونه‌ها و داخل گونه‌ها انجام می‌پذیرد. حفاظت از تنوع ژنتیکی عاملی کلیدی برای محافظت از حیات گونه‌ها در طولانی‌مدت است (۳۲). با مقایسه گونه‌ها و نژادهایی که در سال‌های مختلف مطالعه شده است و توالی آن‌ها در بانک ژن موجود است امکان مطالعات فیلوژنتیکی، بررسی انشقاق گونه‌ها و فاصله نسلی فراهم می‌گردد (۱۸). تجزیه‌وتحلیل فیلوژنتیکی برآوردی هستند از اینکه چگونه اعضای یک خانواده در طی دوره تکاملی از هم انشقاق پیداکرده‌اند (۴). این روابط به‌وسیله مطالعه جهش‌های جایگزینی، حذف، اضافه و جهش با آرایش مجدد تعیین می‌شود که در معرض انتخاب طبیعی قرارگرفته‌اند (۳۰). علاوه بر این تحلیل فیلوژنتیک روابط بین ژن‌ها یا قطعات ژنی را با توجه به تاریخچه‌ی مشترک ژن‌ها یا قطعات ژنی امکان‌پذیر می‌کند. با تحلیل فیلوژنتیکی و بررسی روابط تکاملی می‌توان توالی ژن‌ها را در بین جمعیت‌های مختلف مورد مقایسه قرارداد و به دنبال آن تفاوت و شباهت‌های موجود در بین توالی‌ها را شناسایی کرد (۳۱،۳۳). یکی از کاربردی‌ترین روش‌ها برای تشخیص گونه‌ها و تعیین رابطه فیلوژنی بین جمعیت‌ها و گونه‌های نزدیک به هم توالی‌یابی ژنوم میتوکندری می‌باشد (۱۸). چندشکلی DNA میتوکندریایی به‌طور وسیعی در تشخیص گونه‌ها، ترسیم فیلوژنتیکی و ارزیابی تنوع ژنتیکی درون و بین‌گونه‌ای مورداستفاده قرار می‌گیرد (۲۴). ژنوم میتوکندری برای اولین بار در دهه ۱۹۸۰ به کمک توالی یابی کامل ژنوم در چندگونه از پستانداران موردمطالعه قرار گرفت (۳۷). ازجمله مزایای DNA میتوکندری (mtDNA) در ترسیم روابط فیلوژنتیکی بین گونه‌ها، تعداد زیاد نسخه به ازای هر سلول، کوچک بودن اندازه آن نسبت به DNA هسته‌ای، وراثت‌پذیری مادری، هاپلوئید بودن و درنتیجه انجام نشدن فرایند میوز، عدم وجود نوترکیبی در آن‌ها، سرعت بالای تکامل و وجود نواحی حفاظت نشده مانند D-loop می‌باشد (۴۰). بیان ژن‌های میتوکندریایی به‌منظور سوخت‌وساز بدن، تولید انرژی و تعادل و مرگ سلولی در مهره‌داران از اهمیت به سزایی برخوردار است (۱۳). با توجه به اینکه میتوکندری منشأ مادری دارد، این خاصیت باعث تشخیص بهتر اختلافات ژنتیکی در ژنوم میتوکندریایی نسبت به ژنوم هسته شده است. در گونه‌های جانوری ژنوم

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

میتوکندریایی ۳۷ ژن را کد می‌کند که شامل ۱۳ ژن کد کننده زنجیره تنفسی، ۲۲ ژن کد کننده tRNA و ۲ ژن کد کننده rRNA می‌باشد. کد کردن tRNA و rRNA نشان‌دهنده سنتز پروتئین در میتوکندری است. ژنوم میتوکندری به‌طور مستقل تکثیر، رونویسی و ترجمه می‌شود (۱۱،۱۲). اولین توالی کامل ژنوم میتوکندری بز به طول ۱۶۷۱۵ جفت باز و طول قطعات ژنی آن از قبیل ناحیه cyt-b به طول ۱۱۳۹ جفت باز توسط Takada و همکاران گزارش گردید (۳۶). بُز (با نام علمی *Capra aegagrus hircus*) یک زیرگونه اهلی‌شده از راسته جفت‌سمان (*Artiodactyla*)، خانواده گاوان (*Bovidae*)، سرده بزهای کوهی (*Capra*) و گونه بز وحشی (*C. aegagrus*) می‌باشد. گاهی برای تفکیک میان دو جنسیت این جانور جنس ماده آن را «بُز» و جنس نر آن را «کَل»«یوور» می‌گویند. گونه‌های وحشی بز، به علت کوتاه بودن دست‌وپا، سنگین بودن قسمت جلویی بدن و ساختمان خاص سم‌ها، آن‌ها را قادر ساخته است که به‌آسانی در شیب‌های تند مناطق صخره‌ای تردد نمایند. ازنظر اتحادیه بین‌المللی حفاظت از طبیعت و منابع طبیعی (IUCN) بز وحشی در رده آسیب‌پذیر گنجانده شده است و امروزه عوامل تهدیدکننده زیستگاه‌های آن شدت بیشتری یافته‌اند. گونه‌های بز وحشی شامل *Ibex* و (*C. falcoeri*) *Markhor* می‌باشد (۴۰) . بز وحشی مارکور (*Markhor*)، قبلاً در سراسر کوه‌ها از کشمیر تا افغانستان یافت می‌شد، اما اکنون از نظر جمعیت و گستره بسیار کاهش‌یافته است. مارکور شاخدار (*C. f. falconeri*) در افغانستان، پاکستان و هند یافت می‌شود. مارکور (*C. f. megaceros*) در افغانستان و پاکستان زندگی می‌کند و بز مارکور بخاران (*C. f. heptneri*) در افغانستان، تاجیکستان، ازبکستان و ترکمنستان وجود دارد (۴۰). بزکوهی *Ibex* در اوراسیا، شمال و شرق آفریقا یافت می‌شود. گونه‌های بز وحشی که به آن‌ها *Ibex* می‌گویند عبارت‌اند از: بز کوهی آلپ (*Capra ibex*) که در کوه‌های آلپ اروپا یافت می‌شود و بزهای کوهی آلپ که در فرانسه، بلغارستان، اتریش، سوئیس، ایتالیا، آلمان و اسلوونی یافت می‌شود. بز کوهی نوبی (*Capra nubiana*) در خاورمیانه، در تپه‌های دریای سرخ سودان و همچنین ارتفاعات مصر دیده می‌شود. بز کوهی اسپانیایی یا ایبریایی (*Capra pyrenaica*) اکنون به مناطق کوهستانی شبه‌جزیره ایبری در جنوب پیرنه محدودشده است، اما درگذشته در پیرنه و جنوب فرانسه نیز وجود داشته است. تقریباً ۵۰۰۰۰ بز *Ibex* اسپانیایی در شبه‌جزیره ایبری وجود دارد. از سوی دیگر، داده‌های اخیر حاکی از وقوع رویدادهای تلاقی بین بزهای وحشی ایبری و بزهای اهلی (*Capra hircus*) است(۱۰). بز کوهی آسیایی یا سیبری (*Capra sibirica*) یک بز وحشی است که در کوهستان و در بیابان‌های آسیای مرکزی و شمال غربی هیمالیا زندگی می‌کند. این نژاد بز به‌طور گسترده در منطقه‌ای از کوه‌های هندوکش در افغانستان تا کوه‌های سایان در مغولستان پراکنده شده است. بز تور قفقاز غربی (*Capra caucasica ibex* or *west caucasica tur*) یک بز ساکن کوهستان است که بومی نیمه غربی رشته کوه‌های قفقاز در گرجستان و بخش اروپایی روسیه است. این نژاد در فهرست قرمز اتحادیه بین‌المللی حفاظت از طبیعت و منابع طبیعی (IUCN) به‌عنوان درخطر انقراض ذکرشده است، زیرا جمعیت وحشی آن بین ۵۰۰۰ تا ۶۰۰۰ رأس تخمین زده می‌شود (۳۹). بز وحشی (*Capra aegagrus*)، نام علمی بود که توسط یوهان کریستین پولیکارپ ارکسلبن در سال ۱۷۷۷ برای جمعیت بزهای وحشی کوه‌های قفقاز و توروس پیشنهاد شد. همچنین به نام بز آسیایی غربی، در ترکیه و قفقاز در غرب تا ترکمنستان، افغانستان و پاکستان در شرق یافت می‌شود و اجداد بز اهلی شناخته می‌شوند. بزهای اهلی (*C. hircus*) به‌عنوان یکی از قدیمی‌ترین دام‌های اهلی‌شده، به دلیل نقش مهمی که در کشاورزی، اقتصاد و فرهنگ از زمان انقلاب کشاورزی داشته‌اند، به‌طور گسترده در سراسر جهان پرورش داده می‌شوند (۲۷).

با در نظر گرفتن مواردی نظیر عدم وجود فرآیندهای نوترکیبی و سرعت بالاتر تکامل و تجمع جهش‌های مربوط به ژنوم هسته‌ای، ژنوم میتوکندریایی ابزار مناسبی برای انجام مطالعات تکاملی و رده‌بندی مهره‌داران و بی‌مهرگان می‌باشد. تعداد مطالعات اندکی روی ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های بز صورت گرفته است (۲۰،۲۸،۴۱) و بیشتر مطالعات به بررسی بخشی از نواحی ژنوم میتوکندریایی در این‌گونه بوده است (۳،۱۶،۱۹،۳۵). هدف از مطالعه حاضر، شناسایی شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی و درواقع بررسی واگرایی تکاملی بین گونه‌های مورد مطالعه با بررسی ساختار ژنتیکی و فیلوژنتیکی هشت گونه اصلی شناخته شده از بزهای وحشی و اهلی بر اساس توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و توالی‌های جداگانه ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم بود.

مواد و روش‌ها

داده‌های ژنوم میتوکندریایی: توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی هفت نژاد بز وحشی شامل (*C. Markhor*، *Capra pyrenaica*، *Capra nubiana*، *Capra, falcoeri*، *Capra ibex sibirica*، *Capra caucasica*، *Capra aegagrus*) همراه با ژنوم کامل میتوکندریایی نژاد بز اهلی (*Capra hircus*) از پایگاه داده NCBI استخراج شدند. اطلاعات مربوط به ژنوم میتوکندریایی نژادهای مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است. علاوه بر توالی‌های مربوط به ژنوم کامل میتوکندریایی نژادهای مورد مطالعه، توالی مربوط به ۱۳ ژن رمزگر پروتئین (CDs) به تفکیک برای هر ژنوم به‌طور جداگانه ذخیره شدند. این توالی‌ها شامل ژن‌های یوبیکوئینون اکسیدوردوکتاز (ND1، ND2، ND3، ND4، ND5 و ND6)، ژن‌های NADH، سیتوکروم C اکسیداز (COX1، COX2، COX3)، ATP سنتاز (ATP6 و ATP8)، NADH دهیدروژناز 4L (ND4L)، سیتوکروم b(CYTB) بودند که به‌طور جداگانه با یکدیگر مقایسه شدند (جدول ۲).

هم‌ردیفی: هم‌ردیفی چندگانه ژنوم‌ها و توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم، با استفاده از نرم‌افزار DNASTAR نسخه ۷/۱ با نام MegAlign و به‌وسیله نرم‌افزار Clustal W انجام شد(۹). برای محاسبه واگرایی و درصد شباهت ژنتیکی ژنوم‌ها و توالی‌های نوکلئوتیدی از

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

بخش دیگر نرم‌افزار DNASTAR به نام Sequence Distances استفاده شد.

درخت فیلوژنتیکی: جهت ترسیم درخت فیلوژنتیکی، روابط تکاملی بین ژنوم و توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین از نرم‌افزار MEGA نسخه ۶ استفاده شد. به همین منظور ابتدا توالی‌های کل ژنوم و توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین با الگوریتم Clustal W هم‌ردیف شدند و پس از آن با روش آماری Bootstrap و بر اساس ۱۰۰۰ تکرار رسم شدند.

جدول ۱- نام علمی گونه‌های مورد مطالعه به همراه شماره دسترسی آن‌ها در پایگاه NCBI با طول ژنوم‌های مزبور (bp)
Table 1. The scientific name of the studied species along with their accession numbers in NCBI with corresponding genomes' length (bp)

Name if the species نام گونه	RefSeq Accession Number شماره دسترسی	Total Base Pairs تعداد جفت باز
Capra hircus	NC_005044,2	16643
Capra nubiana	NC_020624,1	16705
Capra ibex	NC_020623,1	16716
Capra pyrenaica	NC_020625,1	16561
Capra sibirica	NC_020626,1	16583
Capra caucasica	NC_020683,1	16624
Capra falcoeri	NC_020622,1	16640
Capra aegagrus	NC_0208161,1	16625

جدول ۲- نام علمی گونه‌های مورد مطالعه و طول ۱۳ ژن رمزگر پروتئین (bp)
Table 2. The scientific name of the studied species and the length of the 13 protein-coding genes (bp)

	Genes ژن‌ها												
Species گونه‌ها	ND1	ND2	ND3	ND4	ND5	ND6	COX1	COX2	COX3	ATP6	ATP8	NDL4	CYTB
Capra hircus	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra nubiana	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra ibex	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra pyrenaica	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra sibirica	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	380
Capra caucasica	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra falcoeri	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379
Capra aegagrus	318	347	115	459	606	175	514	227	261	226	65	98	379

نتایج و بحث

هم‌ردیفی و شباهت‌های نوکلئوتیدی کل ژنوم میتوکندریایی: بیشترین شباهت در بین توالی‌های نوکلئوتیدی ژنوم کامل میتوکندریایی (۹۹/۵۰) بین بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* مشاهده شد. هم‌چنین بر اساس نتایج، کمترین درصد مشابهت توالی نوکلئوتیدی ژنوم کامل میتوکندریایی (۹۳/۷۹) مربوط به‌توالی نوکلئوتیدی نژاد *Capra nubiana* با بز وحشی *Capra sibirica* بودند. نتایج مربوط به تجزیه و تحلیل هم‌ردیفی و شباهت‌های نوکلئوتیدی توالی کامل ژنوم در شکل ۱ آورده شده است.

هم‌ردیفی و شباهت‌های نوکلئوتیدی ژن‌های رمزگر پروتئین: نتایج مربوط به واگرایی و شباهت توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر در شکل ۳ ترسیم شده است. با توجه به نتایج آنالیز واگرایی و با وجود واگرایی بین توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر در بین حیوانات مورد مطالعه، بیشترین شباهت توالی‌های نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین در بین نژاد بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* مشاهده شد. به‌طوری‌که شباهت ۱۰۰ درصدی برای ژن‌های (ND4، ND2، ND1، COX2، COX1، ATP8،ATP6، NDL4) و شباهت بیش از ۹۹ درصدی برای ژن‌های (ND6، ND5، ND3،CYTB) در بین نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* به دست آمد.

تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی کل ژنوم میتوکندریایی: بر اساس نتایج درخت فیلوژنتیکی، نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* در یک گروه قرارگرفته‌اند؛ هم‌چنین نژادهای وحشی *Capra ibex* و

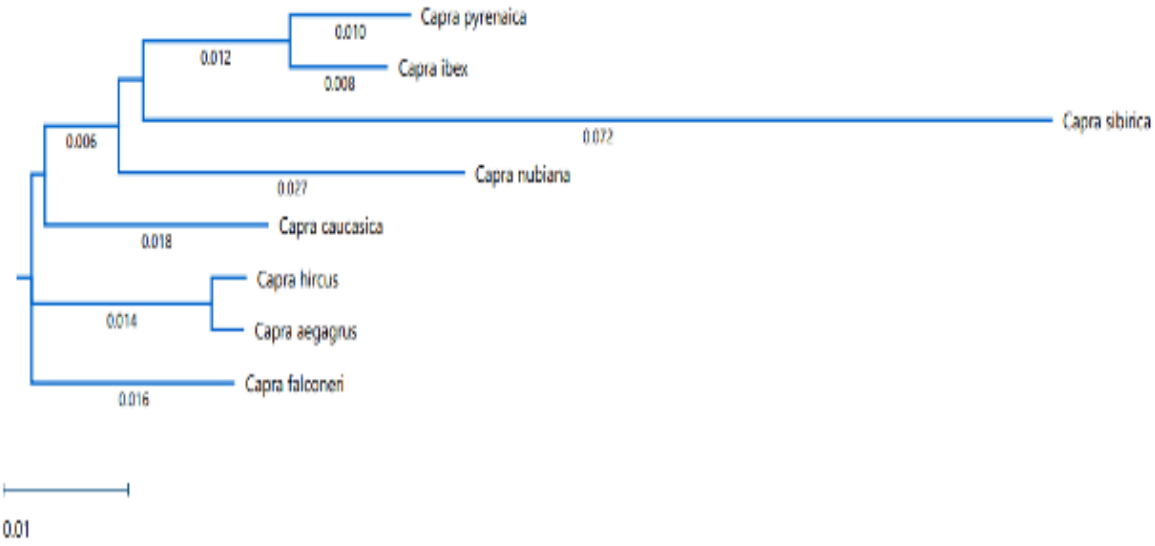
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

Capra pyrenaica در یک خوشه متمایز دیگر تقسیم‌بندی شده‌اند. نتایج مربوط به خوشه‌بندی درخت فیلوژنتیکی ژنوم کامل میتوکندریایی در شکل ۲ ترسیم شده است. همان‌گونه که در این شکل مشخص شده است چندین خوشه‌بندی برای توالی کامل ژنوم این حیوانات مشاهده می‌گردد. اعداد درج شده روی گره‌ها نشان‌دهنده درصدهای Bootstrap برای شاخه‌های داخلی بعد از ۱۰۰۰ تکرار است. طول شاخه‌ها نیز نشان دهنده تغییرات ژنتیکی است. به عبارت بهتر، هرقدر شاخه‌ای بلندتر باشد، تغییرات ژنتیکی (یا واگرایی) رخ داده در آن بیشتر است. نتایج درخت فیلوژنتیکی با نتایج مربوط به واگرایی و شباهت‌های توالی نوکلئوتیدی مطابقت دارند؛ بنابراین تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی مبتنی بر کل ژنوم میتوکندریایی منجر به خوشه‌بندی صحیح نژادهای بز می‌شود.

تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی توالی نوکلئوتیدی ۱۳ ژن رمزگز: بر اساس نتایج مربوط به درخت فیلوژنتیکی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین، نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* در یک گروه قرار گرفته‌اند؛ که این نتایج مطابق با نتایج فیلوژنتیکی کل ژنوم می‌باشد. نتایج مربوط به خوشه‌بندی درخت فیلوژنتیکی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین در شکل ۳ ترسیم شده است.

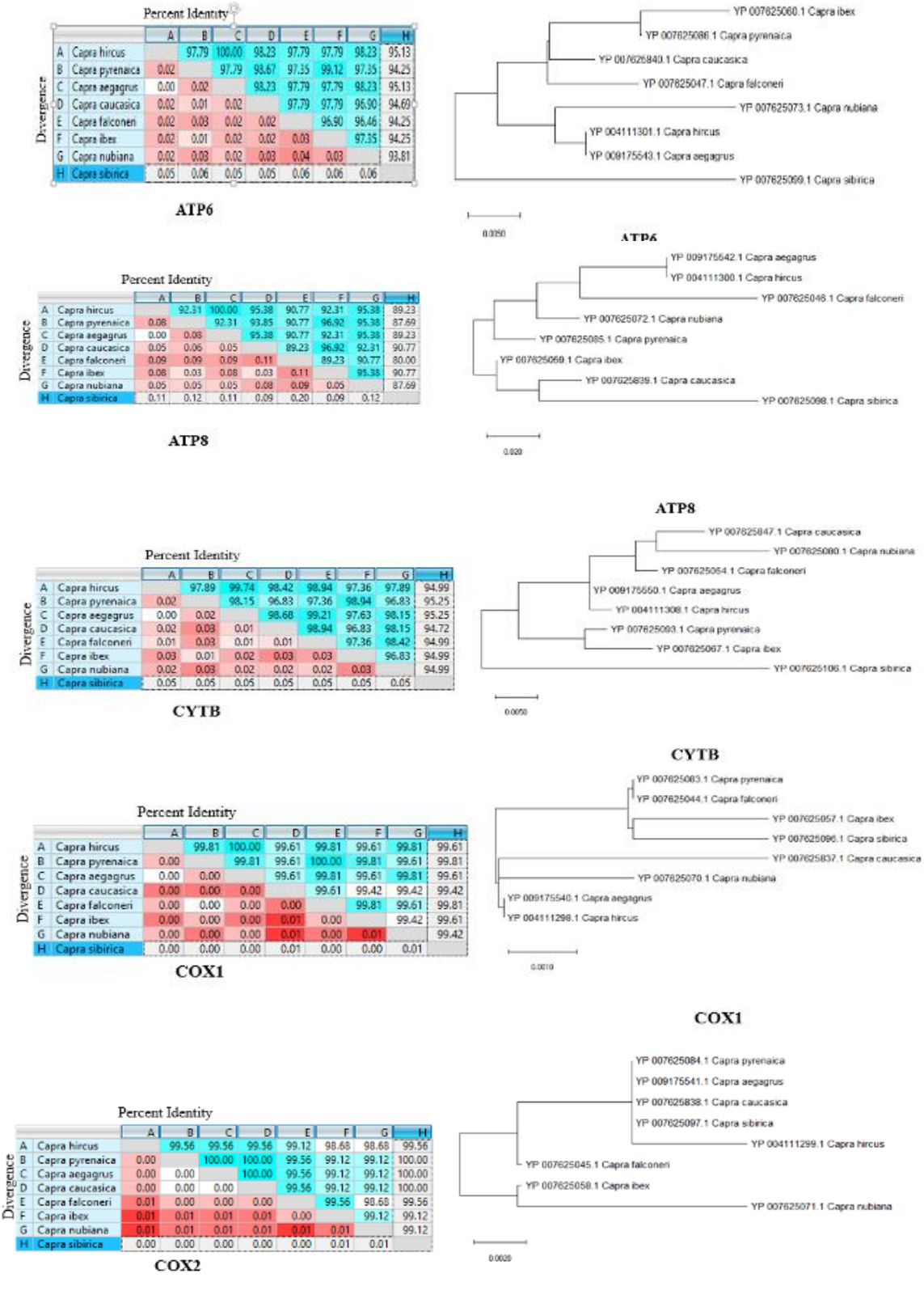
		A	B	C	D	E	F	G	H
A	Capra hircus		99.50	96.26	97.09	97.35	96.63	96.56	93.86
B	Capra aegagrus	0.01		96.28	97.19	97.33	96.62	96.52	93.85
C	Capra nubiana	0.04	0.04		96.24	96.18	96.34	96.16	93.79
D	Capra caucasica	0.03	0.03	0.04		97.21	96.61	96.49	93.81
E	Capra falconeri	0.03	0.03	0.04	0.03		96.62	96.46	93.89
F	Capra ibex	0.03	0.03	0.04	0.03	0.03		98.48	94.14
G	Capra pyrenaica	0.03	0.03	0.04	0.04	0.04	0.02		94.06
H	Capra sibirica	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	

شکل ۱- درصد شباهت و واگرایی ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بز
Figure 1. Similarity and divergence percentage of the complete mitochondrial genome of the studied species of goat



شکل ۲- درخت فیلوژنتیکی حاصل از تجزیه و تحلیل ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بز با استفاده از روش حداکثر درستنمایی
Figure 2. Phylogenetic tree of the complete mitochondrial genome of the studied species of goat by maximum likelihood method

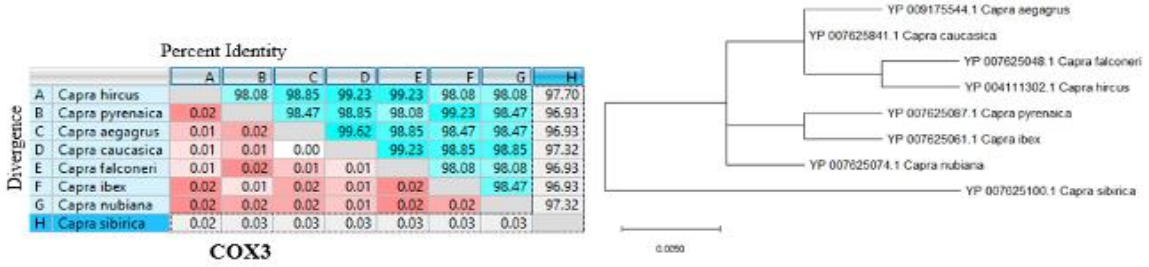
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

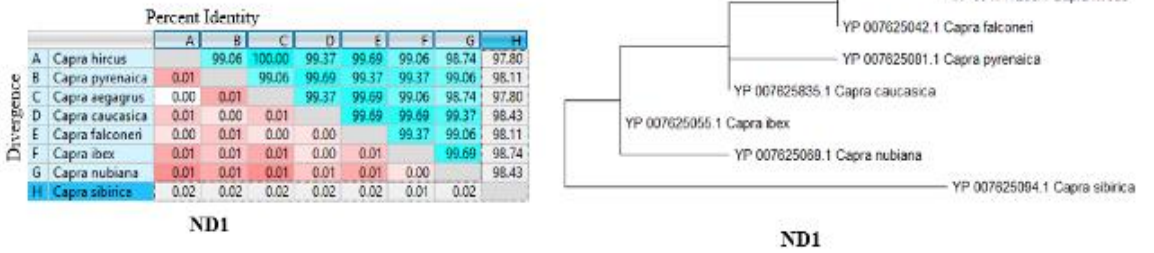


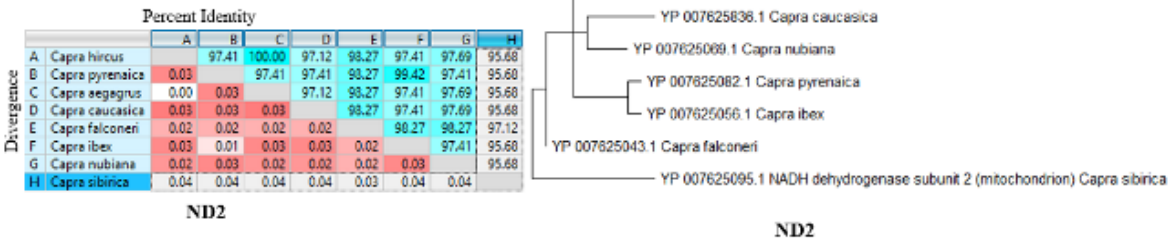
شکل ۳- درصد شباهت، واگرایی و درخت فیلوژنتیکی بر مبنای ژن‌های ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB

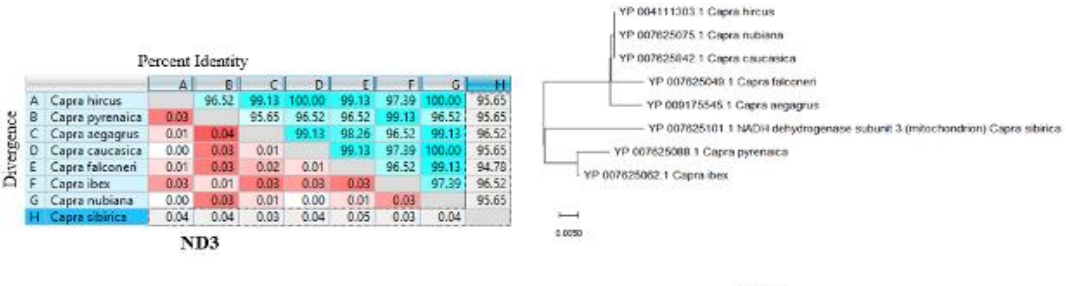
Figure 3. Identity percentage, divergence and phylogenetic tree based on ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB

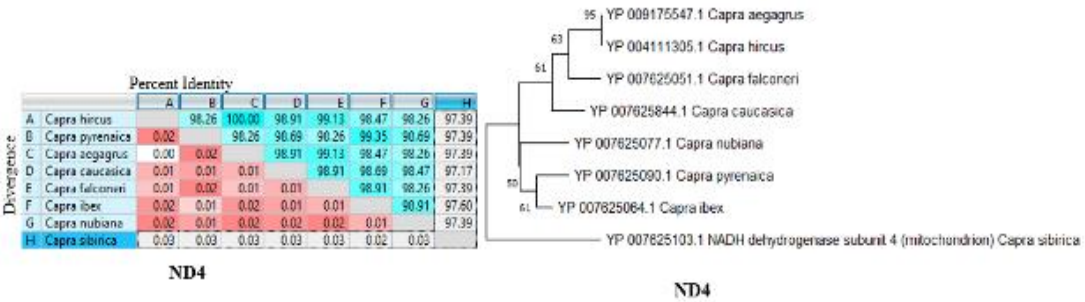
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]







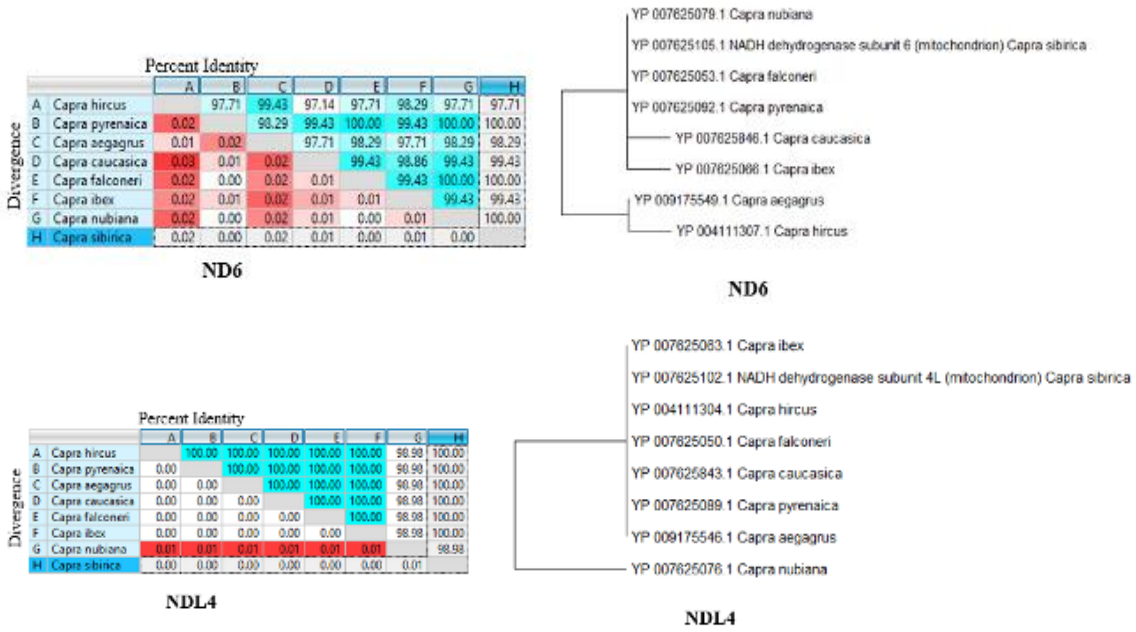




ادامه شکل ۳- درصد شباهت، واگرایی و درخت فیلوژنتیکی بر مبنای ژن‌های ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB

Continued Figure 3 Identity percentage, divergence and phylogenetic tree based on ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]



ادامه شکل ۳– درصد شباهت، واگرایی و درخت فیلوژنتیکی بر مبنای ژن‌های ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB
Continued Figure 3 Identity percentage, divergence and phylogenetic tree based on ND1، ND2، ND3، ND4، ND5، ND6، COX1، COX2، COX3، ATP6، ATP8، ND4L، CYTB

روابط تکاملی بین موجودات به‌وسیله درخت فیلوژنتیک نمایش داده می‌شود. ازآنجاییکه تکامل در طول دوره‌های زمانی طولانی که به‌طور مستقیم قابل مشاهده نیست اتفاق می‌افتد، زیست‌شناسان باید فیلوژنی‌ها را با استنباط روابط تکاملی میان جانداران امروزی بازسازی کنند. امروزه داده‌های مولکولی، شامل پروتئین و رشته‌های DNA، برای تشخیص روابط تبارزایی و ساخت درخت فیلوژنتیک استفاده می‌شود. در مطالعات تکاملی، طبقه‌بندی شامل تشکیل فیلوژنی نیز می‌گردد، درختان فیلوژنتیک مسیرهای تکاملی را نشان می‌دهند و می‌توان از آن‌ها برای درک روابط تکاملی استفاده نمود. به‌عبارت‌دیگر هر چه موجودات مورد بررسی مشابهت بیشتری در مولکول‌های توارثی داشته باشند، خویشاوندی نزدیک‌تری دارند. در بیشتر موجودات از داده‌های مربوط به‌توالی DNA برای تعیین روابط تکاملی استفاده شده است. ازآنجایی‌که چنین داده‌هایی (در مقایسه با داده‌هایی مانند داده‌های ریخت شناختی) کمتر تحت تأثیر نتایج انتخاب قرار می‌گیرند، بهتر می‌توانند روابط فیلوژنتیکی واقعی را منعکس نمایند. توالی یابی ژنوم میتوکندری یکی از کاربردی‌ترین روش‌ها برای تشخیص تنوع ژنتیکی و تعیین رابطه فیلوژنتیکی بین جمعیت‌ها و گونه‌های نزدیک به هم می‌باشد (۱۸). مقایسه توالی‌های مناطق مختلف ژنوم میتوکندری به دلیل سرعت بالای تکامل ژنوم میتوکندری در مقایسه با ژنوم هسته شواهدی را در مورد تنوع ژنتیکی و منشأ تکاملی گونه‌ها فراهم می‌کند (۲۲).

ژنوم میتوکندری در بیشتر جانوران منشأ مادری دارد و وراثت آن اکثراً به‌صورت تک والدی می‌باشد، البته در برخی جانوران مانند درزوفیلا و موش منشأ پدری هم گزارش شده است (۸). هنگام لقاح، تمام میتوکندری تخمک از طریق اووسیت وارد سلول تخم می‌شود و پروتئین‌های درون اووسیت، میتوکندری اسپرم را از بین می‌برند، درنتیجه وراثت میتوکندری به‌صورت مادری اتفاق می‌افتد (۱۴). بنابراین اگر مادر دارای جهش در ژنوم میتوکندری‌های خود باشد آن را به تمام فرزندانش (اعم از دختر و پسر) انتقال می‌دهد، اما تنها دخترانش آن را به فرزندانشان منتقل می‌کنند (۱۵). ژنوم میتوکندری دارای دو رشته زنجیره سبک (L) و زنجیره سنگین (H) است. رشته L غنی از پیریمیدین (T+C) و رشته H غنی از پورین (G+A) است. ۹ ژن توسط رشته سبک و ۲۸ ژن توسط رشته سنگین حمل می‌شوند (۱۷). اطلاعات ژنتیکی ژنوم میتوکندری برای سنتز تمام پروتئین‌ها و آنزیم‌های موجود در این اندامک کافی نیست (۱۷). فاصله ژنتیکی را به‌عنوان معیاری از اختلاف بین جمعیت‌ها تعریف می‌کنند که به‌صورت تابعی از فراوانی ژنی بیان می‌شود و یک معیار آماری استاندارد را (به‌صورت یک عدد) برای تعیین میزان تفاوت ژنتیکی فراهم می‌کند. اگر هیچ تفاوتی وجود نداشته باشد، فاصله صفر خواهد بود و درصورتی‌که جمعیت‌ها در هیچ جایگاهی، آلل مشترک نداشته باشند، فاصله میان آن‌ها برابر با حداکثر مقدار خود یعنی ۱ خواهد بود. همان‌گونه که در این مطالعه بر اساس ژنوم کامل میتوکندریایی و همچنین توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین مشخص شد که دو نژاد بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* اختلاف ژنتیکی و یا به‌عبارت‌دیگر فاصله ژنتیکی کمی دارند و میزان شباهت بین این دو نژاد بسیار بالاست.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

در آنالیزهای درخت فیلوژنتیکی، وجود تعداد بیشتر شاخه‌های درخت نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالاست. تنوع ژنتیکی نزدیک جمعیت‌ها بیانگر منشأ مشترک و یا وجود جریان ژنی میان آن‌ها و یا شرایط زیستگاهی مشابه می‌باشد. در این مطالعه بر اساس آنالیز درخت فیلوژنتیکی کل ژنوم میتوکندریایی و هم‌چنین توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین، مشخص شد که نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* در یک شاخه قرارگرفته و بیشترین قرابت ژنتیکی را دارا هستند و به‌عبارت‌دیگر بیانگر وجود منشأ مشترک و جریان ژنی میان آن‌ها می‌باشد.

میتوژنوم به‌عنوان یکی از ابزارهای اصلی در انجام مطالعات تکاملی و رده‌بندی مهره‌داران و بی‌مهرگان مورد استفاده قرار می‌گیرد. تاکنون مطالعات زیادی بر روی بخشی از ژنوم میتوکندریایی نژادهای مختلف بز صورت گرفته است. در بز اولین مطالعه‌ای که بر اساس قطعه کوچکی از ناحیه کنترل مرسوم به ناحیه D-Loop با هدف بررسی تکامل ژنتیکی گونه‌ها انجام شد وجود چند خط مادری کاملاً متمایز را مشخص کرد که ساختار ژئوگرافی آن‌ها کمتر از سایر گونه‌ها بود. طی این بررسی مشخص شد که خط مادری نژادهای امروزی بز مربوط به سه جمعیت پایه می‌باشد که امروزه با نام هاپلوتیپ‌های A، B و C شناخته می‌شوند و ۹۱ هزار سال پیش از هم جدا شده‌اند. این امر نشان می‌دهد که بزهای مناطق مختلف جهان یک خط مادری مشترک نداشته و مربوط به تعداد معدودی از بزهای وحشی می‌باشند(۲۳). نتایج این تحقیق نشان داد که هاپلوتیپ A به‌طور معمول در همه قاره‌ها یافت می‌شود و هاپلوتیپ B نیز احتمالا از آسیا منشأ گرفته که مطالعات آن را ثابت کرده است(۲۱). در ادامه با مطالعه بزهای بومی پاکستان هاپلوتیپ دیگری با نام هاپلوتیپ D نیز معرفی شده است(۳۵).

در یک مطالعه توالی HVR1 ناحیه D-Loop ژنوم میتوکندری باهدف بررسی ساختار ژنتیکی و تکامل نژادی بزهای کره‌ای انجام شد و نتایج به‌دست‌آمده در این تحقیق با توالی بزهای آسیایی مربوط به نژادهای چین، پاکستان، الئوس و هندوستان مقایسه شد. بر اساس نتایج این مطالعه مشخص شد که تنوع ژنتیکی و فاصله ژنتیکی کمی در داخل جمعیت وجود دارد که نشان‌دهنده هم‌خونی بالا در آن‌ها بود (۲۹). در پژوهشی، ۱۳ نژاد بز بومی در کشور چین بر اساس ناحیه سیتوکروم b بررسی شدند(۴۱). بر اساس نتایج این مطالعه مشخص شد که تنوع هاپلوئیدی در این جمعیت‌ها بالا بوده و بزهای چینی از *Capra aegagrus* منشأ گرفته‌اند. هم‌چنین پژوهش‌های زیادی روی بخش‌هایی از ژنوم میتوکندریایی بزهای ایران انجام شده است (۱،۲،۵،۶،۷،۲۵،۲۶،۳۴،۳۸).

مطالعات انجام شده بر روی بخشی از ژنوم میتوکندریایی نژادهای مختلف بز بوده است و ازآنجاییکه تجزیه‌وتحلیل بر اساس محدوده‌های کوتاه از ژنوم میتوکندریایی ممکن است درختان تبارشناسی تولید کند که فاقد دقت و توجیه آماری در نتایج حاصله باشند (۳۶) ، مطالعه حاضر با هدف بررسی ساختار کل ژنوم میتوکندریایی و ۱۳ ژن رمزگر پروتئین در نژادهای وحشی و اهلی بز انجام شد تا بتوان اطلاعات دقیق‌تر و جامع‌تری از تفاوت‌ها و شباهت‌های این نژادها به دست آورد.

نتیجه‌گیری کلی

در مطالعه حاضر، توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین در بزهای وحشی و اهلی در جهت شناسایی شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنتیکی و فیلوژنتیکی مورد بررسی قرار گرفتند. بر اساس نتایج ژنوم کامل میتوکندریایی مشخص شد که بیشترین (۹۹/۵۰) در بین توالی‌های نوکلئوتیدی ژنوم کامل میتوکندریایی به ترتیب مربوط به بز اهلی (*Capra hircus*) با بز وحشی *Capra aegagrus* و کمترین شباهت (۹۳/۷۹) بین بز وحشی *Capra nubiana* با بز وحشی *Capra sibirica* بودند. هم‌چنین بر اساس نتایج آنالیز درخت فیلوژنتیکی مشخص شد که نژادهای بز اهلی (*Capra hircus*) و بز وحشی *Capra aegagrus* در یک گروه و نژادهای بز وحشی *Capra ibex* و *Capra pyrenaica* در خوشه متمایز دیگر قرار گرفتند. تمام نتایج به‌دست‌آمده با نتایج حاصل از توالی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین مطابقت دارد که نشان‌دهنده خوشه‌بندی صحیح نژادهای بز وحشی و اهلی می‌باشد.

منابع

1. Abadi, M.M., N. Askari, A. Baghizadeh and A. Esmailizadeh. 2009. A directed search around caprine candidate loci provided evidence for microsatellites linkage to growth and cashmere yield in Rayini goats. Small Ruminant Research, 81(2-3): 146-151.
2. Alinaghizadeh, R., M. Mohammadabadi and S. Zakizadeh. 2010. Exon 2 of BMP15 gene polymorphism in Jabal Barez Red Goat. Agricultural Biotechnology Journal, 2(1): 69-80.
3. Amills, M., O. Ramírez, A. Tomàs, B. Badaoui, J. Marmi, J. Acosta, A. Sánchez and J. Capote. 2009. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. Animal Genetics, 40(3): 315-322.
4. AsghariEsfeden, B., G.R. Dashab, M.H. Banabazi and M. Rokouei. 2021. Analysis of Genetic Differences in Genes Associated with Immune Response Among Purebred and Crossbreed Sistani and Montebeliarde Cow Populations using RNA-Seq Data. Research On Animal Production (Scientific and Research), 12(31), 134-145.
5. Askari, N., Baghizadeh, A. and Mohammadabadi, M. 2008. Analysis of the genetic structure of Iranian indigenous Raeni Cashmere goat populations using microsatellite markers. Biotechnol, 2(3), 1-4.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

6. Askari, N., A. Baghizadeh and M. Mohammadabadi. 2010. Study of genetic diversity in four populations of Raeini Cashmere goat using ISSR markers. Modern Genet J, 5(2): 49-56.
7. Askari, N., M. Mohammadabadi, M. Beygi Nassiry, A. Baghizadeh and J. Fayazi. 2009. Study of genetic diversity of Raeini Cashmere goat based on microsatellite markers. Journal of Agricultural Science, 18(4): 155-161.
8. Bruford, M.W., D.G. Bradley and G. Luikart. 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature Reviews Genetics, 4(11): 900-910.
9. Burland, T.G. 1999. DNASTAR's Lasergene sequence analysis software. Bioinformatics methods and protocols, 71-91.
10. Cabrera, A. 1911. The subspecies of the Spanish ibex. Proceedings of the Zoological Society of London,
11. Denver, D.R., K. Morris, M. Lynch, L.L. Vassilieva and W.K. Thomas. 2000. High direct estimate of the mutation rate in the mitochondrial genome of Caenorhabditis elegans. Science, 289(5488): 2342-2344.
12. DiMauro, S. 2004. Mitochondrial diseases. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics, 1658(1-2): 80-88.
13. DiMauro, S. and G. Davidzon. 2005. Mitochondrial DNA and disease. Annals of medicine, 37(3): 222-232.
14. Excoffier, L., G. Laval and S. Schneider. 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary bioinformatics, 1, 117693430500100003.
15. Graff, C., D. Clayton and N.G. Larsson. 1999. Mitochondrial medicine–recent advances. Journal of internal medicine, 246(1): 11-23.
16. Han, L., H.-X. Yu, D.-W. Cai, H.-L.Shi, H. Zhu and H. Zhou. 2010. Mitochondrial DNA analysis provides new insights into the origin of the Chinese domestic goat. Small Ruminant Research, 90(1-3): 41-46.
17. Houshmand, M. 2014. Mitochondrial genome. Fourth National Biotechnology Conference of the Islamic Republic of Iran, Kerman, Iran, 124 pp (In Persian).
18. Hiendleder, S., H. Lewalski, R. Wassmuth and A. Janke. 1998. The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (Ovis aries) and comparison with the other major ovine haplotype. Journal of Molecular Evolution, 47: 441-448.
19. Hilmia, N., D. Rahmat, M.I.A. Dagong, S.R.A. Bugiwati, S. Sutopo, D.A. Lestari, A. Setiaji, P.R. Matitaputty, S. Sutikno and H. Mannen. 2023. Study of Kosta goat (Capra hircus) mitochondrial DNA and their phylogenetic based on whole genome sequensing. Small Ruminant Research, 221, 106937.
20. Jia, C. and Z. Wei. 2016. The complete mitochondrial genome of Shaannan White goat (Capra hircus). Mitochondrial DNA Part A, 27(6): 4086-4087.
21. Joshi, M.B. P.K. Rout, A.K. Mandal, C. Tyler-Smith, L. Singh and K. Thangaraj. 2004. Phylogeography and origin of Indian domestic goats. Molecular biology and Evolution, 21(3): 454-462.
22. Lulai, F. 2000. Investigation of genetic diversity of Barbus capito fish in Mazandaran and Gilan provinces. M.Sc. Tarbiat Modares University. Tehran, Iran (In Persian).
23. Luikart, G., L. Gielly, L. Excoffier, J.-D.Vigne, J. Bouvet and P.Taberlet. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. Proceedings of the National Academy of Sciences, 98(10): 5927-5932.
24. Meadows, J., S. Hiendleder and J. Kijas. 2011. Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. Heredity, 106(4): 700-706.
25. MOHAMMAD, A.M. 2012. Relationships of IGFBP-3 gene polymorphism with cashmere traits in Raini Cashmere goat.
26. Nabi Hasani, M., M. Asadi Fozi, A. Esmaeilizadeh and M.R. MohammadAbadi. 2011. A genetic analysis of growth traits in Raieni Cashmere goat using multivariate animal model. Iranian Journal of Animal Science, 41(4): 323-329.
27. Namgail, T. 2006. Winter habitat partitioning between Asiatic ibex and blue sheep in Ladakh, northern India. Journal of Mountain Ecology, 8(1): 7-13.
28. Niu, L., J. Hu, H. Zhang, H. Li, X. Duan, L. Wang, L. Li, H. Zhang and T. Zhong. 2016. The complete mitochondrial genome of Boer goat (Bovidae; Caprinae). Mitochondrial DNA Part A, 27(2): 1523-1524.
29. Odahara, S., H. Chung, S. Choi, S. Yu, S. Sasazaki, H. Mannen, C. Park and J. Lee. 2006. Mitochondrial DNA diversity of Korean native goats. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 19(4): 482-485.
30. Petersen, D.C., R.H. Glashoff, S. Shrestha, J. Bergeron, A. Laten, B. Gold, E.J. van Rensburg, M. Dean and V.M. Hayes. 2005. Risk for HIV-1 infection associated with a common CXCL12 (SDF1) polymorphism and CXCR4 variation in an African population. Journal of acquired immune deficiency syndromes 1999, 40(5): 521.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]

31. Pitt, D., N. Sevane, E. Nicolazzi, D. MacHugh, S. Park, L. Colli, R. Martinez, M. Bruford and P. Orozco-terWengel. 2018. Domestication of cattle: Two or threeevents? Evolutionary applications, 12 (1): 123-136.
32. Rout, P., K. Thangraj, A. Mandal and R. Roy. 2012. Genetic variation and population structure in Jamunapari goats using microsatellites, mitochondrial DNA, and milk protein genes. The Scientific World Journal, 2012.
33. Sayahzadeh, H. and H. Deldar. 2018. Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Iranian indigenous chickens based on mitochondrial D-Loop sequences. Research On Animal Production (Scientific and Research), 8(17): 140-148 (In Persian).
34. Shamsalddini, S., M. Mohammadabadi and A. Esmailizadeh. 2016. Polymorphism of the prolactin gene and its effect on fiber traits in goat. Russian Journal of Genetics, 52: 405-408.
35. Sultana, S., H. Mannen and S. Tsuji. 2003. Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. Animal Genetics, 34(6): 417-421.
36. Takada, T., Y. Kikkawa, H. Yonekawa, S. Kawakami and T. Amano. 1997. Bezoar (Capra aegagrus) is a matriarchal candidate for ancestor of domestic goat (Capra hircus): evidence from the mitochondrial DNA diversity. Biochemical Genetics, 35: 315-326.
37. Tamroosi, A., G.R. Dashab, M.H. Banabazi and A. Maghsoudi. 2021. Bioinformatics Study of mtDNA Genes in Two Subspecies of Holstein (Bos taurus) and Cholistani (Bos indicus) Cattle Using RNA-Seq Data. Research On Animal Production (Scientific and Research), 12(34): 172-184.
38. Tohidi Nezhad, F., M.R. Mohammad Abadi, A. Esmaeili Zadeh and O. Najmi Nouri. 2015. Comparison of different levels of Rheb gene expression in different tissues of Raini Cashmir goat. Agricultural Biotechnology Journal, 6(4): 37-50.
39. Weinberg, P. 2008. Capra caucasica. The IUCN Red List of Threatened Species2008, doi: 10.2305/IUCN. UK. 2008. RLTS. T3794A10088217. en.
40. Zeder, M.A., E. Emshwiller, B.D. Smith and D.G. Bradley. 2006. Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. TRENDS in Genetics, 22(3): 139-155.
41. Zhang, H., X. Duan, H. Li, L. Niu, L. Wang, L. Li, H. Zhang and T. Zhong. 2016. The complete mitochondrial genome of Chinese Tibetan goat (Capra hircus). Mitochondrial DNA Part A, 27(2): 1161-1162.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-07-01]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.12.5]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.110]