Archiv

Shahid Bahonar University of Kerman
Agricultural Biotechnology Journal
Print ISSN: 2228-6705 Online ISSN: 2228-6500
Iranian Biotechnology Society

# Identification and investigation of transposable elements in the Iranian bactrian camel genomes

**Nahideh Zare**
M.S. Graduated Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Email: nahid.zare1371@gmail.com

**Nemat Hedayat-Evrigh**
*Associated Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Email: nhedayat@uma.ac.ir

**Reza Seyed Sharifi**
Associated Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Email: sharifi_r@uma.ac.ir

**Reza Khalkhali-Evrigh**
Researcher, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Email: Rezakhalkhali110@gmail.com

## *Abstract*

### Objective

About half of the human genome is covered by repetitive sequences. These sequences have a large share in the other mammalian genomes, therefore studying this part of the genome can provide researchers valuable information on evolution. The aim of this study was to sequencing and assembly the whole genome of Iranian Bactrian camels to identify transposable elements and their distribution in the genome of this species. In addition, the results of Iranian Bactrian camels were compared with non-Iranian Bactrian camels and dromedary camels.

### Materials and methods

In this study, the whole genome of six Iranian Bactrian camels was sequenced to transposable elements identification. Iranian Bactrian camel whole genome sequenced using Illumina HiSeq 2000 system in paired-end. FastQC and Trimmomatic software were used to quality control and quality filtering of raw sequencing reads, respectively. CLC Genomics Workbench (CLC Bio,

www.SID.ir

Archive of SID

Aarhus, Denmark) was used to de novo assembly of trimmed reads. Also, we used the RepeatMasker program to search for transposable elements using a homology-based method.

**Results**

Results of the assembling of sequenced genomes showed that the genome size in these samples ranged from 1.9 to 1.97 Gb. In the present study, the percentage of transposable elements for six Iranian Bactrian camels was 29.89% on average of the whole genome. The percentage of LINE sequences for the Iranian Bactrian camel was 17.58% on average. So, these sequences were considered as the largest group of transposable elements in the Bactrian camel in this study. SINE elements showed a lower number in comparison with LINEs. So that, only 3.45% of the total Bactria camel genome length was dedicated to the SINEs. In accordance with the results of Iranian dromedary camels, no Alu element was identified in the genome of Iranian Bactrian camels.

**Conclusion**

Shortage of genomic and biological information about camels is one of the inhibiting factors in advancing the breeding goals and programs. Although this study is not enough alone, it can be a step towards starting the production of genomic data for camels. Continuing this kind of study and integrating biological and genomic information will provide the ground for the start of modern breeding in Iranian camels.

**Keywords**: Iranian Bactrian Camel, Repetitive Sequences, Transposable Elements, Whole Genome Sequencing

**Paper Type:** Research Paper.

**Citation:** Zareh N, Hedayat-Evrigh N, Seyed Sharifi R, Khalkhali-Evrigh R (2021) Identification and investigation of transposable elements in the Iranian Bactrian camel genomes. *Agricultural Biotechnology Journal* 12 (4), 43-60.

*Agricultural Biotechnology Journal* 12 (4), 43-60. DOI: 10.22103/jab.2020.15642.1218

Received: October 20, 2020. Accepted: November 22, 2020.

Publisher: Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian Biotechnology Society.

© the authors



www.SID.ir

Archiv

Shahid Bahonar University of Kerman
Agricultural Biotechnology Journal
Iranian Biotechnology Society
Print ISSN: 2228-6705 Online ISSN: 2228-6500

# شناسایی و بررسی عناصر متحرک (Transposable Elements) در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی

**ناهیده زارع**

دانش آموخته کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. ایمیل: nahid.zare1371@gmail.com

**نعمت هدایت ایوریق**

دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. ایمیل: nhedayat@uma.ac.ir

**رضا سیدشریفی**

دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. ایمیل: sharifi_r@uma.ac.ir

**رضا خلخالی ایوریق**

محقق، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. ایمیل: Rezakhalkhali110@gmail.com

**تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۷/۲۹** **تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۹/۰۲**

## چکیده

**هدف:** حدود نیمی از ژنوم انسان توسط توالی‌های تکراری پوشش داده شده است. این توالی‌ها در ژنوم پستانداران دیگر نیز دارای سهم بسزایی بوده و از این‌رو مطالعه این بخش از ژنوم می‌تواند اطلاعات ارزشمندی را در زمینه تکامل در اختیار محققین قرار دهد. این تحقیق با هدف توالی‌یابی و گردآوری کل ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی برای شناسایی عناصر متحرک و مطالعه میزان پراکنش

www.SID.ir

آنها در ژنوم این گونه، طراحی و اجرا شد. همچنین نتایج مربوط به شترهای دوکوهانه ایرانی، با شترهای دوکوهانه غیرایرانی و شترهای تک‌کوهانه مورد مقایسه قرار گرفت.

**مواد و روش‌ها:** در این مطالعه ژنوم ۶ نفر شتر دوکوهانه ایرانی برای شناسایی عناصر متحرک توالی‌یابی شد. توالی‌یابی کل ژنوم شترهای دوکوهانه با استفاده از پلتفرم Illumina HiSeq 2000 و به‌صورت دو انتها انجام گرفت. برای کنترل کیفیت و پالایش خوانش‌های خام از به ترتیب از نرم‌افزارهای FastQC و Trimmomatic استفاده شد. با استفاده از برنامه CLC Genomics Workbench گردآوری دنوو شترهای دوکوهانه انجام گرفت. جهت شناسایی عناصر متحرک کل ژنوم نیز از روش شناسایی مبتنی بر همولوژی در برنامه RepeatMasker استفاده شد.

**نتایج:** نتایج گردآوری ژنوم‌های توالی‌یابی شده نشان داد که اندازه ژنوم در این نمونه‌ها در محدوده ۱/۹ تا ۱/۹۷ Gb قرار دارد. در پژوهش حاضر، درصد عناصر متحرک در ژنوم شش شتر دوکوهانه مورد مطالعه، به‌طور میانگین ۲۹/۸۹ از کل ژنوم گزارش شد. در بین عناصر متحرک شناسایی شده، درصد توالی‌های LINE برای شترهای دوکوهانه به‌طور میانگین ۱۷/۵۸ برآورد شد. بطوریکه این توالی‌ها، بزرگ‌ترین گروه توالی‌های تکراری در شترهای دوکوهانه در مطالعه حاضر بودند. توالی‌های تکراری SINE نسبت به LINEها مقدار کمتری داشتند بطوریکه که فقط ۳/۴۵ درصد از کل ژنوم شترهای مورد مطالعه را به خود اختصاص دادند. مطابق با نتایج شترهای تک‌کوهانه ایرانی، هیچ عنصر Alu در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی نیز شناسایی نشد.

**نتیجه‌گیری:** کمبود اطلاعات ژنومیکی و زیستی در مورد شترها، یکی از عوامل بازدارنده در پیشبرد اهداف و برنامه‌های اصلاح نژادی در این گونه به حساب می‌آید. هرچند این مطالعه به تنهایی کافی نیست اما می‌تواند گامی برای شروع تولید داده‌های ژنومیکی برای شترها باشد. ادامه این نوع مطالعات و تجمیع اطلاعات زیستی و ژنومیکی در واقع زمینه را برای شروع اصلاح نژاد نوین در شترهای ایرانی فراهم خواهد کرد.

**واژه‌های کلیدی:** توالی تکراری، توالی‌یابی کل ژنوم، شترهای دوکوهانه ایرانی، عناصر متحرک.

**نوع مقاله:** پژوهشی.

**استناد:** زارع ناهیده، هدایت ایوریق نعمت ، سید شریفی رضا، خلخالی ایوریق رضا (۱۳۹۹) شناسایی و بررسی عناصر متحرک (Transposable Elements) در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۲(۴)، ۶۰-۴۳ .

Publisher: Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian Biotechnology Society.

© the authors



www.SID.ir

Archive of SID

**مقدمه**

شترها متعلق به سلسله جانوران، شاخه طنابداران، رده پستانداران، راسته جفت‌سمان و تیره شتران می‌باشد (Ghasemi Meymandi et al. 2015). امروزه شترهایی دنیای قدیم شامل سه عضو می‌باشد که عبارتند از شترهای تک‌کوهانه، دوکوهانه اهلی و دوکوهانه وحشی (Mohammadabadi et al. 2018). شترهای دوکوهانه در بیابان‌های سرد و استپ‌های خشک آسیا زندگی می‌کنند (Barazandeh et al. 2019; Hedayat-Evrigh et al. 2020). زیستگاه شترهای دوکوهانه عمدتاً در مناطق صحرایی سرد چین و مغولستان بوده و نقش مهمی در اقتصاد محلی این مناطق دارند (Ghasemi Meymandi et al. 2016b). در واقع، نام شتر دوکوهانه از منطقه Bactriana در آسیا گرفته شده که نام قدیمی ایران (باختر) بوده است (Luvsan1986). شترهای دوکوهانه به احتمال بالا در ایران اهلی شده‌اند (Yam et al. 2015) که کشف قدیمی‌ترین اسکلت‌های متعلق به شترهای دوکوهانه اهلی (حدود ۲۵۰۰ تا ۳۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح)، می‌تواند موید این ادعا باشد (Tosi & Compagnoni1978). شترهای دوکوهانه بعد از اهلی‌سازی در ایران، به مناطق هم مرز با کریمه، جنوب سیبری، مغولستان و چین گسترش یافته است (Ji et al. 2009). علاوه بر شتر تک‌کوهانه، شتر دوکوهانه نیز در مناطق افغانستان، پاکستان و آسیای جنوب غربی وجود دارد (Ghasemi Meymandi et al. 2016a). این حیوانات از شترهای تک‌کوهانه بزرگتر هستند و از پشم ضخیم‌تری نیز پوشیده شده‌اند که از آنها در برابر سرمای سخت بیابان‌ها محافظت می‌کند. شترها دارای خصوصیات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی زیادی هستند که به آنها امکان تحمل شرایط سخت در مناطق خشک و بیابانی به ویژه در آسیا و آفریقا را می‌دهد. از جمله این خصوصیات می‌توان به تحمل دامنه تغییرات دمایی بالا (۳۴ تا ۴۲ درجه سانتیگراد)، تعریق کم، قدرت نوشیدن حجم بالایی از آب در یک وعده، داشتن گلبول‌های قرمز بیضوی شکل، تحمل استرس‌های گرمایی بالا اشاره کرد (Torabi et al. 2020). شتر از جنبه تاریخی و اقتصادی در سراسر جهان گونه مهمی بوده به طوری که ۱۶ درصد جمعیت حیوانی شبه جزیره عربستان را تشکیل می‌دهد (Barazandeh et al. 2016). شترها برای زندگی بهینه در بیابان‌ها، سازگاری‌های فیزیولوژیکی کسب کرده‌اند که باعث کاهش مقدار آب از دست رفته می‌شود و یا قادر به تحمل مقادیر قابل توجهی از دست دادن آب هستند (McNab 2002). زمانی که علوفه سبز در آب و هوای معتدل در اختیار شتر قرار گیرد ممکن است این حیوان چندین ماه را بدون نوشیدن آب سپری کند. در طول زمستان و فصول سرد سال شترها می توانند ماه‌ها بدون آب زندگی کنند. در شرایط بسیار گرم ممکن است فقط هر هشت تا ده روز آب بنوشند و تا ۳۰ درصد از وزن بدن را از طریق کم آبی از دست بدهند (Ramet 2001). همانطور که پیشتر ذکر شد، علاوه بر شترهای دوکوهانه اهلی، در بیابان Gobi واقع در دو کشور چین و مغولستان، جمعیتی از شترهای دوکوهانه وحشی در حال زندگی هستند که یک گونه در خطر انقراض به شمار می‌روند (Fowler 1998). توالی‌های تکراری و عناصر متحرک (TE[1]) بخش بزرگی

[1] Transposable Elements



www.SID.ir

Archive of SID

از ژنوم مهره‌داران را تشکیل داده و به تنوع اندازه و ساختار ژنوم کمک می کند (Feschotte 2008). عناصر متحرک با روش‌های گوناگونی می‌توانند بر معماری و تکامل ژنوم تاثیر بگذارند. آنها می‌توانند واسطه تغییرات کوچک در گروه‌های لینکاژ باشند همچنین منجر به تغییرات بزرگ ساختاری ژنومی مانند حذف‌ها، وارونگی‌ها،تکثیرها و جابجایی‌ها شوند (Grabundzija et al. 2016). عناصر متحرک قطعات DNA هستند که قادر به حرکت کردن در داخل یک ژنوم می باشند و اغلب نسخه‌های جدیدی از خود را در طول فرایند حرکت ایجاد می‌کنند. درک ما از این عناصر به طرز چشمگیری در طول زمان تغییر کرده است. در ابتدا، عناصر متحرک به عنوان انگل‌های ژنوم و بدون عملکرد تصور می‌شدند، اما نقش پیچیده‌ای که آن‌ها در تکامل ژنوم بازی می‌کنند توجهات بیشتری را به خود معطوف کرد (Oliver & Greene 2009). توالی‌های تکراری حدود ۴۵-۴۰ درصد ژنوم پستانداران را تشکیل می‌دهند، برخی تخمین‌ها نشان می‌دهد که ۶۹-۶۶ درصد از ژنوم انسان تکراری یا حاوی عناصر تکراری جابه‌جا شونده باشد ( de Koning et al. 2011). نتایج به دست آمده از پژوهشی بر روی ژنوم کامل یک شتر تک‌کوهانه آفریقایی نشان داد که حدود ۳۳/۷۲ درصد از ژنوم این شتر از توالی‌های تکراری تشکیل یافته است (Fitak et al. 2016). در مطالعه‌ای دیگر بر روی ژنوم گاو، محتوای تکراری ژنوم گاو را در حدود ۴۶/۵ برآورد کردند (Adelson et al. 2009).

اولین TEها ده‌ها سال پیش به عنوان " عناصر کنترل‌کننده " درگیر در تنوع رنگ دانه ذرت کشف شد ( McClintock 1950). در زمانی که مک کلینتوک در سال ۱۹۸۳ جایزه نوبل خود را دریافت کرد TEها در تمام موجودات یوکاریوتی کشف شده بودند، از آن زمان با این کشف تایید شد که TEها تا حد زیادی جزء ترکیبات اصلی ژنوم گیاهان و حیوانات هستند ( Bennetzen 2005). در سال ۱۹۸۹ اولین سیستم طبقه بندی TE ارائه شد که دو کلاس را به وسیله واسطه انتقال آنها متمایز کرد: RNA ( کلاس I یا رتروترانسپوزون) و DNA ( کلاس II یا ترانسپوزون ها). مکانیسم انتقال کلاس I معمولاً " کپی و چسباندن[۲]" و مکانیسم کلاس II " برش و چسباندن[۳]" نامیده می‌شود ( Finnegan 1989). عناصر متحرک کلاس I می‌تواند به سه زیردسته اصلی اعم از رتروترانسپوزون‌های LTR (دارای تکرارهای خاتمه بزرگ)، LINEها و SINEها تقسیم‌بندی شود در حالی که عناصر متحرک کلاس II به DNA ترانسپوزون‌ها، Helitronها (Rolling-circle replication) و Maverickها (Self-replicating) تقسیم می‌شوند (Wicker et al. 2007). علیرغم مطالعاتی که در مورد محتوای TEها در ژنوم برخی از پستاندارن صورت گرفته است ولی تاکنون اطلاعات ناچیزی از این بخش از ژنوم در شترهای دوکوهانه بخصوص در مورد شترهای دوکوهانه ایرانی وجود دارد و لذا هدف ما در این مطالعه توالی‌یابی کل ژنوم، گردآوری دنووی[۴] آن و شناسایی عناصر متحرک در ژنوم شترهای تک‌کوهانه ایرانی می‌باشد.

[2] Copy and Paste
[3] Cut and Paste
[4] De novo assembly



Agricultural Biotechnology Journal; Print ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

www.SID.ir

Archive of SID

## مواد و روش‌ها

**نمونه‌گیری و استخراج** DNA: جهت شناسایی و بررسی عناصر متحرک در سرتاسر ژنوم شترهای دوکوهانه، از تعداد ۶ نفر شتر دوکوهانه‌ی ایرانی مربوط به استان اردبیل خونگیری صورت گرفت. خونگیری از رگ وریدی و توسط ونوجکت ۴ میلی‌لیتری انجام گرفت. پس از خونگیری، نمونه‌ها بلافاصله به آزمایشگاه منتقل شده و تا زمان استفاده در دمای ۲۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند. به منظور استخراج محتوای DNA از کیت GeneAll (شرکت GeneAll Biotechnology، کره جنوبی) استفاده شد. پس از استخراج DNA از نمونه‌های خون، به منظور کنترل کمّی DNA استخراجی از دستگاه نانودراپ استفاده شد که نسبت جذب طول موج‌های ۲۶۰ به ۲۸۰ برای شترهای دوکوهانه در دامنه ۱/۹-۱/۹۸ بود. همچنین به منظور کنترل کیفی نمونه‌های DNA استخراجی از ژل آگارز یک درصد استفاده شد.

**توالی‌یابی کل ژنوم:** جهت توالی‌یابی نمونه‌های DNA از تکنولوژی Illumina HiSeq 2000 شرکت (Illumina, USA) استفاده شد. نمونه‌ها به منظور توالی‌یابی به شرکت BGI در کشور چین ارسال شد. برای انجام توالی‌یابی کل ژنوم هر یک از نمونه‌ها، کتابخانه‌هایی با اندازه قطعات ورودی ۱۶۰ تا ۶۳۰ بازی (میانگین ۳۶۰باز) برای هر کدام از آنها ایجاد شد. در نهایت، توالی‌یابی با روش Paired-end با اندازه ۱۵۰ باز در هر دو انتهای خوانش انجام گردید.

**کنترل و پالایش کیفی داده‌ها:** در مرحله اول و برای کنترل کیفیت خوانش‌های توالی‌های خام از نرم‌افزارFastQC (Andrews 2010) استفاده شد. بررسی کیفیت نشان داد که آلودگی‌های آداپتوری در خوانش‌های توالی‌های خام وجود ندارد. جهت افزایش کیفیت داده‌ها بر روی این خوانش‌ها پالایش صورت گرفت. از الگوریتم SLIDINGWINDOW در نرم‌افزار Trimmomatic v0.36 (Bolger et al. 2014) برای پالایش این خوانش‌های خام استفاده شد. دستورات استفاده شده در این نرم‌افزار عبارتند از LEADING، TRAILING و MINLEN. دستور LEADING نمایانگر این است که بازهای دارای کیفیت پایین‌تر از آستانه تعریف شده برای برنامه از ابتدای خوانش‌ها حذف شوند. دستور TRAILING نیز نشان دهنده این است که بازهای دارای کیفیت پایین‌تر از آستانه تعریف شده برای برنامه از انتهای خوانش‌ها حذف شوند. در دستور MINLEN خوانش-های پایین‌تر از مقدار آستانه تعریف شده برای برنامه کنار گذاشته شدند. حد آستانه تعریف شده برای دستورات LEADING، TRAILING و MINLEN به ترتیب ۵، ۵ و ۴۰ بودند. بعد از انجام مرحله پالایش کنترل مجددی با استفاده از برنامه FastQC انجام گرفت.

**گردآوری دنوو ژنوم شترهای دوکوهانه:** برای گردآوری دنووی خوانش‌های پالایش شده مربوط به ۶ نفر شتر دوکوهانه ایرانی از نسخه یازده نرم افزار CLC Genomics Workbench (CLC Bio, Aarhus, Denmark) استفاده شد. این نرم‌افزار از الگوریتم گراف de Bruijn برای انجام گردآوری دنووی ژنوم استفاده می‌کند. نرم افزار مورد نظر، در دو مرحله گردآوری



www.SID.ir

Archive of SID

دنوو را انجام می‌دهد که عبارتند از: ساخت کانتیگ‌ها با استفاده از خوانش های موجود و هم‌ردیف کردن خوانش‌های ورودی با کانتیگ‌های ساخته شده. پارامترهای استفاده شده برای گردآوری خوانش‌ها عبارت بودند از: ۳ برای هزینه عدم تطابق[5]، ۳ برای جریمه حذف و درج[6]، ۰/۵ برای length fraction و ۰/۸ برای similarity fraction. عدد مشخص شده برای پارامتر length fraction بدین معنا است که حداقل باید ۵۰ درصد خوانش با ژنوم مرجع همتراز شود تا در فایل نهایی قرار داده شود و کمتر از این عدد از نتایج حذف خواهد شد. در مورد عدد مربوط به similarity fraction هم باید حداقل ۸۰ درصد شباهت بین خوانش و ژنوم مرجع وجود داشته باشد تا آن خوانش در نتیجه نهایی گزارش شده توسط برنامه، وجود داشته باشد و شباهت‌های کمتر از این مقدار حذف می‌شوند و در نتیجه نهایی گزارش نخواهند شد.

**شناسایی عناصر متحرک ژنوم:** پس از گردآوری دنووی ژنوم برای تمام نمونه‌ها، از نسخه ۴،۰،۷ برنامه RepeatMasker (http://www.repeatmasker.org) برای شناسایی عناصر متحرک در ژنوم آنها استفاده شد. برنامه مذکور، با استفاده از دو پایگاه اطلاعاتی شامل Repbase (Bao et al. 2015) و Dfam (Hubley et al. 2015) به شناسایی عناصر متحرک با استفاده از روش مبتنی بر همولوژی استفاده می‌کند. پایگاه Repbase یک پایگاه اطلاعاتی جامع از توالی‌های تکراری انسان و سایر موجودات یوکاریوتی است. در واقع برنامه RepeatMasker از توالی‌های موجود در پایگاه‌های اطلاعاتی Repbase و Dfam برای شناسایی تمام عناصر تکراری در ژنوم های یوکاریوتی استفاده می‌کند و در این توالی‌ها جستجو کرده و توالی‌هایی که با هم مطابقت دارند را شناسایی و گزارش می‌کند. لازم به ذکر است که از نسخه ۰،۶،۲ برنامه RMBlast به عنوان موتور جستجوگر توالی مورد نیاز برای RepeatMasker استفاده شد. در واقع برنامه RMBlast یک نسخه از برنامه استاندارد NCBI BLASTN است که برای جستجوی توالی در برنامه RepeatMasker سازگار شده است.

## نتایج و بحث

**گردآوری دنووی ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی:** در شش نمونه شترهای دوکوهانه ایرانی اندازه ژنوم گردآوری شده به ترتیب برابر با ۱/۹۰ Gb، ۱/۹۲ Gb، ۱/۹۷ Gb، ۱/۹۶ Gb، ۱/۹۴ Gb و ۱/۹۴ Gb بود. اندازه ژنوم گردآوری شده برای شترهای دوکوهانه کمتر از مقادیر گزارش شده برای شتر دوکوهانه غیر ایرانی (۲/۳۸ Gb) (Jirimutu et al. 2012)، شتر تک‌کوهانه عربی (۲/۰۱ Gb)، دوکوهانه (۲/۰۱ Gb)، آلپاکا (۲/۰۵ Gb) (Wu et al. 2014) و تک‌کوهانه آفریقایی (۲/۰۶ Gb) (Fitak et al. 2016) بود. نمونه‌های پنج و شش اندازه ژنومی برابر با شترهای تک‌کوهانه ایرانی (۱/۹۴ Gb) (Khalkhali-Evrigh et al.

[5] Mismatch cost
[6] Insertion and Deletion cost



www.SID.ir

Archive of SID

2019) داشتند. مقدار N50 برای کانتیگ‌های به دست آمده برای شترهای دوکوهانه ایرانی به ترتیب برابر با ۱۹/۱ kb، ۳۹/۱ kb، ۲۱/۹ kb، ۳۴/۱ kb، ۵۱/۷ kb و ۴۹ kb گزارش شد. معیار N50 یکی از پارامترهای اندازه‌گیری کیفی گردآوری ژنوم می‌باشد و اندازه بزرگتر به معنی، گردآوری بهتر خوانش‌ها می‌باشد. مفهوم عدد N50 این است که به عنوان مثال کانتیگ‌های ۴۹ هزار بازی یا بزرگتر بیش از ۵۰ درصد ژنوم گردآوری را شامل می‌شوند. اندازه N50 در مطالعه کنونی در نمونه های پنج و شش بیشتر از شتر تک‌کوهانه آفریقایی (۴۰/۲ kb) (Fitak et al. 2016) و در نمونه‌های دو و چهار بیشتر از شتر تک‌کوهانه نژاد تارگویی[7] (kb ۳۱/۵) (Genbank) بود. اما از مقادیر گزارش شده برای تک‌کوهانه عربی (۶۹/۱ kb) (Wu et al. 2014)، دوکوهانه وحشی (kb ۹۰/۳) (Jirimutu et al. 2012) و شترهای تک‌کوهانه ایرانی (۵۴/۶ kb و ۵۴/۰۳) (Khalkhali-Evrigh et al. 2019) کوچک‌تر بود.

**توالی‌های جابه‌جا شونده در ژنوم:** توالی‌های تکراری در مطالعه حاضر توسط برنامه RepeatMasker و با استفاده از روش مبتنی بر همولوژی برای ژنوم‌های گردآوری شده شناسایی شدند. نتایج بدست آمده نشان داد که عناصر متحرک در ژنوم شش نمونه از شترهای دوکوهانه ایرانی، به طور میانگین ۲۹/۸۹ درصد از کل ژنوم این شترها را تشکیل می‌دهند. میانگین توالی‌های تکراری در ژنوم شترهای دوکوهانه در مطالعه حاضر نزدیک به مقادیر گزارش شده برای شتر تک‌کوهانه آفریقایی (۳۳/۷۲ درصد) (Fitak et al. 2016)، شترهای تک‌کوهانه ایرانی (۳۲/۱۵ درصد) (Khalkhali-Evrigh et al. 2019)، شتر دوکوهانه (۳۰/۳۷ درصد) (Jirimutu et al. 2012) و آلپاکا (۳۲/۱۴ درصد) (Wu et al. 2014) و اندکی بیشتر از درصد توالی‌های تکراری برای شتر تک‌کوهانه عربی (/۲۸ درصد) (Wu et al. 2014) بود. این مقادیر کمتر از مقادیر گزارش شده برای انسان (بیش از ۵۰ درصد) (Lander et al. 2001)، گاو (۴۸/۸ درصد) (Adelson et al. 2009) و اسب (۴۹/۴ درصد) (Adelson et al. 2010) بود. درصد بالای توالی‌های تکراری در گونه‌هایی مانند انسان، گاو و اسب به دلیل بزرگتر بودن ژنوم آنها نسبت به ژنوم شترها می‌باشد. توالی‌های LINE در شترهای دوکوهانه مورد بررسی، به طور میانگین ۱۷/۵۸ درصد از کل ژنوم را به خود اختصاص دادند. این توالی‌ها بزرگترین گروه از توالی‌های متحرک در ژنوم شترهای دوکوهانه در مطالعه حاضر بودند (جدول ۱). این مقادیر اندکی کمتر از شتر تک‌کوهانه آفریقایی (۱۹/۲۸) (Fitak et al. 2016)، شتر دوکوهانه (۱۹/۳۲) (Jirimutu et al. 2012) و شترهای تک‌کوهانه ایرانی (۱۸/۲۲) (Khalkhali-Evrigh et al. 2019) بود.

عناصر LINE1 (L1) در شترهای دوکوهانه بیشترین و عناصر RTE کمترین سهم را در خانواده توالی‌های LINE به خود اختصاص دادند. عناصر L1 در واقع جزء عناصر متحرک خیلی قدیمی محسوب می‌شوند. آنها یکی از فعال‌ترین عناصر خود مختار در ژنوم پستاندران به شمار می‌روند و بیش از ۲۰ درصد از ژنوم پستانداران را در بر می‌گیرند (Nellaker et al. 2012). نتایج

[7] Targui



www.SID.ir

مطالعات مختلف نشان می‌دهند که توالی‌های LINE در مناطق غنی از آدنین/تیمین و توالی‌های SINE بیشتر در مناطق غنی از گوانین/سیتوزین حضور دارند (Elbarbary et al. 2016). توالی‌های تکراری SINE نسبت به LINEها تعداد جفت‌بازهای کمتری از ژنوم را شامل می‌شوند بطوریکه در شترهای دوکوهانه ایرانی، ۳/۴۵ درصد از کل ژنوم را به خود اختصاص داده‌اند. یکی از عناصر شناخته شده و فعال از خانواده عناصر SINEهاتوالی‌های Alu هستند که حداقل ۵۰۰۰۰۰ کپی از آنها در ژنوم انسان وجود دارد (Rowold & Herrara 2000). در مطالعه حاضر هیچ عنصر Alu یافت نشد که با نتایج به دست آمده در مورد شترهای تک‌کوهانه ایرانی (Khalkhali-Evrigh et al. 2019) و شتر دوکوهانه مغولستانی (Jirimutu et al. 2012) مطابقت داشت. در مقابل هفت توالی Alu برای شتر تک‌کوهانه آفریقایی شناسایی شد (Fitak et al. 2016) که بدلیل نبود حاشیه‌نویسی مناسب برای این هفت توالی، صحت و دقت آنها قابل اعتماد نبود.

نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که توالی‌های LINE RTE (BovB) از ژنوم پولکداران به ژنوم نشخوارکنندگان انتقال یافته‌اند، احتمالاً کنه‌ها مخصوصاً Amblyomma و Bothriocroton که بین پولکداران، نشخوارکنندگان و پستانداران آفریقایی مشترک هستند عامل این انتقال افقی می‌باشند (Walsh et al. 2013). براساس نتایج یک مطالعه، عناصر BovB به ترتیب ۱۰/۷۰ و ۱۱/۷۰ درصد از ژنوم گاو و گوسفند را تشکیل می‌دهند (Adelson et al. 2009). درصد این توالی‌ها در ژنوم شترها کمتر می‌باشد بطوریکه این مقدار در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی۰/۱۷ درصد، شترهای تک‌کوهانه ایرانی ۰/۱۸ درصد (Khalkhali-Evrigh et al. 2019) و شتر دوکوهانه ۰/۱۴ (Jirimutu et al. 2012) درصد است. عناصر MIR یکی از اعضای مهم خانواده SINE هستند که در پستانداران توسعه قدیمی‌تری دارند و توالی آنها متفاوت‌تر به نظر می‌رسد (Jurka et al. 1995). توالی‌های MIR دارای ویژگی‌هایی هستند که نشان می‌دهد ممکن است به عنوان تنظیم کننده ژنوم عمل کنند. تعدای از توالی‌های کدکننده MIR یافت شده‌اند که بسیار محافظت شده هستند که این امر نشان دهنده نقش نظارتی و تنظیمی احتمالی آن‌ها در ژنوم پستانداران می‌باشد (Silva et al. 2003). ارتباط مثبتی بین وجود یک TE در مناطق ژنتیکی و بیان اختصاصی ژن بافت برای MIRها پیدا شده است (Jjingo et al. 2011). مطالعات بر روی ژنوم انسان نشان داد که MIRها منبع غنی از فاکتورای رونویسی در مقایسه با مناطق ژنومی تصادفی هستند (Jjingo et al. 2014).



www.SID.ir

**جدول ۱. عناصر متحرک شناسایی شده در شترهای دوکوهانه ایرانی، شتر تک‌کوهانه آفریقایی، شتر دو-کوهانه و شترهای تک‌کوهانه ایرانی**

**Table 1. Summary of identified transposable elements for Iranian Bactrian camels, Iranian dromedaries, African dromedary and Bactrian camel**

| شتر دوکوهانه | | تک‌کوهانه | | تک‌کوهانه ایرانی | | دوکوهانه ایرانی | | عناصر متحرک |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Bactrian camel | | Dromedary camel | | Iranian Dromedary | | Iranian Bactrian | | TEs |
| % | Numbers تعداد | % | Numbers تعداد | % | Numbers تعداد | % | Length (bp) طول | Numbers تعداد | |
| 3.92 | 560273 | 3.43 | 473387 | 3.51 | 458654 | 3.46 | 67377795 | 452386.5 | SINEs |
| 0.00 | 0 | 0.00 | 7 | 0.00 | 0 | 0 | 0 | 0 | Alu/B1 |
| 3.38 | 460330 | 3.38 | 463927 | 3.48 | 452075 | 3.41 | 66585262 | 446036.5 | MIRs |
| 19.32 | 883074 | 19.28 | 1009426 | 18.22 | 838990 | 17.99 | 350086803 | 847408.5 | LINEs |
| 14.82 | 552674 | 14.57 | 642633 | 13.38 | 483215 | 13.28 | 258465049 | 498380 | LINE1 |
| 3.92 | 280625 | 4.10 | 312130 | 4.20 | 301928 | 4.09 | 79535927 | 296406 | LINE2 |
| 0.44 | 38504 | 0.44 | 40821 | 0.45 | 39626 | 0.44 | 8512683 | 38636.5 | L3/CR1 |
| 0.14 | 10913 | - | - | 0.18 | 13046 | 0.18 | 3382946 | 12883 | RTE |
| 5.81 | 321595 | 5.43 | 324636 | 5.31 | 286303 | 5.30 | 103030247 | 288798.5 | LTRs |
| 1.63 | 76625 | 1.72 | 80984 | 1.80 | 82052 | 1.80 | 35071484 | 82697.5 | ERVL |
| 2.31 | 133362 | 2.35 | 138020 | 2.45 | 140115 | 2.45 | 47788604 | 141298.5 | ERVL-MaLRs |
| 1.63 | 77025 | 1.07 | 81938 | 0.71 | 39386 | 0.71 | 13730150 | 39957 | ERV-calssI |
| 0.10 | 23095 | 0.00 | 571 | 0.00 | 0 | 0 | 0 | 0 | ERV-calssII |
| 3.00 | 282696 | 3.44 | 341448 | 3.50 | 331140 | 3.49 | 68056319 | 331265 | DNA elements |
| 1.68 | 175700 | 1.79 | 186819 | 1.88 | 188154 | 1.88 | 36578908 | 188171 | hAT-Charlie |
| 0.68 | 44496 | 0.81 | 66902 | 0.74 | 53998 | 0.74 | 14295535 | 54145 | TcMar-Tigger |
| 33.68 | 2628996 | 33.72 | 2905840 | 32.15 | 2581776 | 31.07 | 603672554 | | کل Total |
| Jirimutu et al. 2012 | | Fitak et al. 2016 | | Khalkhali-Evrigh et al. 2019 | | مطالعه حاضر Present study | | | منبع Reference |



www.SID.ir

Archive of SID

نتایج بدست آمده در مطالعه حاضر نشان داد که توالی‌های MIR استخراج شده برای شترهای دوکوهانه ایرانی، Mb ۶۳/۶ (۳/۴۱ درصد) از ژنوم را به خود اختصاص داده‌اند. مقادیر شناسایی شده مربوط به توالی‌های MIR برای شترهای دوکوهانه مورد بررسی، اندکی بیشتر از اعداد گزارش شده برای شترتک‌کوهانه آفریقایی (۳/۳۸ درصد) (Fitak et al. 2016) و شتر دوکوهانه (۳/۳۸ درصد) (Jirimutu et al. 2012) و اندکی کمتر از شترهای تک‌کوهانه ایرانی (۳/۴۸ درصد) ( Khalkhali-Evrigh et al. 2019) بود. مقایسه الگوی پراکنش توالی‌های متحرک بین شترهای دوکوهانه ایرانی، آلپاکا، شتر تک‌کوهانه، شتر دوکوهانه غیر ایرانی و گاو نشان می‌دهد که درصد پراکنش هر یک از اعضای خانواده SINE، LINE و LTR تفاوت‌های بارزی با یکدیگر دارند (شکل ۱).

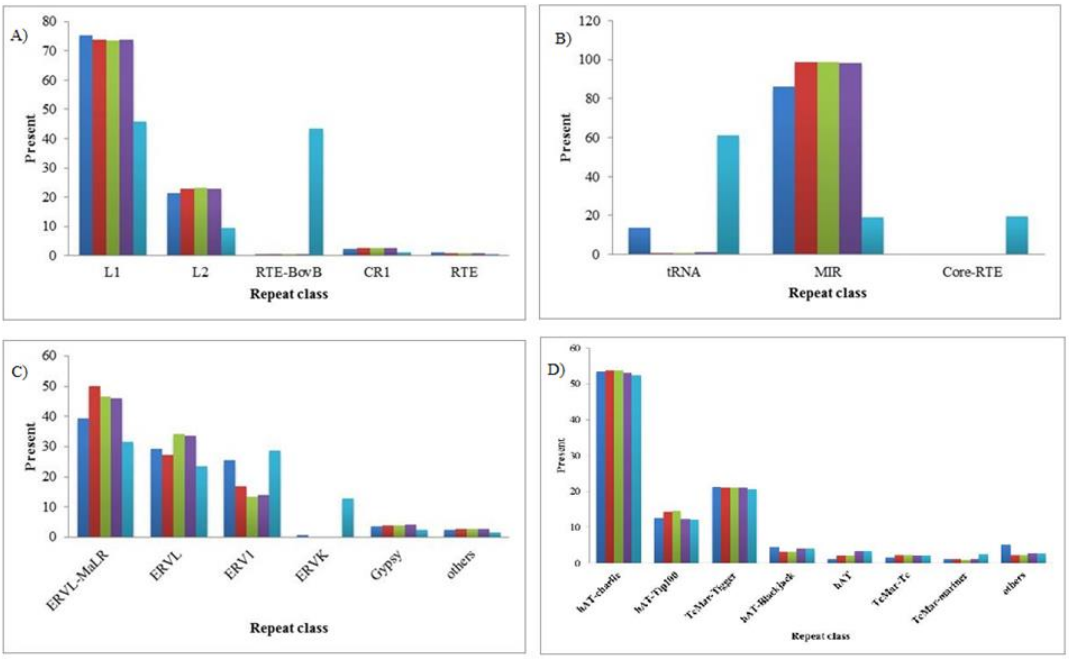
بر اساس نتایج به دست آمده، فراوان‌ترین اعضای هر یک از خانواده‌های SINE، LINE و LTR در هر پنج ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی،آلپاکا، شترهای تک‌کوهانه ایرانی، شتر دوکوهانه غیر ایرانی و گاو یکسان بود بطوریکه عناصر MIR در خانواده SINE، عناصر L1 در خانواده LINE، عناصر MaLR در خانواده LTR و عناصر hAT-charlie در خانواده DNA ترانسپوزون بیشترین درصد را به خود اختصاص دادند. با توجه به نتایج به دست آمده عناصر MIR از خانواده SINE در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی، شترهای تک‌کوهانه ایرانی، شتر دوکوهانه غیر ایرانی و آلپاکا نسبت به گاو بالاتر بود. عناصر tRNA در ژنوم آلپاکا و گاو بالاتر از شترسانان بود و عناصر Core-RTE نیز فقط در ژنوم گاو حضور داشت. در خانوده LINE، عناصر L1 در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی، شترهای تک‌کوهانه ایرانی، شتر دوکوهانه غیر ایرانی و آلپاکا در مقایسه با ژنوم گاو پراکنش بالاتری داشتند.عناصر RTE-BovB نیز بر خلاف ژنوم گاو، در ژنوم شترسانان مشاهده نشد. توالی های BovB که در ژنوم کیسه‌داران هم مشاهده می‌شوند، از طریق انتقال افقی به نشخوارکنندگان منتقل شده‌اند (Adelson et al. 2009).

عنصر ERVK در ژنوم گاو و اسب به ترتیب ۰/۰۵ و ۰/۰۷ درصد از ژنوم را تشکیل می‌دهد (Adelson et al. 2009؛ Adelson et al. 2010). این عنصر در ژنوم شترهای دوکوهانه ایرانی وجود نداشت که مطابق با نتایج مربوط به شتر تک‌کوهانه آفریقایی (Fitak et al. 2016) و شتر دوکوهانه غیر ایرانی (Jirimutu et al. 2012) بود. مطابق شکل ۱ این عنصر به میزان خیلی کم در ژنوم آلپاکا وجود داشت.



www.SID.ir

Archive of SID




**شکل ۱. درصد پراکنش اعضای خانواده (A)LINE ، (B) SINE ، (C) LTR و (D) DNA ترانسپوزون در شترهای دوکوهانه ایرانی (قرمز)، آلپاکا (آبی تیره)، شترهای تک‌کوهانه ایرانی (سبز)، شتر دوکوهانه غیر ایرانی (بنفش) و گاو (آبی).**

**Figure 1. Distribution pattern of LINE (A), SINE (B), LTR (C) and DNA transposon elements (D) in genome of Iranian Bactrian camel (red), alpaca (dark blue), Iranian dromedaries (green), Bactrian camel (Purple) and cattle (blue).**

عنصر ERVK یک عضو جدید از خانواده ERVها است و حفاظت محل اتصال پروتئین خاص در برخی از ERVKها نقش نظارتی آن‌ها در نزدیک ژن‌های موجود در ژنوم انسان را نشان می‌دهد (Katoh and Kurata. 2013؛Akopov et al. 1998). پراکنش عناصر DNA ترانسپوزون در همه پنج گروه حیوانی مورد مقایسه، مشابه بود که این الگوی پراکنش بر خلاف عناصری مانند SINE، LINE و LTR بود. این الگو احتمالا می‌تواند نشان دهنده حفاظت‌شدگی بالای این عناصر در پستانداران باشد. مقدار DNA ترانسپوزون در شترهای دوکوهانه ایرانی ۳/۵۰ درصد ژنوم بود. چندین عضو از خانواده DNA ترانسپوزون هنوز در ژنوم برخی از گیاهان و غیرپستانداران فعال هستند مانند Ac ترانسپوزون در ذرت، Hermes ترانسپوزون در مگس و Tol2 ترانسپوزون در ماهی Medaka ژاپنی (Arensburger et al. 2011). با این حال، دانشمندان معتقد هستند که آخرین فعالیت DNA ترانسپوزون در ژنوم پستانداران حداقل ۴۰ میلیون سال پیش رخ داده است (Smit & Riggs 1995)، اما با این حال برخی از



www.SID.ir

Archive of SID

مطالعات برای فعالیت اخیر عناصر hAT و Helitron در اجداد خفاش (Myotis lucifugus) شواهد و مدارکی نشان داده‌اند (Ray et al. 2008). به نظر می‌رسد این یافته‌ها فرصتی برای شناسایی عناصر فعال در ژنوم پستانداران و بررسی تاثیرات آنها بر عملکرد این حیوانات را فراهم خواهد کرد. فراوان‌ترین عناصر خانواده DNA ترانسپوزون شامل hAT-charlie و TcMar-Tigger می‌باشد. مقدار توالی‌های DNA ترانسپوزون در ژنوم انسان، موش، گاو (Adelson et al. 2009)، اسب (Adelson et al. 2009)، شتردوکوهانه (Jirimutu et al. 2012) و شترهای تک‌کوهانه ایرانی (Khalkhali-Evrigh et al. 2019) به ترتیب برابر ۳، ۰/۸۹، ۱/۹۶، ۳/۱، ۳ و ۳/۵ درصد بودند که حاکی از درصد بالای این عناصر در شترسانان در مقایسه با دیگر پستانداران می‌باشد.

**نتیجه‌گیری:** به طوری کلی شترها به دلیل اینکه در کشورهای توسعه نیافته زندگی می‌کنند، نسبت به دیگر گونه‌های دامی کمتر مورد توجه قرار گرفته‌اند (Khalkhali-Evrigh et al. 2018). کمبود اطلاعات در مور شترها یکی دیگر از عواملی به شمار می‌رود که مانع از برنامه‌ریزی اصولی برای اصلاح نژاد آنها شده است. به نظر می‌رسد یکی از وظایف محققان اصلاح نژاد دام، تولید داده‌ها و اطلاعات زیستی و ژنومیکی قابل اعتماد می‌باشد تا با تجمیع این نوع از اطلاعات، امکان برنامه‌ریزی اصلاح نژادی برای شترها فراهم شود. این مطالعه یکی از اولین قدم‌ها در این عرصه به شمار می‌رود و با ادامه مطالعاتی از این دست، شترها را نیز در آینده‌ای نه چندان دور، می‌توان به یک گونه دامی صنعتی تبدیل کرد.

**سپاسگزاری:** بدینوسیله نگارندگان برخود لازم می‌دارند از حمایت‌های مادی و معنوی دانشگاه محقق اردبیلی تشکر را بجا آورند.

## منابع

ترابی آزاده، رودباری زهرا، طهمورث پور مجتبی (۱۳۹۹) تجزیه و تحلیل ژنتیکی ناحیه 12S rRNA شترهای تک‌کوهانه و دوکوهانه ایران. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۲، ۲۰۹-۲۲۳.

قاسمی میمندی مهرداد، محمدآبادی محمدرضا، اسمعیلی زاده کشکوئیه علی، منتظری مهدیه (a۱۳۹۵) بررسی انتساب افراد به جمعیت‌هایی از شترهای شمال استان کرمان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. فصلنامه علمی ژنتیک نوین ۱۱، ۳۲۹-۳۳۵.

قاسمی مهرداد، محمدآبادی محمدرضا، اسمعیلی زاده علی (۱۳۹۴) تنوع ژنتیکی شترهای شمال استان کرمان با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره. مجله تحقیقات تولیدات دامی ۴ ، ۳۵-۴۵.



www.SID.ir

قاسمی میمندی مهرداد، محمدآبادی محمدرضا، منتظری مهدیه (b۱۳۹۵) ارزیابی ساختار ژنتیکی شتر با استفاده از روش های PCA و خوشه بندی سلسله مراتبی. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۸ ، ۸۳-۹۶.

محمدآبادی محمدرضا، قاسمی میمندی مهرداد، منتظری مهدیه (۱۳۹۷) بررسی تنوع ژنتیکی شترهای بومی شمال استان کرمان با استفاده از آمارهF. نشریه اصلاح و بهنژادی دام ۱، ۱-۱۳.

**References**

Adelson DL, Raison JM, Edgar RC (2009) Characterization and distribution of retrotransposons and simple sequence repeats in the bovine genome. Proc Nat Acad Sci 106, 12855-12860.

Adelson DL, Raison JM, Garber M, Edgar RC (2010) Interspersed repeats in the horse (Equus caballus) spatial correlations highlight conserved chromosomal domains. Anim gene 41, 91-99.

Akopov SB, Nikolaev LG, Khil PP et al. (1998) Long terminal repeats of human endogenous retrovirus K family (HERV-K) specifically bind host cell nuclear proteins. FEBS Lett 421, 229–233.

Andrews S (2010) FastQC, A quality control tool for high throughput sequence data. https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/ Last accessed 11 November 2020.

Arensburger P, Hice RH, Zhou L et al. (2011) Phylogenetic and functional characterization of the hAT transposon superfamily. Genetics 188, 45-57.

Bao W, Kojima KK, Kohany O (2015) Repbase Update, a database of repetitive elements in eukaryotic genomes. Mobile DNA 6, 11-16.

Barazandeh A, Mohammadabadi MR, Ghaderi M, Nezamabadipour H (2016) Genome-wide analysis of CpG islands in some livestock genomes and their relationship with genomic features. Czech J Anim Sci 61, 487-495.

Barazandeh A, Mohammadabadi MR, Ghaderi-Zefrehei M et al. (2019) Whole genome comparative analysis of CpG islands in camelid and other mammalian genomes. Mamm Biol 98, 73-79.

Bennetzen JL (2005) Transposable elements, gene creation and genome rearrangement in flowering plants. Curr Gene Dev 15, 621–627.

Bolger AM, Lohse M, Usadel B (2014) Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. J Bioinform 30, 2114-2120.



www.SID.ir

Compagnoni B, Tosi M (1978) In Approaches to Faunal Analysis in the Middle East (eds Richard H. Meadow & Melinda A. Zeder). Peabody Mus Press 119–128

De Koning AP, Gu W, Castoe TA et al. (2011) Repetitive elements may comprise over two-thirds of the human genome. PLoS Genet 7, e1002384.

Elbarbary RA, Lucas BA, Maquat LE (2016) Retrotransposons as regulators of gene expression. Science, 351, 679-687.

Feschotte C (2008) Transposable elements and the evolution of regulatory networks. Nat Rev Genet 9, 397–405.

Finnegan DJ (1989) Eukaryotic transposable elements and genome evolution. Trends Genet 5, 103–107.

Fitak RR, Mohandesan E, Corander J, Burger PA (2016) The de novo genome assembly and annotation of a female domestic dromedary of North African origin. Mol Ecol Res 16, 314–324.

Fowler ME (1998) Medicine and surgery of south american camelids. 2nd ed. USA: Iowa State Press Blackwell.

Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh A (2015) Genetic variation of camels in the North of Kerman province using microsatellite markers. Anim Prod Sci 4, 35-45 (In Persian).

Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR, Montazeri M (2016a) Analysing Genetic Structure of Camelus dromedarius Using PCA and Hierarchical clustering methods. Agric Biotechnol J 3, 83-96 (In Persian).

Ghasemi Meymandi M, Mohammadabadi MR, Esmailizadeh Kashkoieh A, Montazeri M (2016b) Investigation of individuals' attribution to populations of camels in the north of Kerman province using microsatellite markers. 3, 329-335 (In Persian).

Grabundzija I, Messing SA, Thomas J et al. (2016) A Helitron transposon reconstructed from bats reveals a novel mechanism of genome shuffling in eukaryotes. Nat Commun 7, 1-12.

Hedayat-Evrigh N, Khalkhali-Evrigh R, Bakhtiarizadeh MR (2020). Genome-Wide Identification and Analysis of Variants in Domestic and Wild Bactrian Camels Using Whole-Genome Sequencing Data. Int J Genomics 2430846.

Hubley R, Finn RD, Clements J et al. (2015) The Dfam database of repetitive DNA families. Nucleic Acids Res 44, 81-89.



www.SID.ir

Ji R, Cui P, Ding F et al. (2009) Monophyletic origin of domestic bactrian camel (Camelus bactrianus) and its evolutionary relationship with the extant wild camel (Camelus bactrianus ferus). Anim Genet 40, 377–82.

Jirimutu, Wang Z, Ding G et al. (2012) Genome sequences of wild and domestic Bactrian camels. Nat Commun 3, 1202.

Jjingo D, Huda A, Gundapuneni M et al. (2011) Effect of the transposable element environment of human genes on gene length and expression. Genome Biol. Evol 3, 259–271.

Jjingo D, Conley AB, Wang J et al. (2014) Mammalian-wide interspersed repeat (MIR)-derived enhancers and the regulation of human gene expression. Mobile DNA 5, 14-25.

Jurka J, Zietkiewicz E, Labuda D (1995) Ubiquitous mammalian-wide interspersed repeats (MIRs) are molecular fossils from the mesozoic era. Nucleic Acids Res 23, 170–175.

Katoh I, Kurata SI (2013) Association of endogenous retroviruses and long terminal repeats with human disorders. Front Oncol 3, 1-8.

Khalkhali-Evrigh R, Hafezian SH, Hedayat-Evrigh N et al. (2018) Genetic variants analysis of three dromedary camels using whole genome sequencing data. PLoS One 13, p. e0204028.

Khalkhali-Evrigh R, Hafezian SH, Hedayat-Evrigh N et al. (2019) Genome-Wide Identification of Microsatellites and Transposable Elements in the Dromedary Camel Genome Using Whole-Genome Sequencing Data. Front Genet 692.

Lander ES, Linton LM, Birren B et al. (2001) Initial sequencing and analysis of the human genome. Nature 409, 860-921.

Luvsan B (1986) Breeding strategies of Mongolian Bactrian camel. Ulaanbaatar p, 92.

McClintock B (1950) The origin and behavior of mutable loci in maize. Proc Natl Acad Sci USA 36, 344–355.

McNab BK (2002) The physiological ecology of vertebrates. Coms, Cor Uni Ithaca, New York, USA.

Mohammadabadi MR, Ghasemi Meymandi M, Montazeri M (2018). The Study of Genetic Diversity of Camels in North of Kerman Province Using F Statistics. Breed Improv Livest 1, 1-13.

Nellaker C, Keane TM, Yalcin B et al. (2012) The genomic landscape shaped by selectio on transposable elements across 18 mouse strains. Genome Biol 13, R45.

Oliver KR, Greene WK (2009) Transposable elements: powerful facilitators of evolution. Bio Essays 31, 703–714.



www.SID.ir

Ramet JP (2001) The technology of making cheese in Butana and Northern Sudan. Nomadic from camel milk (Camelus dromedaries). FAO. People 31, 64-84.

Ray DA, Feschotte C, Pagan HJ et al. (2008) Multiple waves of recent DNA transposon activity in the bat, Myotis lucifugus. Genome Res 18, 717–728.

Rowold DJ, Herrara RJ (2000) Alu elements and the human genome. Genetica 108, 57–72.

Silva JC, Shabalina SA, Harris DG et al. (2003) Conserved fragments of transposable elements in intergenic regions: evidence for widespread recruitment of MIRand L2-derived sequences within the mouse and human genomes. Genetical Res 82, 1–18.

Smit AFA, Riggs AD (1995) MIRs are classic, transfer-RNA-derived SINEs that amplified before the mammalian radiation. Nucleic Acids Res 23, 98–102.

Torabi A, Roudbari Z, Tahmoorespour M (2020) Genetic and phylogenetic analysis of 12S rRNA region in camelus dromedaries and camelus bactrianus of Iran. J Agri Biotechnol 12, 209-223 (In Persian)

Walsh AM, Kortschak RD, Gardner MG et al. (2013) Widespread horizontal transfer of retrotransposons. PNAS 110, 1012– 1016.

Wicker T, Sabot F, Hua-Van A et al. (2007) A unified classification system for eukaryotic transposable elements. Nature Rev Genetics 8, 973–982.

Wu H, Guang X, Al-Fageeh MB et al. (2014) Camelid genomes reveal evolution and adaptation to desert environments. Nat commun 5, 5188.

Yam BAZ, Khomeiri M (2015) Introduction to camel origin, history, raising, characteristics, and wool, hair and skin: a review. Int J Res Innov Earth Sci 2, 177–187.



www.SID.ir