دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

بررسی تنوع ژنتیکی در میان شترهای دو کوهانه استان اردبیل

بهزاد همتی[۱]، محمد حسین بناءبازی[۲]، سعید شاه کرمی[۳]، المیرا مهندسان[۴] و پاملا برگر[۴]

۱- دانشیار، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، (نویسنده مسوول: hemati@kiau.ac.ir)
۲- استادیار، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج
۳- دانش‌آموخته کارشناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج
۴- موسسه تحقیقات ژنتیک جمعیت، دانشگاه دامپزشکی، وین، اتریش

تاریخ دریافت: ۹۴/۸/۹ تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۱/۱۴

چکیده

شتر دو کوهانه استان اردبیل در شمال غربی ایران یک ذخیره ژنتیکی ارزشمند محسوب می‌شود ولی جمعیت آن به شدت رو به کاهش بوده است. از این رو هدف ما بررسی تنوع ژنتیکی میتوکندریایی در داخل این جمعیت می‌باشد. در ۳۷ نمونه، یک ناحیه ۵۱۸ جفت بازی از DNA میتوکندریایی (mtDNA) شامل بخشی از ژن سیتوکروم b، tRNAهای اسیدهای آمینه ترئونین و پرولین و آغاز ناحیه کنترل به طور موفقیت آمیز تکثیر و با توالی مرجع mtDNA شتر دوکوهانه هم ردیف گردید. در مجموع، ۵ ناحیه چندشکل و سه هاپلوتیپ مجزا بدست آمد. هتروزایگوسیتی برآورد شده از فراوانی‌های هاپلوتیپی ۰/۵۰۳ بدست آمد که حاکی از تنوع ژنتیکی بالا و دور از انتظار در داخل جمعیت شتر دوکوهانه ایرانی است. نتایج مطالعه حاضر، کاربردهای مهمی در حفظ تنوع ژنتیکی و مدیریت تولیدات دامی داشته و موجب ثبات یا افزایش بالقوه‌ی ارزش اقتصادی شتر می‌گردد. مطالعات بیشتر با استفاده از DNA هسته‌ای همچون نشانگرهای کروموزوم Y و ریزماهواره‌ها یا چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی می‌توانند نتایج این مطالعه را تقویت نمایند.

واژه‌های کلیدی: ژنوم میتوکندریایی، چندشکلی تک نوکلئوتیدی، فراوانی هاپلوتیپی

مقدمه

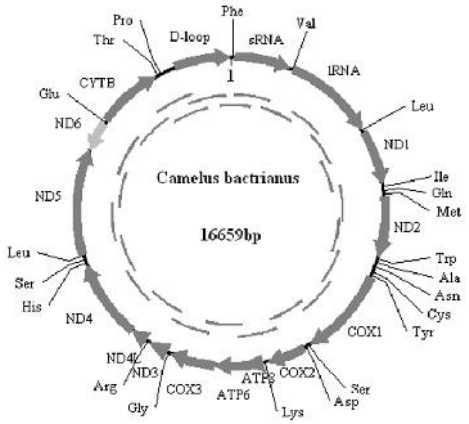
هر نژاد یا سویه حاصل فرآیندهای جهش، رانش ژنتیکی، تکامل و سازگاری مجزایی است که طی قرون متمادی حاصل گردیده است. فشار انتخاب در طی این زمان تحت تأثیر آب و هوا، انگل‌ها و بیماری‌های بومی، تغذیه و دخالت انسان تغییر کرده است. بنابراین می‌توان گفت هر نژاد مجموعه منحصر به فردی از ژن‌هاست که مخزن ژنی آن نژاد را می‌سازند. لذا تنوع درون نژادی حاکی از پتانسیل آن جمعیت برای بازسازی و نجات آن از خطر انقراض خواهد بود و مطالعه آن در اولویت مطالعات ژنتیکی حفاظت است. استفاده از نشانگرهای مولکولی و به ویژه ریزماهواره‌ها و چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی روی ژنوم کامل و ژنوم میتوکندریایی یکی از ابزارهای توانمند برای این منظور می‌باشد (۶). شتر دوکوهانه[۱] در سرتاسر آسیای مرکزی یافت می‌شود و پراکندگی شتر تک کوهانه[۲] از آسیای مرکزی و جنوب شرق آسیا تا شمال آفریقا می‌باشد (۱۲). جمعیت شتر دو کوهانه وحشی از دهه ۱۹۷۰ میلادی به شدت در خطر بوده و در وضعیت بحرانی[۳] قرار دارد (۱۳) و به عنوان یک گونه کمیاب و نزدیک به انقراض گزارش شده است (۱۴). جمعیت شتر دو کوهانه اهلی ایران نیز یکی از منابع ژنتیکی بسیار با ارزش و از سرمایه های ملی کشور است که به دلایلی از جمله عدم نیاز انسان به کاربری اصلی آن یعنی حمل بار و نیز احتمالا آمیخته‌گری با سایر گونه‌های شتر و به ویژه با شترهای تک‌کوهانه، بیش از سایر دام‌ها در معرض خطر انقراض قرار داشته و از سوی جامعه بین‌المللی حفاظت از طبیعت[۴] (ICUN) در فهرست قرمز[۵] گونه‌هایی است که به شدت با کاهش جمعیت و خطر انقراض روبرو است. جمعیت شتر دوکوهانه کشور در استان‌های آذربایجان شرقی و اردبیل و گلستان وجود دارند (۲). در حال حاضر تعداد این شتران در کشور بسیار اندک بوده و در منطقه اصلی پراکنش آن یعنی استان‌های اردبیل و تعداد بسیار معدودی در استان‌های دیگر رسیده است (۱). شاه کرمی و همکاران (۳) تنوع ژنتیکی شتر دو کوهانه کشور (۱۱۰ نفر) را با استفاده از هفت جفت آغازگر ریزماهواره‌ای مورد بررسی قرار دادند. در کل جمعیت تمامی مکان‌های ژنی مورد مطالعه انحراف معنی‌داری از تعادل هاردی- واینبرگ نشان دادند و تنوع ژنتیکی را با معیارهای میانگین الل‌های موثر و محتوای اطلاعات چند شکلی[۶] (PIC) بیان کردند. نتایج تحقیق آنها نشان داد که جایگاه‌های مورد مطالعه از چندشکلی مناسبی در جمعیت مورد مطالعه برخوردار هستند و علیرغم اندازه بسیار کم جمعیت، این گونه همچنان از تنوع ژنتیکی قابل قبولی برخوردار است، که می‌تواند به حفظ آن کمک شایانی نماید. آنالیز میتوکندریایی[۷] نشان داده است که شتر دوکوهانه وحشی باقیمانده یک تبار مجزا می‌باشد (۱۶،۱۷) ساختار و سازمان ناحیه D-loop برای چهار گونه شتر آمریکای جنوبی در آرژانتین توسط Mate و همکاران (۱۹،۱۸) گزارش شد و ناهمگنی بالایی بین آنها یافت شد. توالی و ساختار کامل ژنوم میتوکندریایی برای آلپاکا (۵،۲۶)، شتر تک‌کوهانه و شتر دوکوهانه اهلی و وحشی در دسترس است (۹). توالی ژنومی با پوشش[۸] 2X (۲۳)، ۱۵۱۶ جایگاه ریزماهواره‌ای و نیز وجود ریز آرایه‌هایی با تراکم ۷۵۰۰۰۰ نشانگر SNP برای آلپاکا امکان مطالعه بیشتر تنوع ژنتیکی شترها را تسهیل کرده است (۲۴).

1-Camelus bactrianus 2- Camelus dromedaries 3- Critically endangered 4- The International Union for Conservation of Nature (IUCN) 5- Red list 6- Polymorphic Information Content (PIC) 7- mtDNA 8- Coverage

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]

[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]

برگر و پالامری (۸) با استفاده از توالی‌یابی شات‌گان[1]، ژنوم یک شتر نر دوکوهانه را بازسازی نمودند. با متوسط پوشش معادل با ۶/۶x، ۱۱۶۰۰۰ SNP هتروزیگوت یافت شد و تنوع نوکلئوتیدی کل ژنومی مشابه با سایر چهارپایان اهلی بدست آمد. بیش از ۸۵ درصد توالی بیان شده نشان دار[2] (EST) شتر تک‌کوهانه به طور موفقیت‌آمیزی با ژنوم حاضر هم‌ردیف[3] بودند. ساختار ژنوم میتوکندریایی شتر دوکوهانه در شکل ۱ نشان داده شده است. سه توالی ژنوم میتوکندریایی به عنوان ژنوم میتوکندریایی مرجع[4] برای *C. bactrianus* به طول ۱۶۶۵۹ تا ۱۶۶۶۷ جفت باز وجود دارند (۲۱) که از توالی ثبت شده برای نوع وحشی[5] کوتاه‌تر است (۹).



شکل ۱- ژنوم میتوکندریایی شتر دوکوهانه. ژن‌های کدکننده پروتئین به رنگ سیاه تیره و ژن‌های rRNA با پیکان نمایش داده شده اند. ژن nd6، به رنگ خاکستری روشن، در جهتی مخالف با بقیه خوشه رونویسی می شود. ژن‌های tRNA با اسیدهای آمینه مربوطه شان نشان داده شده اند. در وسط شکل قطعات PCR پوشش دهنده کل ژنوم میتوکندریایی نیز نشان داده شده است

Figure 1. The mitochondrial genome of *Camelus bactrianus*. Genes encoding proteins are displayed with Dark color and rRNA genes by the arrows. The nd6 gene which showed in bright gray is transcribed in an opposite direction to the rest of the cluster. The tRNA genes are shown with their corresponding amino acids. The PCR components which covering the entire mitochondrial genome are also shown in the middle of the shape.

جی و همکاران (۱۶) روابط تکاملی بین شتر دوکوهانه اهلی و شترهای دوکوهانه وحشی باقیمانده را با استفاده از توالی ژن سیتوکروم b میتوکندریایی مطالعه نمودند. آنالیز ساعت مولکولی[6] براساس توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و با استفاده از یک نقطه کالیبراسیون فسیلی[7] (۲۵) نشان داد که این تمایز در سطح زیرگونه‌ای و تقسیم آنها به دو تبار مجزا حدود هفت هزار سال قبل آغاز شده است. آنها نتیجه گرفتند که شترهای دوکوهانه وحشی باقیمانده تبار جداگانه‌ای هستند اما جد مستقیم شترهای دوکوهانه اهلی نمی‌باشند. هدف از این مطالعه بررسی چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی و فراوانی‌های هاپلوتیپی حاصل از آن‌ها در یک ناحیه با چندشکلی بالا شامل بخشی از ژن سیتوکروم b و ناحیه کنترل روی ژنوم میتوکندریایی، در درون جمعیت شتر دو کوهانه استان اردبیل را بررسی نماییم.

مواد و روش‌ها

تعداد ۴۷ نفر شتر دوکوهانه در استان اردبیل خونگیری شدند. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل با استفاده از روش استخراج نمکی بهینه شده (۱۵) انجام شد. سپس قطعه‌ای از ژنوم میتوکندریایی به طول ۸۰۴ جفت باز از نوکلئوتید شماره ۱۵۱۲۰ تا ۱۵۹۲۸ شامل بخشی از ژن سیتوکروم b (از ۱۴۱۶۱ تا ۱۵۳۰۰)، ژن‌های کدکننده tRNAهای اسیدهای آمینه ترئونین (از ۱۵۳۰۱ تا ۱۵۳۶۱) و پرولین (از ۱۵۳۶۹ تا ۱۵۴۳۴) و بخشی از ناحیه کنترل یا D-loop (۱۵۴۳۵ تا ۱۶۶۵۹) با استفاده جفت آغازگرهای جدول ۱ با سیستم MegaBACE ۱۰۰۰ مطابق با آنچه که Burger (۷) شرح داده است، در آزمایشگاه ژنتیک جمعیت دانشگاه دامپزشکی وین[8] (اتریش) توالی‌یابی گردید. سپس کیفیت خوانش توالی‌های بدست آمده با استفاده از نرم‌افزار Chromas نسخه ۳.۴.۲ بررسی شد[9]. توالی‌های مذکور با استفاده از نرم‌افزار CodonCodeAligner نسخه ۴.۴.۲ (Dedham, MA, USA) روی ژنوم میتوکندریایی مرجع شتر دوکوهانه هم‌ردیف شده و روی کانتیگ[10] حاصله چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی و فراوانی آنها بررسی شد. در این مطالعه از ژنوم مرجع با شماره دسترسی NC_009628 در بانک ژن NCBI با طول ۱۶۶۵۹ (۱۶) به عنوان توالی مرجع برای آنالیز هم ردیفی توالی‌های به دست آمده استفاده شد. انواع هاپلوتیپ حاصل از SNPهای یافت شده و فراوانی‌های مربوطه و سپس با استفاده از فراوانی‌های هاپلوتیپی محاسبه شده، شاخص‌های تنوع ژنتیکی درون جمعیتی ازجمله هتروزایگوسیتی (He) و تعداد موثر هاپلوتیپی (Ne) با استفاده از نرم‌افزار Haplotype Analysis نسخه۱/۰۴ (۱۰) بدست آمد.

1- Shotgun Sequencing 2- Expressed Sequence Tags 3- Align 4- Reference Sequence 5- C. bactrianus ferus
6- Molecular clock 7- Fossil calibration 8- Vetmeduni Vienna (http://www.vetmeduni.ac.at)
9- http://www.technelysium.com.au/chromas.html 10- Conting

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]
[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]

جدول ۱- توالی، طول فرآورده و دمای اتصال شش جفت آغازگر مورد استفاده برای تکثیر قطعه ۸۰۴ جفت بازی مورد نظر روی ژنوم میتوکندریایی شتر دوکوهانه

Table 1. Sequence, product length, and annealing temperature for the six pairs of primers used to amplify the 804 Base pairs desired on the mitochondrial genome of *Camelus bactrianus*

نام آغازگر	دمای اتصال (°C)	طول فرآورده (جفت باز)	توالی آغازگر ('3-'5)
CB15060_CF-f	۵۷/۸		CCTAGCACTTATCCCCATACTG
CR15627_CF-r	۵۹/۰	۵۶۸	TGTGCTATGCACGAACAAGA
CB15060_CF-f	۵۷/۸		CCTAGCACTTATCCCCATACTG
tPRO15371int_CF-r	۵۴/۷	۳۱۱	TGAGTCTTAGGGAGAGTGTG
CB15279int_CF-f	۵۸/۹		AAACCGCATCCTAAAATGAAGA
CR15627_CF-r	۵۹/۰	۳۴۸	TGTGCTATGCACGAACAAGA
tPRO15402_CF-f	۵۶/۹		CCAAAGCTGGAATTCTCATT
CR16034_CF-r	۵۸/۸	۶۳۴	GGTTGTATGATGCGGGTAAATA
tPRO15402_CF-f	۵۶/۹		CCAAAGCTGGAATTCTCATT
CR15716int_CF+CD-r	۵۸/۵	۳۱۵	AGCGGGTTGATGATTTCAC
CR15641int_CF-f	۵۸/۳		TTTCCAGTCAGTACGCATATCA
CR16034_CF-r	۵۸/۸	۳۹۴	GGTTGTATGATGCGGGTAAATA

هتروزایگوسیتی بر اساس شاخص تنوع ژنتیکی نااریب Nei[1] و از فرمول زیر محاسبه شد (۲۲):

$$H_e(j) = \frac{N(j)}{N(j)-1}\left(1-\sum_{i=1}^{N_h} P^2_{(i,j)}\right)$$

فرمول ۱: شاخص تنوع ژنتیکی نااریب Nei که P(i,j) در آن فراوانی نسبی i امین هاپلوتیپ در j امین جمعیت، N_h تعداد هاپلوتیپ‌های (جایگاه‌ها) مشاهده شده و $N(j)$ اندازه نمونه در درون یک جمعیت است. تعداد موثر هاپلوتیپی[2]، یعنی عکس احتمال اینکه دو هاپلوتیپ انتخابی یکسان باشند، نیز از فرمول ۲ محاسبه شد:

$$N_e(j) = \frac{1}{\sum_{i=1}^{N_h} P^2_{(i,j)}}$$

فرمول ۲: تعداد موثر هاپلوتیپی که اجزای آن در فرمول ۱ شرح داده شد.

نتایج و بحث

از مجموع ۴۷ نفر شتر دوکوهانه، همردیفی در ۳۷ نمونه و برای ۵۱۸ جفت باز مشترک در همه آنها موفق بود. پس از کنترل کیفیت و ویرایش SNPهای به دست آمده در کانتیگ حاصل از این هم‌ردیفی، تعداد ۵ چندشکلی تک نوکلئوتیدی شناسایی شد (جدول ۲).

با توجه به نزدیکی موقعیت این SNPها روی توالی کوتاه تکثیر شده، مطالعه آنها در قالب هاپلوتیپ راهگشا خواهد بود. در نهایت، سه هاپلوتیپ به تعداد و با فراوانی‌های مندرج در جدول ۳ شناسایی شدند. جی و همکاران (۱۶)، ۱۴ هاپلوتیپ را در توالی‌های cyt b یافتند که از این میان ۱۱ هاپلوتیپ مربوط به شترهای اهلی و سه هاپلوتیپ مربوط به شترهای وحشی بودند. علیرغم اندازه بسیار کوچک جمعیت شتر دو کوهانه کشور، هتروزایگوسیتی نسبتا مطلوب (۰/۵۰۳) حاکی از تنوع ژنتیکی مناسب و مطلوب در جمعیت بسیار کاهش یافته این گونه است. این امر پتانسیل مناسبی برای بازسازی و کمک به حفاظت از این ذخیره ژنتیکی با ارزش را فراهم می نماید. شاه‌کرمی و همکاران (۳) نیز هتروزایگوسیتی مشابهی را با استفاده از هفت جایگاه ریزماهواره‌ای گزارش نموده‌اند (۰/۴۸۹). آن‌ها نیز این امر را یک مزیت در جهت کمک به حفاظت این گونه برشمرده اند.

در تحقیقاتی که توسط شش جفت آغازگر ریز ماهواره روی ۳۰ شتر غیرخویشاوند نژاد جایسالمری[3] کشور هندوستان انجام گردید، مشاهده شد هر شش جفت آغازگر مورد بررسی دارای چند شکلی بودند. تعداد آلل‌ها نیز بین دو تا پنج عدد در هر لوکوس متغیر بود. دامنه تغییرات هتروزیگوسیتی از ۰/۳۲ تا ۰/۶۵۱ و دامنه محتوای اطلاعات چند شکلی از ۰/۲۶۸ تا ۰/۵۸۵ بود (۱۱).

جانلین و همکاران (۲۸) جهت استفاده از جایگاه های شترهای دنیای جدید برای شترهای دنیای قدیم، از ۲۰ جفت جایگاه استفاده کردند. تمام جایگاه ها به جز VOLP05 به خوبی برای شترهای دنیای قدیم (تک و دوکوهانه) به کار برده شدند. ولی سه جایگاه (VOLP12, VOLP33, YWLL40) تک شکل بودند. از ۱۶ جایگاه باقیمانده، یازده جایگاه برای شترهای تک کوهان و۱۶ جایگاه برای شترهای دوکوهانه بسط داده شده بودند. میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده شده بین دو گونه مشابه بود (۰/۵۲ برای تک کوهان و۰/۵۵ برای دوکوهانه). میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار برای شترهای دوکوهانه کمی بالاتر از تک کوهانه بود (۰/۶۳ در عوض ۰/۵۵). میانگین الل مشاهده شده در دوکوهانه‌ها ۶/۸ و در تک کوهانه‌ها ۵/۴ بود.

1- Unbiased genetic diversity index (He) 2- Effective number of haplotypes (Ne) 3- Jaisalmeri

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]

[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]

جدول ۲ – تعداد ۵ چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) مشاهده شده در ۳۷ نفر شتر دو کوهانه اهلی این SNP ها حاصل از همردیفی قطعه ای به طول ۵۱۸ جفت باز بود که در تمام این افراد مشترک بوده است. فقط یکی از نمونه هایی که متفاوت بوده اند، آورده شده است. از روی این SNPها، ۳ هاپلوتیپ مجزا به دست آمد. SNP اعداد بالای جدول موقعیت نوکلئوتید مربوطه را روی ژنوم مرجع میتوکندریایی شتر دوکوهانه و نیز روی توالی قطعه تکثیر شده نشان می دهند. "–" به معنای آن است که نوکلئوتید مربوطه در نمونه مورد نظر با توالی مرجع هم خوانی دارد (یکی است). "." به معنای آن است که نوکلئوتید مربوطه در نمونه مورد نظر به خوبی تعیین توالی نشده و نوع آن مشخص نیست. اعداد پایین جدول نیز تعداد نوکلئوتیدهای جایگزین در هر موقعیت SNP را در ۳۷ فرد نشان می دهند. رنگ سبز موقعیت SNPهای واقع بر روی توالی ژن سیتوکروم b و رنگ زرد SNP های واقع بر روی توالی ناحیه D-loop را نشان می دهند

Table 2. Five single nucleotide polymorphisms (SNPs) observed in 37 domestic ovum camels. The SNPs were the result of a 518-bp fragmentation that was common in all of these individuals. Only one example that has been different from the others has been brought in this table. Three separated haplotypes were obtained from these SNPs. The numbers above the table indicates the nucleotide position number and also the sequence number of the PCR product of the camel mitochondrial reference genome. "-" means that the corresponding nucleotide in the sample is consistent with the reference sequence. "." means that the nucleotide in the sample is not well sequenced and its type is not known. The bottom numbers in the table show the number of alternative nucleotides in each SNP position in 37 individuals. The green color indicates SNPs positioning on the sequence of the cytochrome b gene and the yellow color shows the SNPs located on the D-loop region sequence.

	موقعیت روی ژنوم مرجع (bp)	۱۵۱۲۰	۱۵۱۶۰	۱۵۱۸۰	۱۵۲۶۳	۱۵۵۵۸
	موقعیت روی توالی قطعه (bp)	۱۲۴	۱۶۴	۱۸۴	۲۶۷	۵۶۲
	نوکلئوتید مورد اجماع	T	A	A	T	G
شماره نمونه	DC375	.	–	–	–	–
	DC345	–	–	–	–	–
	DC359	–	–	–	–	–
	DC369	–	–	–	–	–
	DC390	–	–	–	–	–
	DC355	C	G	T	C	–
	DC350	–	–	–	–	G
	DC378	–	–	–	–	G
	DC380	–	–	–	–	G
	توالی مرجع	T	A	A	T	A
	جمع هر نوکلئوتید	32T 1C	35A 1G	36A 1T	36T 1C	23G 14A

در تحقیقی که روی ۹۹ نفر شتر از سه نژاد مجاهیم[1]، سافر[2] و شوجه[3] در عربستان سعودی انجام شد. از ۱۶ جایگاه ریزماهواره که مورد مطالعه قرار گرفتند، در تعداد ۱۲ جایگاه، چند شکلی مشاهده شد و تعداد آلل در هر جایگاه دارای چند شکلی بین یک تا هفت مورد گزارش شد. ضمن اینکه الل شماره ۲۱۱ از جایگاه VOLP77 تنها در نژاد مجاهیم با فراوانی ۱۵ درصد و آلل شماره ۱۴۸ از جایگاه LCA18 تنها در نژاد سافر با فراوانی ۱۲درصد مشاهده گردید. هر یک از سه نژاد شترهای عربستان، هتروزیگوسیتی و چند شکلی در حد بسیار پایین و یکنواختی ژنتیکی بالایی را نشان دادند (۴). در تحقیقی دیگر که توسط ۱۶ جایگاه ریزماهواره روی ۳۰ نفر شتر غیر خویشاوند از نژاد کاچی[4] در هندوستان انجام شد تعداد ۱۳ جایگاه چند شکل گزارش شد و تعداد الل جایگاه‌های دارای چند شکلی بین دو تا شش عدد متغیر بود. پیش‌بینی هتروزیگوسیتی از ۰/۳۳۲ تا ۰/۷۹۶ و محتوای اطلاعات چند شکل در محدوده ۰/۲۷۷ تا ۰/۷۶۵ بدست آمد (۲۰). تلفیق نتایج مطالعه حاضر با مطالعات آتی روی تنوع اختصاصی کروموزوم Y به منظور پیگیری خط پدری و نشانگرهای خنثی همچون با استفاده از DNA ژنومی شامل تنوع ریزماهواره‌ای می‌تواند استنتاج فوق را تقویت نماید. از آنجایی که مطالعات متعددی نشان داده‌اند که آمیخته‌گری به ویژه بین گونه‌های مجزا از جمله بین گونه‌های اهلی و وحشی شتر دوکوهانه یک خطر بالقوه تهدیدکننده این ذخیره ژنی است، پیشنهاد می‌شود مطالعات مشابه روی سایر گونه‌های شتر در کشور و نیز آمیخته های میان آنها انجام شود تا معلوم گردد آیا آمیخته‌گری و تمایل احتمالی شتر داران کشور به این پدیده برای جمعیت در خطر شتر دو کوهانه اهلی کشور ما نیز یک خطر عمده محسوب می‌شود یا خیر؟

بر اساس این فراوانی معیارهای تنوع ژنتیکی به شرح جدول ۴ محاسبه گردید.

جدول ۳- تعداد و فراوانی سه هاپلوتیپ حاصل از ترکیب ۵ چندشکلی تک نوکلئوتیدی یافت شده روی بخشی از DNA میتوکندریایی ۳۷ نمونه شتر دو کوهانه

Table 3. Number and frequency of three haplotypes derived from the combination of 5 SNPs found on a section of the mitochondrial DNA of 37 bivalve camels

فراوانی	تعداد	هاپلوتیپ	شماره هاپلوتیپ
۰/۳۵	۱۳	۰۰۰۰۰	H1
۰/۶۲	۲۳	۰۰۰۰۱	H2
۰/۳۰	۱	۱۱۱۱۰	H3
۱	۳۷		جمع

1- Magaheem 2- Sufer 3- Shogeh

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]

[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]

جدول ۴- میزان هتروزایگوسیتی در جمعیت

Table 4. Heterozygosity rate in the population

اندازه نمونه (N)	تعداد هاپلوتیپ اختصاصی (P)	اندازه موثر هاپلوتیپی (Ne)	هتروزایگوسیتی (تنوع ژنی) (He)
۳۷	۳	۱/۹۵۹	۰/۵۰۳

تشکر و قدردانی

تحقیق حاضر به عنوان طرح تحقیقاتی مصوب دانشگاه و با حمایت مالی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج صورت گرفته است. لذا بدینوسیله از همکاری و مساعدت ریاست محترم دانشگاه، معاونت محترم پژوهش و فناوری و کلیه همکاران و عزیزانی که در انجام این تحقیق همکاری ومساعدت نموده اند تشکر و قدردانی می گردد.

منابع

1. Asadi, N., F. Afraz and M.H. Banabazi. 2010. An overview on Iranian genetic livestock resources. 11th congress on genetics. Shahid Beheshti University (In Persian).
2. Tavakolian, J. 1999. An overview on Iranian indigenous livestock genetic resources. Animal Science Research Institute of IRAN (In Persian).
3. Shah-Karami, S., F. Afraz, S.Z. Mir-Hoseini, M.H. Banabazi, N. Asadzadeh, N. Asadi, B. Hemati, A. Ghanbari and K. Razavi. 2012. Investigation of genetic population's diversity in Iranian two-humped camel (*Camelus bacterianus*), Iranian Journal of Genetic Novin, 7: 248-256 (In Persian).
4. Al-Swailem, A.M., M.M. Shehata, K.A. Al-Busadah, M.H. Fallatah and E. Askari. 2009. Evaluation of the genetic variability of microsatellite markers in Saudi Arabian camels, Journal of Food, Agriculture & Environment, 7(2): 636-639.
5. Arnason, U., A. Cullberg and A. Janke. 2004. Mitogenomic analysis provide new insights into cetacean origin and evolution. Gene 26: 27-34.
6. Barker, J.S.F. 1994. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph, Guelph, ON, 21: 501-508.
7. Burger, P.A. 2013. The use of the MegaBACE for sequencing and genotype analysis, Methods in molecular biology, 1006: 207-222.
8. Burger, P.A. and N. Palmieri. 2013. Estimating the Population Mutation Rate from a de novo Assembled Bactrian Camel Genome and Cross-Species Comparison with Dromedary ESTs, Journal of Heredity, 105: 839-846.
9. Cui, P. 2007. A complete mitochondrial genome sequence of the wild two-humped camel (Camelus bactrianus ferus): an evolutionary history of camelidae, BMC Genomics, 8: 241-252.
10. Eliades, N.G. and D.G. Eliades. 2009. Haplotype Analysis: software for analysis of haplotypes data. Distributed by the authors. Forest genetics and forest tree breeding, Georg-Augst University Goettingen, Germany.
11. Gautan, L., S.C. Mehta, R.S. Gahlot and K. Gautam. 2004. Genetic characteristication of Jaisalmeri camel using microsatellite markers. Indian J. of biotech, 4: 457-459.
12. Groeneveld, L.F. 2010. Genetic diversity in farm animals – a review, Animal Genetics, 41: 6-31.
13. Hare, J. 1997. The wild Bactrian camel Camelus bactrianus ferus in China: the need for urgent action. Oryx, 31: 45-48.
14. International union for conservation of nature and natural resources. 2009. Available at: www.iucnredlist.org.
15. Javanrouh, A., M.H. Banabazi, S. Esmaeilkhanian, C. Amirinia, H.R. Seyedabadi and H. Emrani. 2006. Optimization on salting out method for DNA extraction from animal and poultry blood cells. The 57th Annual Meeting of the EAAP. Antalya, Turkey 21-25 August.
16. Ji, R. 2009. Monophyletic origin of domestic bactrian camel (Camelus bactrianus) and its evolutionary relationship with the extant wild camel (Camelus bactrianus ferus), Animal Genetics, 40: 377-382.
17. Jianlin, H., J. Ochieng, B. Lkhagva and O. Hanotte. 2004. Genetic diversity and relationship of domestic Bactrian camels (Camelus bactrianus) in China and Mongolia. Journal of Camel Practice and Research, 12: 97-109.
18. Mate, M., F. Dirocco, A. Zambelli and L. Vidal-Rioja. 2004. Mitochondrial DNA structure and organization of the control region of South American camelids. Molecular Ecology Notes 4: 765-767.
19. Mate, M., F. Dirocco, A. Zambelli and L. Vidal-Rioja. 2007. Mitochondrial heteroplasmy in Control Region DNA of South American camelids. Small Ruminant Research, 71: 123-129.
20. Mehta S.C. and M.S. Sahani. 2007. Microsatellite markers for genetic characterization of Bikaneri camel. Indian Journal of Animal Science, 77(6): 509-512.
21. Moray, C., R. Lanfear and L. Bromham. 2014. Domestication and the mitochondrial genome: comparing patterns and rates of molecular evolution in domesticated mammals and birds and their Wild Relatives, Genome Biology and Evolution, 6: 161-169.
22. Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations Proceedings of the National Academy of Sciences. USA, 70: 3321-3323.
22. O'Brien, S., J. Pontius, W. Johnson and P. Perelman. 2008. The alpaca enters the genomic era. In: 1st International Workshop on Camelid Gene, pp: 6-9. The Alpaca Research Foundation and The Alpaca Registry Inc., Scottsdale, AZ, USA.
23. Reed, K. and L. Chaves. 2008. Simple sequence repeats for genetic studies of alpaca. Animal Biotechnology 19: 243-309.
24. Stanley, H., M. Kadwell and J. Wheeler. 1994. Molecular evolution of the family Camelidae: a mitochondrial DNA study, 256: 1-6.
25. Wheeler, J., L. Chikhi and M. Bruford. 2006. Genetic analysis of the origins of domestic South American camelids. In: Archaeology and Animal Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms, University of California Press, Berkeley, 329-341.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]

[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]

Genetic Diversity within Bactrian Camel Population of Ardebil Province

Behzad Hemati[1], Mohammad Hossein Banabazi[2], Saeid Shahkarami[3], Elmira Mohandesan[4] and Pamela Burger[4]

1 and 3- Graduated M.Sc. Student, Department of Animal Science, Islamic Azad University, Karaj Branch, Alborz, IRAN (Corresponding author: hemati@kiau.ac.ir)
2- Assistant Professor, Department of Animal Genetics & Breeding, Animal Science Research Institute of IRAN (ASRI), Agricultural Research, Education & Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
3- Associate Professor, Department of Animal Science, Islamic Azad University, Karaj Branch, Alborz, IRAN
4- Institute of Population Genetics, University of Veterinary Medicine (Vetmeduni) Vienna, Austria
Received: 31 October 2015 Accepted: 3 February 2016

Abstract

The Bactrian camel of Ardebil province, northwestern of Iran, is an adapted genetic resource and a great national wealth; however its population has dramatically decreased in numbers. Therefore, we aim to investigate the mitochondrial genetic diversity within this population. In 37 individuals, a 518-bp region of the mitochondrial DNA (mtDNA) that spanned a portion of the cytochrome b gene, the tRNAs praline and threonine, and the beginning of the control region were successfully amplified and aligned to the Bactrian mtDNA reference sequence. In total, we recovered 5 polymorphic sites and five distinct haplotypes. The heterozygosis estimated from the haplotype frequencies were 0.503 indicating an unexpected high genetic diversity within Iranian Bactrian camels. Our results have important implications for the conservation of genetic diversity and the management of livestock production to facilitate the retention of or potential increase in the camels' economic value. Further studies using nuclear DNA such as Y chromosome markers and microsatellites or single nucleotide polymorphisms are encouraged to substantiate the results of this study.

Keywords: Single Nucleotide Polymorphisms (SNP), Haplotype frequenc

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-11-19]

[DOI: 10.29252/rap.8.16.192]