



تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیکی و فیلوژنتیکی ژن های $NADH3$ و $NADH4L$ ژنوم میتوکندری شتر دو کوهانه ایران

امین شهابی^۱، مجتبی طهمورث پور^{۲*}

^۱دانشجوی مقطع دکتری، گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد.

^۲استاد گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۵/۲۲، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۰۹/۲۳

چکیده

حفظ تنوع ژنتیکی در نژادهای بومی ایران به عنوان سرمایه ملی بسیار حائز اهمیت است. بررسی توالی ژنوم میتوکندری در بین نژادها یا در درون آنها می تواند شاخص مناسبی از میزان تنوع موجود در جمعیت های مورد مطالعه باشد. هدف از پژوهش اخیر، بررسی بیوانفورماتیکی و فیلوژنتیکی توالی نوکلئوتیدی ژنهای $NADH3$ و $NADH4L$ از ژنوم میتوکندری در شترهای دوکوهانه ایرانی بود. بدین منظور ۱۰ نمونه خون از شترهای دوکوهانه ایران جمع آوری گردید. پس از استخراج DNA، تکثیر قطعه ۹۷۱ جفت بازی از ژنوم میتوکندری شتر دوکوهانه توسط آغازگرهای اختصاصی انجام گرفت. قطعات تکثیر شده پس از خالص سازی به صورت رفت و برگشت توالی یابی شدند. نتایج به دست آمده تعداد ۲ هاپلوتیپ مختلف بر اساس یک جایگاه چند شکل موجود در توالی ها نشان دادند و همچنین توالی نهایی بدست آمده از هاپلوتیپ ها با طول تقریبی ۷۱۵ جفت باز که شامل ۲۷/۷۳ درصد آدنین، ۱۳/۷۰ درصد گوانین، ۲۵/۶۳ درصد سیتوزین، ۳۲/۷۷ درصد تیمین بود. مقایسه توالی های نوکلئوتیدی و اسیدآمینه ای ژن های $NADH3$ و $NAD4L$ در شتر دو کوهانه ایرانی نشان داد که این گونه با شتر دو کوهانه اهلی دارای فاصله ژنتیکی نزدیکی است. تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی با استفاده از روش Neighbor-Joining نشان داد، که این گونه در میان خانواده شترسانان، با Lama کمترین قرابت را دارند.

کلمات کلیدی: ژن $NADH3$ ، ژن $NADH4L$ ، شتر دوکوهانه ایران، ژنوم میتوکندری.

مقدمه

آذربایجان شرقی و غربی، ایلام، قزوین و اردبیل پراکنده می باشند (Ghasemi Meymandi *et al.*, 2015). شترهای موجود در ایران را به ۵ اکوتیپ شامل کلکوهی، ترکمنی، بلوچی، جماز و دوکوهانه تقسیم می کنند (Ghasemi Meymandi *et al.*, 2015). در حوزه ژنتیک و اصلاح، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت ها می تواند کمک بزرگی برای برنامه ریزی برای طرح های اصلاح نژادی و از همه مهمتر، حفظ ذخایر ژنتیکی باشد (Alinaghizadeh *et al.*, 2010). اخیرا پیشرفت های قابل توجهی در ژنتیک مولکولی جهت کشف ژن های کانیدها در ارتباط با صفات تولید مثلی صورت گرفته است (Mousavizadeh *et al.*, 2009). استفاده از ژنتیک مولکولی کاربردهای زیادی دارد. یکی از آنها تعیین ژنوتیپ افراد برای جایگاه های ژنتیکی خاص است و یکی از کاربردی ترین راه های شناسایی موجودات در خطر انقراض استفاده از تکنیک مولکولی به خصوص استفاده از ژنوم میتوکندریایی (mtDNA) است که اساس این گونه تحقیقات بر پایه استخراج DNA، خالص سازی محصولات PCR و توالی یابی می باشد. میتوکندری اندامکی سیتوپلاسمی است، که در بیشتر سلول های بدن وجود دارند. این اندامک قادر به تولید انرژی برای سلول است. دارای DNA حلقوی اختصاصی و مستقل از DNA هسته ای است (Pirani *et al.*, 2010). ژنوم میتوکندری شتر دارای ۱۶ ژن کد کننده پروتئین

شتر از جنبه تاریخی و اقتصادی در سراسر جهان گونه مهمی می باشد و جنس شتر به دو گونه شترهای تک کوهانه (*Camelus dromedaries*) و دوکوهانه (*Camelus bactrianus*) تقسیم می شود (Al-Swailem *et al.*, 2010). زیستگاه شترهای دوکوهانه عمدتاً در مناطق صحرایی سرد چین و مغولستان بوده و نقش مهمی در اقتصاد بومی این مناطق دارند (Ji *et al.*, 2009). شترهای دوکوهانه ایران جزء گونه های در معرض خطر انقراض می باشند و زیستگاه آنها در شمال غربی ایران می باشد (Ansari-Renani *et al.*, 2010). برخلاف اهمیت اقتصادی، فرهنگی و بیولوژیکی، مطالعات مولکولی مرتبط با ژنوم شتر محدود بوده و اطلاعات زیادی در دسترس نمی باشد (Ahmed *et al.*, 2013). بر اساس آمار منتشره توسط سازمان خوار و بار جهانی در سال ۲۰۱۰ در جهان ۲۴،۶۶۴،۲۲۸ نفر شتر وجود دارد که بیشترین جمعیت آن در قاره آفریقا (۲۰،۹۵۹،۰۱۵ نفر، ۸۵ درصد) است (Ghasemi Meymandi *et al.*, 2015). در ایران ۱۵۰،۰۰۰ نفر شتر یک کوهانه وجود دارد که این تعداد شتر ۰/۵۶ درصد از جمعیت شتر جهان را شامل می شود (Ghasemi Meymandi *et al.*, 2015) و در نواحی سیستان و بلوچستان، خراسان، کرمان، یزد، هرمزگان، کهگیلویه و بویراحمد، اصفهان، سمنان، خوزستان، بوشهر، قم، گلستان، تهران، فارس،

مواد و روش ها

نمونه های خون شتر دوکوهانه ایران از ایستگاه تحقیقات منابع طبیعی و امور دام استان اردبیل (روستای جهاد آباد) تهیه و تعداد ۱۰ نمونه خون با اطمینان از عدم رابطه خویشاوندی بین نمونه ها انتخاب گردید. نمونه های خون تا زمان استخراج در لوله های حاوی EDTA در فریزر در دمای ۲۰- درجه نگهداری شد. استخراج DNA با استفاده از کیت GenNet صورت گرفت. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده به روش طیف سنجی با استفاده از دستگاه اسپکتوفتومتر Nano Drop-ND 2000 شرکت Thermo آمریکا سنجیده شد. به منظور تکثیر ژن-های NADH3 و NADH4L میتوکندری شتر دوکوهانه با طول ۹۷۱ جفت باز یک جفت آغازگر اختصاصی با استفاده از نرم افزار Primer premier 5 (Premier Biosoft, USA) و ژنوم کامل میتوکندری شتر دوکوهانه (شماره دسترسی EF212038) طراحی شد. توالی آغازگرهای طراحی شده در تحقیق اخیر به صورت زیر بود:

Forward 5'-
CGTCTGGCTGTTCTCTATGTCTC -

Reverse 5'-
TTGGTGCTGATGTCGCTATACTGA -
3'

آغازگرها به گونه ای طراحی شدند که نواحی بالادست ژن NADH3 و پایین دست ژن NADH4L را تکثیر کنند به منظور این که توالی کامل ژن ها با صحت خوانش بالا، برای آنالیزهای بیوانفورماتیکی موجود باشد. سپس، با

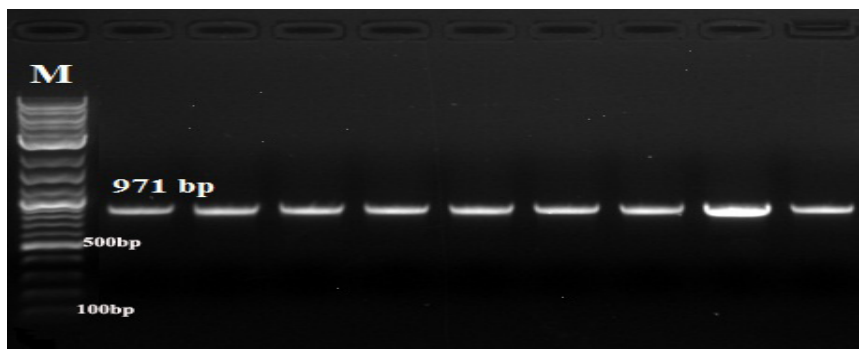
است که کدون آغازین ۱۰ عدد از این ژن ها ATG ، سه عدد آنها ATA ، کدون پایان ۷ ژن TAA و ۲ ژن آنها TAG و یکی از آنها AGA می باشد و سه ژن COX3T، ND3 و ND4 کدون پایان نرمال ندارند اما به ترتیب دارای رمزهای TA، T و T می باشند (Cui et al., 2007). جهت بررسی ارتباط تکاملی شتر دوکوهانه اهلی و شتر دو کوهانه وحشی و بررسی منشاء پیدایش شتر دو کوهانه اهلی، در تحقیقی ژن Cytb ژنوم میتوکندریایی ۲۱ شتر دو کوهانه (۱۸ نفر شتر دو کوهانه اهلی و ۳ نفر شتر دوکوهانه وحشی در کشور عربستان) توالی یابی و نتایج فیلوژنتیکی نشان داد که شتر دو کوهانه اهلی در ریشه مادری با شتر دو کوهانه وحشی جد مشترک دارد و نتایج تجزیه و تحلیل ساعت مولکولی نشان داد که زیر گونه زایی از حدود ۷۰۰ میلیون سال پیش از دو دودمان شروع شده است. بنابراین، نتیجه گرفته شد که شتر دو کوهانه وحشی دارای اصل و نسب جداگانه است و جد مشترک مستقیم با شتر دو کوهانه اهلی ندارد (Ji et al., 2009). با توجه به این که مطالعه تنوع ژنتیکی نژادهای بومی برای حفاظت از منابع ژنتیکی دامهای بومی ضروری است (Mohammadi et al., 2009) و این که تاکنون مطالعه ای در مورد ژنوم میتوکندری شتر دو کوهانه ایران گزارش نشده است، هدف این پژوهش تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیکی و فیلوژنتیکی ژن های NADH3 و NADH4L ژنوم میتوکندری شتر دو کوهانه ایران بود.

غلظت ۱۰ پیکامول به منظور تعیین توالی به شرکت MacroGen کره جنوبی ارسال گردید. این نمونه ها با استفاده از دستگاه ABI 3130 به روش اتوماتیک سانگر توالی یابی شدند. سپس با استفاده از ابزار قدرتمند BLAST و رویه blastn در پایگاه NCBI میزان همولوژی توالی های بدست آمده سنجیده شد. به منظور بررسی رابطه فیلوژنتیکی نژادهای مورد مطالعه، نمودار درختی با استفاده از رویه Neighbor-Joining توالی های همردیف شده، به کمک نرم افزار MEGA 5 (Tamura *et al.*, 2011) ترسیم گردید. تعیین هاپلوتیپ ها از رویه Disparity Index Analysis نرم افزار MEGA5 استفاده گردید.

نتایج و بحث

استخراج DNA از تمام نمونه ها با موفقیت انجام گرفت. نتایج طیف سنجی نشان داد که DNA استخراج شده از کیفیت مناسبی برخوردار است. الکتروفورز محصولات تکثیر شده بر روی آگارز ۱ درصد نشان داد که آغازگرهای طراحی شده به خوبی فعالیت نموده و قطعه اختصاصی برای ژنهای NADH3 و NADH4L به طول ۷۱۵ جفت باز و نواحی بالادست و پایین دست آنها در مجموع قطعه ۹۷۱ جفت بازی را تکثیر نمودند (شکل ۱).

استفاده از رویه BLAST موجود در پایگاه بانک جهانی ژن (NCBI)، میزان همپوشانی آنها با توالی های موجود، مقایسه گردید. واکنش زنجیره ای پلیمرز برای تکثیر قطعه ۹۷۱ جفت بازی از mtDNA شتر دوکوهانه توسط دستگاه ترموسایکلر Biometra مدل T-personal براساس روش استاندارد انجام گرفت. اجزای واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل 100 mM Tris-HCL (PH 8.8)، ۱ واحد آنزیم *Taq* پلیمرز، ۰/۲mM از هر dNTP، ۱/۵ mM از $MgCl_2$ ، ۵ pmol از آغازگر اختصاصی ژن و ۱۰۰ نانوگرم از DNA هدف که با استفاده از برنامه حرارتی واسرشت سازی در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد برای ۳۰ ثانیه، اتصال در دمای ۶۰ درجه برای ۳۰ ثانیه، تکثیر در دمای ۷۲ درجه برای ۴۵ ثانیه، یک مرحله واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتیگراد برای ۵ دقیقه و یک مرحله تکثیر نهایی در دمای ۷۲ درجه برای ۱۰ دقیقه در ۳۵ سیکل تکثیر شد. الکتروفورز محصولات واکنش زنجیره ای پلیمرز بر روی ژل آگارز ۱ درصد و رنگ آمیزی ژل با اتیدیوم بروماید صورت گرفت. مقدار ۱۰۰ میکرولیتر از محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز، خالص سازی شد و به همراه ۵۰ میکرولیتر از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت مورد استفاده با

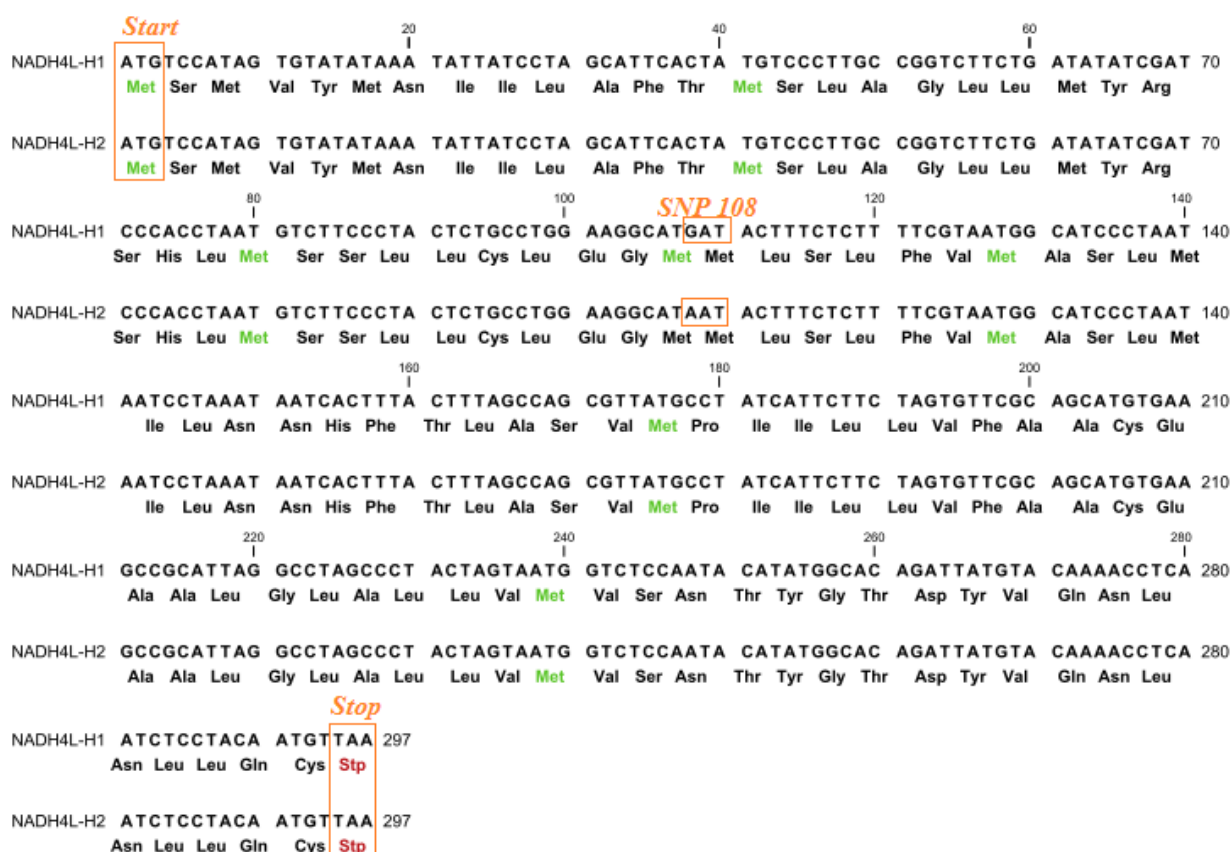


شکل ۱- الکتروفورز محصولات PCR به طول ۹۷۱ جفت باز روی ژل آگارز ۱ درصد.

Figure 1-Electrophoresis of 971 bp PCR Products on 1 % Agarose gel.

نمود. از آنجائی که تعداد جایگاه های چند شکلی وابسته به تعداد نمونه هستند، لذا از پارامتر دیگر یعنی تنوع نوکلئوتیدی (π) یا هتروزیگوسیتی در سطح نوکلئوتید استفاده گردید، که تحت تاثیر طول DNA و اندازه نمونه نیست و عبارت از متوسط تفاوت نوکلئوتیدی بین دو توالی در هر جایگاه می باشد (Nei & Kumar., 2000). مقدار تنوع هاپلوتیپی در جمعیت حاضر ۰/۵۷ برآورد گردید، که بیانگر سطح تنوع پایین در جمعیت شترهای دوکوهانه ایران می باشد. نتایج مطالعه اخیر بر این دلالت دارد، که در ژن های مورد مطالعه که کد کننده پروتئین می باشند میزان جهش و تنوع در آن پایین است (Eyre-walker & Awadall., 2001). همچنین، عدم نوترکیبی در ژنوم میتوکندریایی و توارث تک والدی و هاپلوئید بودن ژنوم که منجر به کاهش قابل توجه اندازه ژنوم میتوکندری در مقایسه با ژنوم هسته ای می شود، تاثیرپذیری آن را از مشکلات رایج نظیر رانش ژنتیکی و بروز تنگنا در جمعیت در مقایسه با ژنوم هسته ای افزایش می دهد.

تعیین توالی قطعه ۹۷۱ جفت بازی برای همه نمونه ها انجام گرفت. قطعه ۹۷۱ بدست آمده از توالی یابی در همه نمونه ها جهت آنالیزهای بیوانفورماتیکی مورد استفاده قرار گرفت. تعداد ۲ هاپلوتیپ از بین توالی های مورد بررسی تعیین شدند، که دارای یک جایگاه چند شکل (SNP) از نوع جایگزینی در نوکلئوتید ۱۰۸ از ژن NADH4L هستند که در این جایگاه جهش جایگزینی حاصل تغییرات بازهای پورینی است. این جهش در نوع اسیدآمینو تغییری ایجاد نکرده و تنها باعث تغییر در کدون همان اسیدآمینو شده است (شکل ۲). (Cui *et al.*, 2007) ژنوم کامل میتوکندری شتر دوکوهانه وحشی توالی یابی کردند و جایگزینی های نوکلئوتیدی در ژن های ATP8, ND4, ND3 ND4L, ATP را مشاهده کردند و گزارش کردند که ژن های خانواده ND و ATP سنتتاز ممکن در تکامل سریعتر از دیگر ژنهای کد کننده پروتئین در ژنوم میتوکندری باشند. با توجه به هاپلوتیپ های به دست آمده می توان توالی مورد توافق را محاسبه



شکل ۲- مقایسه توالی نوکلئوتیدی واسید آمینه ای ژن NADH4L در ها پلوتایپ های شتر دو کوهانه ایران.

Figure. 2- Comparison of amino acid sequence of NADH4L gene in two haplotypes of Iranian *Camelus bactrianus*.

شماره دسترسی (NC_009629) توسط (Ji *et al.*, 2005) مقایسه شدند (جدول ۱). این مقایسه نشان داد که توالی بدست آمده از شتر دو کوهانه با توالی شتر دو کوهانه اهلی ثبت شده کاملاً مشابه هستند بطوری که می توان نتیجه گرفت شتر دو کوهانه مورد مطالعه و گونه اهلی ثبت شده دارای قرابت ژنتیکی بسیار نزدیکی هستند. همچنین نتایج تجزیه و تحلیل محتوی نوکلئوتیدی توالی مورد تحقیق با نتایج (Cui *et al.*, 2007) که توالی کامل ژنوم میتوکندری شتر

نمونه برداری در مقیاس جغرافیای کوچک و تعداد اندک نمونه نیز می تواند از دلایل احتمالی وجود تنوع اندک در هاپلوتایپ های مشاهده شده باشد (Beaumont & Hoare., 2003). فراوانی نسبی نوکلئوتیدها همراه با درصد نوکلئوتیدها در توالی مورد توافق شتر دو کوهانه ایران به طول ۷۱۵ نوکلئوتید در این ناحیه از mtDNA شتر دو کوهانه ایران با شتر دو کوهانه اهلی ثبت شده در NCBI با شماره دسترسی (NC_009628) و شتر دو کوهانه وحشی با

های ثبت شده در پایگاه NCBI بررسی شد اکثریت توالی های گرفته شده از بانک جهانی ژن در سطح ۹۹ درصد بیشترین تشابه را با توالی های شتر دو کوهانه ایران داشتند. این نتایج دلالت بر این دارد که این ژن ها جز ژن های کد کننده پروتئین در ژنوم میتوکندری می باشند و توالی آنها حفاظت شده است و تغییرات نوکلئوتیدی در آنها به ندرت رخ می دهد (Eyre-walker and Awadalla., 2001).

دوکوهانه وحشی بررسی کردند، مطابقت دارد. (Cui et al., 2007) گزارش کرده اند کدون CTA لوسین با ۲۷۷ بار تکرار بیشترین فراوانی و کدون CGA آرژنین با ۷ بار تکرار کمترین فراوانی در کل ژنوم میتوکندری شتر دارند و کدون های پایانی که با نوکلئوتید های A و T ختم شوند فراوانی شان بیشتر از نوکلئوتیدهای C و G است و محتوی A+T آن ۵۷/۹ می باشد و مشابه آنچه که در میان سایر پستانداران یافت می شود. در ادامه با استفاده از ابزار BLAST درصد تشابه توالی ژن های NADH3 و NADH4L با توالی

جدول ۱- درصد فراوانی نسبی نوکلئوتیدها در ناحیه NADH3 و NADH4L در شتر دوکوهانه ایرانی، اهلی و وحشی.

Table 1 Relative frequency percentage- of Nucleotides in NADH3 and NADH4L region in Iranian Camelus bactrianus, domestic and wild.

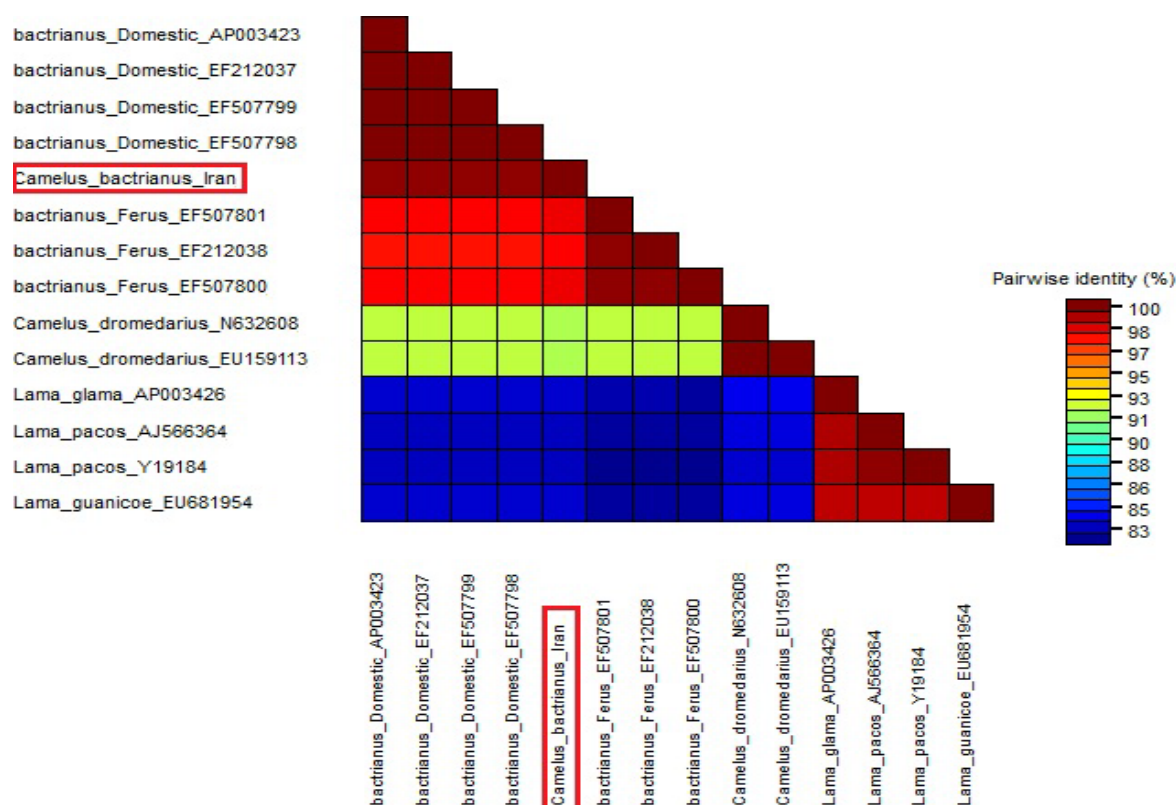
درصد فراوانی نوکلئوتیدی Nucleotides frequency percentage						جمعیت Population
C	G	T	A	G+C	A+T	
25.63(183)	13.87(99)	32.77(234)	27.73(198)	39.5	60.5	شتر دو کوهانه ایران Iranian camelus bactrianus
25.60(183)	14(100)	32.80(234)	27.60(197)	39.6	60.4	شتر دوکوهانه اهلی camelus bactrianus
26.61(190)	13.87(99)	32.07(229)	27.45(196)	40.48	59.52	شتر دوکوهانه وحشی Camelus ferus

ژنتیکی حیوانات مختلف استفاده کرد. درصد تشابه (جدول ۳) توالی ناحیه ژنی NADH3 و NADH4L شتر دوکوهانه ایرانی با سایر توالی های شترسانان موجود در پایگاه NCBI با استفاده از نرم افزار آنالین SDT v1.5

با توجه به این که درصد تشابه با فاصله ژنتیکی بین دو حیوان رابطه عکس دارند و فاصله ژنتیکی بین دو حیوان با همبستگی فیلوژنتیکی بین حیوانات مرتبط خواهد بود، در نتیجه از این شاخص هم می توان برای تعیین دوری و نزدیکی

ژنتیکی (۰/۰۲) با شترهای دوکوهانه اهلی و کمترین درصد تشابه (۸۲/۲) و بیشترین فاصله ژنتیکی (۰/۲) با گونه Lama است. جهت تایید نتایج حاصل از ماتریس فواصل ژنتیکی، درخت فیلوژنتیک توالی کلی ژن های NADH3 و NADH4L شتر دوکوهانه ایرانی با سایر توالی های موجود در پایگاه NCBI با استفاده از نرم افزار MEGA 5 ترسیم شد (شکل ۴).

مورد (<http://web.cbio.uct.ac.za/SDT>) محاسبه قرار گرفت. از آنجایی که درصد تشابه بین حیوانات مختلف به صورت دو به دو است، تیرگی رنگ هر مربع بیانگر میزان تشابه است که هر چه تیره تر باشد درصد تشابه بین دو حیوان بیشتر است. با توجه به شکل شماره ۳ می توان نتیجه گرفت که شتر دوکوهانه ایرانی از نظر قرابت ژنتیکی، در خانواده شترسانان دارای بیشترین درصد تشابه (۹۹/۸) و کمترین فاصله



شکل ۳- فواصل ژنتیکی بین توالی های شتر دوکوهانه ایران و دیگر گونه های مختلف شترسانان برای ژن های NADH3 و NADH4L.

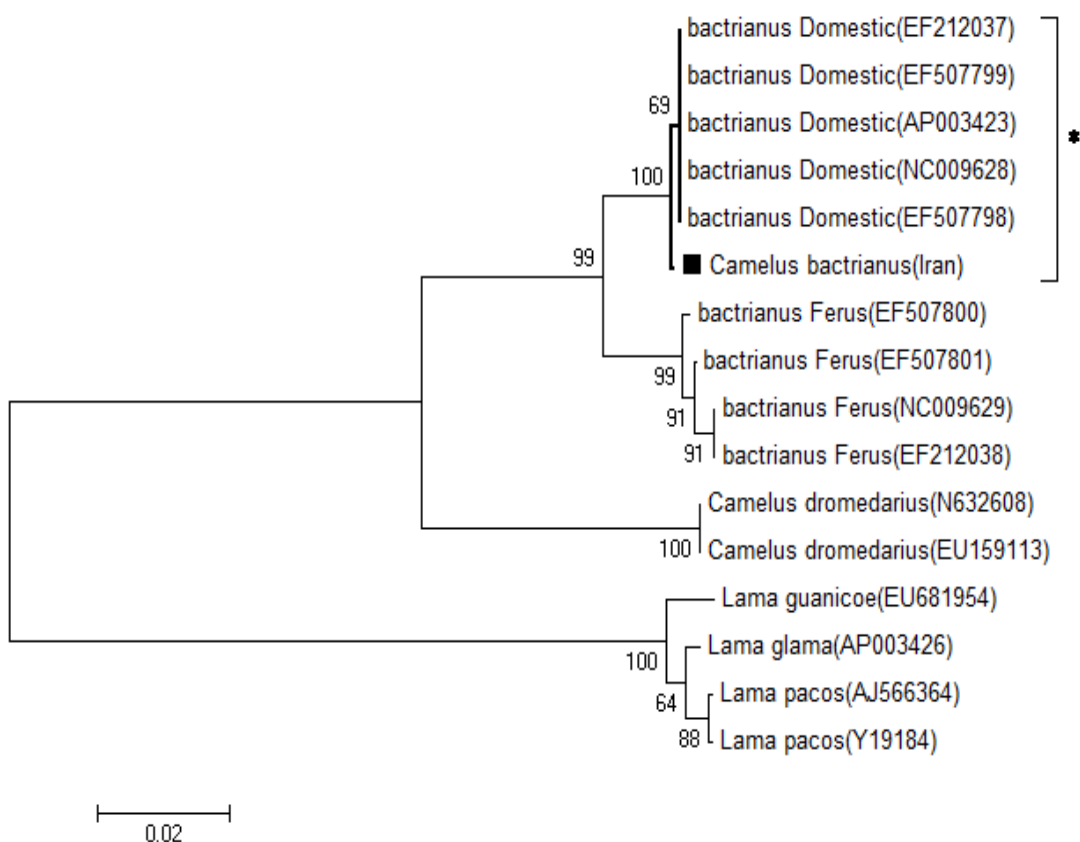
Figure 3- Matrix of Genetic distance between sequences of NADH3 and NADH4L gene in Iranian Camelus bactrianus and other species of Camelid.

بطوری که بر اساس آن شتر دوکوهانه ایرانی با شترهای دوکوهانه اهلی در یک زیر گروه قرار

درخت فیلوژنتیکی ترسیم شده نتایج بدست آمده از ماتریس فواصل ژنتیکی را تایید کرد

و تحلیل ساعت مولکولی ژنوم میتوکندریایی نشان داد که دو گونه شتر دو کوهانه وحشی و Lama حدود ۲۵ میلیون سال پیش از یک جد مشترک جدا شده اند و همچنین منشا اصلی شتر دو کوهانه اهلی و وحشی در شمال آمریکا رخ داده قبل از این که به جنوب آمریکا مهاجرت کنند.

دارند که این موضوع بیانگر قرابت ژنتیکی تقریباً نزدیک آنها می باشد. همچنین شتر دو کوهانه ایرانی کمترین شباهت را با گونه Lama دارد. این نتایج با نتایج (Cui et al., 2007) مطابقت دارد. گزارش کردند که ژنوم میتوکندریایی در شتر دو کوهانه وحشی دارای ۱۳ ژن کد کننده پروتئین، ۲۲ tRNA و ناحیه کنترل است. تجزیه



شکل ۴- نمودار فیلوژنی براساس توالی کلی ژن های NADH3 و NADH4L شتر دوکوهانه و دیگر نژادهای شتر موجود در بانک جهانی ژن به همراه کد دسترسی آنها.

Figure 4- Phylogenetic tree based on consensus sequences of genes NADH3 and NADH4L *Camelus bactrianus* and other *Camelus* breeds are taken from GenBank along with their accession numbers.

- Ahmed MM, El-Shazly SA, Sayed SM and Amer SA. (2013). Molecular study of energy related mitochondrial genes in Arabian and bactrian camels. *American Journal of Biochemistry and Biotechnology* 9:61-70.
- Al-Swailem AM, Shehata MM, Abu-Duhier FM, Al-Yamani EJ and Al-Busadah KA *et al.* (2010). Sequencing, Analysis and Annotation of Expressed Sequence Tags for *Camelus dromedaries*. *PLoS One* 5:e10720.
- Alinaghizadeh H, Mohammad Abadi MR, Zakizadeh S (2010). Exon 2 of BMP15 gene polymorphism in Jabal Barez Red Goat. *Agricultural Biotechnology* 2: 69-80.
- Ansari-Renani H, Salehi M, Ebadi Z and Moradi S. (2010). Identification of hair follicle characteristics and activity of one and two humped camels. *Small Ruminant Research* 90(1):64-70.
- Beaumont AR and Hoare K. (2003). *Biotechnology and genetics in fisheries and aquaculture*. Blackwell Science Ltd.
- Cui P, Ji R, Ding F, Qi D, Gao H, Meng H, Yu J, Hu S and Zhang H. (2007). A complete mitochondrial genome sequence of the wild two-humped camel (*Camelus bactrianus ferus*): an evolutionary history of camelidae. *BMC Genomics* 8:241.
- Eyre-walker A, Awadalla P. (2001). Does human mtDNA recombine *Journal of Molecular Evolution* 53: 430-435.
- Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh AK (2015). Genetic variation of camels in the North of Kerman province using microsatellite markers. *Animal Production Research* 4: 35-45.
- Ji R, Cui P, Ding F, Geng J, Gao H, Zhang H, Hu S and Meng H. (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.
- Mohammadi A, Nassiry MR, Mosafer J, Mohammadabadi MR, Sulimova GE (2009). Distribution of BoLA-DRB3 allelic frequencies and identification of a new allele in the Iranian cattle breed Sistani (*Bos indicus*). *Russian Journal of Genetics* 45: 198-202.
- Mousavizadeh A, Mohammad Abadi MR, Torabi A, Nassiry MR, Ghiasi H, AliEsmailizadeh AK (2009). Genetic polymorphism at the growth hormone locus in Iranian Talli goats by polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). *Iranian Journal of Biotechnology* 7: 51-53.
- Nei M and Kumar S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Pirani N, Mohammadhashemi A, Alijani S, Rezazadeh Goli R, Ghanbari S. (2010). Molecular Analysis of Mazandrani native chicken population based on HVR-I region of Mitochondrial DNA. *Journal of Agriculture Biotechnology* 1(2): 53- 60.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28: 2731-2739.

Bioinformatics and Phylogenetic Analysis of NADH3 and NADH4L mitochondrial genes in Iranian *Camelus bactrianus*

Shahabi A.¹, Tahmoorespur M.*²

¹PhD Student, Animal Science Department, Ferdowsi University of Mashhad, Iran.

² Professor, Animal Science Department, Ferdowsi University of Mashhad, Iran.

Abstract

Keeping genetic diversity among native Iranian breeds is very important as a national resource. Studying mitochondrial genome between or within breeds can be a useful indicator of genetic diversity of the population to be studied. The aim of current study was bioinformatic and phylogenetic investigation of NADH3 and NADH4L genes of mitochondrial genome in *Camelus bactrianus* in Iran. For this purpose, blood samples were collected from 10 *Camelus bactrianus* in Iran. After extracting DNA, fragment 971 bp of genome mitochondrial of *Camelus bactrianus* amplified by primers. The amplified fragments were sequenced after purification. Results indicated two different haplotypes based on one single nucleotide polymorphism sequence. The final sequences of each haplotype had a length of approximately 715 bp which included 27/70 % adenine, 13/80 % guanine, 25/60 % cytosine and 32/80 % thymine. Comparison of nucleotide and amino acid sequences of NADH3 and NADH4L genes among Iranian *Camelus bactrianus* demonstrated that this specie had close genetic distance with domestic *Camelus bactrianus*. Phylogenetic analysis using Neighbor-Joining method showed that this specie has the lowest similarity with *Lama* among the *Camelidae* family.

Keywords: *NADH3* gene, *NADH4L* gene, *Camelus bactrianus*, genome mitochondrial.

* Corresponding Author: Tahmoorespur M.

Tel: 05118795618

Email: m_tahmoorespur@yahoo.com

