



پروژه ژنوم شتر: چشم اندازها و کاربردها

بلال صادقی^۱، علیرضا خان احمدی^۱، سید حسن حافظیان^۲

۱- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

۲- گروه علوم دامی، دانشکده علوم دامی و شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

Sadeghi.balal@gonbad.ac.ir

چکیده

امروزه در مناطق گسترده‌ای از جهان، تنوع نژادی زیادی در مورد شتر مشاهده شده است. بر اساس یکی از روش‌های تقسیم بندی می‌توان شتر را به دو نژاد یک کوهانه و دو کوهانه تقسیم بندی نمود، که هر یک از این دو خود دارای زیر مجموعه‌های مختلف و فراوانی است. بر اساس تقسیم‌بندی دیگر شترها را می‌توان به سه نژاد شیری، گوشتی و مسابقه تقسیم بندی نمود. اگر چه مطالعات گسترده‌ای در زمینه‌های مختلف تغذیه، پرورش و نگهداری این حیوان انجام شده، اما در پژوهش‌های علمی نگاه کمتری به مسائل مرتبط با ژنوم این حیوان شده است. در این مقاله مروری تمرکز بر روی خصوصیات ژنوم این حیوان بوده و تلاش شده تا کاربردهای آن مورد بررسی قرار گیرد.

مقدمه

شتر در طول تاریخ و از لحاظ اقتصادی در سراسر جهان از گونه‌های مهم حیوانی بوده است. شتر همیشه به عنوان یک حیوان چند منظوره در نظر گرفته شده، به طوری که از حیوان ماده آن برای تولید شیر و از جنس نر برای جابجایی و از گوشت هر دو جنس برای تغذیه انسان استفاده شده است. شتر به دلیل ذخیره کردن چربی در فرم‌های مختلف، از جمله در کوهان، توانایی زندگی طولانی مدت بدون خوردن غذا را دارا می‌باشد. به طور کلی می‌توان شتر را با توجه به زیستگاه، رنگ و عملکرد طبقه بندی کرد. علاوه بر این نژادهای شتر در اندازه، ترکیب بدن و رنگ نیز با یکدیگر متفاوت می‌باشند. با این حال، بیشتر پژوهش‌ها بر روی دو نژاد اصلی شتر تمرکز داشته اند: ۱- *Dromedarius Camelus* (شتر یک کوهانه) ۲- *Camelus bactrianus ferus* (شتر دو کوهانه).

با وجود اهمیت اقتصادی، فرهنگی و بیولوژیکی که در شتر وجود داشته است، یک پروژه تعیین توالی در مقیاس بزرگ تا سال ۲۰۱۰ بر روی این حیوان صورت نگرفته بود. تا قبل از این زمان اطلاعات زیادی در مورد ژنوم شتر وجود نداشت.

معاون علمی و فناوری ریاست جمهوری، معاونت پژوهشی وزارت علوم، تحقیقات و فناوری، موسسه تحقیقات طیور ایران، ۱ نهمین علم شتر ایران



در این سال دو گروه علمی به صورت مجزا کار بر روی دو نژاد ذکر شده را آغاز کردند. پژوهشگران در عربستان سعودی بر روی نژاد شتر یک کوهانه و گروهی دیگر در چین بر روی نژاد دو کوهانه پروژه ژنوم شتر را آغاز نمودند. نحوه مطالعه ژنوم یک کوهانه بر روی ESTها^۱ متمرکز بود. این توالی‌ها نه تنها اطلاعات مستقیمی از ترانسکریپتوم حیوان را به ما نشان می‌دهند، بلکه اطلاعاتی به صورت غیر مستقیم در مورد ارتباط ژنوم و فنوتیپ را به ما منتقل می‌کند. علاوه بر این کتابخانه‌های EST به عنوان یک نشانگر مولکولی خوب برای مفاهیمی از قبیل آنالیزهای مقایسه‌ای ژنوم و نقشه‌های لینکاژ بسیار مفید می‌باشند. در این مطالعه با استفاده از ۷۰۲۷۲ توالی EST به دست آمده از CDNAهای شتر، بانک اطلاعاتی اولیه برای داده کاوی ژنوم این حیوان فراهم گردید. پروژه دوم بر روی نژادهای دوکوهانه با تمرکز بر روی روش NGS^۲ صورت گرفت. در هر دو پروژه تلاش گردید تا اطلاعات و نقشه ژنوم شتر منتشر و همچنین با سایر حیوانات ژنومیکس مقایسه‌ای انجام شود.

مواد و روش‌ها

در پروژه اول ابتدا نمونه بافت از ۹ شتر در گروه‌های سنی مختلف جمع‌آوری گردید. سپس RNA استخراج و سنتز cDNA انجام شد. در نهایت با بررسی فایل‌های کروماتوگرام به دست آمده آنالیز ESTها صورت گرفت. سایر مطالعات از قبیل اتصال قطعه‌ها، حاشیه نویسی ژنوم و ژنومیکس مقایسه‌ای بر روی این توالی‌ها انجام گرفت. در پروژه اول، ۲۳۴۲۴ فایل کروماتوگرام به دست آمده از هر کتابخانه با استفاده از نرم‌افزار PHRED ابتدا ویراستاری و سپس توالی‌های تکراری و زاید حذف گردیدند. سپس ناحیه‌ها باقی‌مانده همسانه‌سازی شده و برای تولید کتابخانه‌های EST مورد استفاده قرار گرفتند. در ادامه با استفاده از الگوریتم RepeatMasker به شناسایی تکرارهای موجود در کتابخانه‌ها پرداختند. در نهایت با استفاده از توالی‌های به دست آمده چگونگی عملکرد ژن و پروتئین مورد ارزیابی قرار گرفت. در پروژه دوم از شترها در سنین مختلف DNA ژنومی استخراج، و سپس با استفاده از روش SOLiD توالی‌یابی شدند. سپس توالی‌های تکراری با استفاده از الگوریتم RepeatMasker شناسایی گردیدند. محققین این پروژه با استفاده از نرم‌افزارهای

^۱ - Expressed Sequence Tag

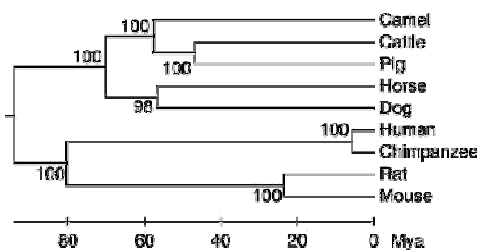
2- Next-Generation Sequencing



کلاسترینگ و بررسی همپوشانی چندگانه توالی‌ها، مبادرت به اتصال توالی‌های به دست آمده از کتابخانه‌ها کردند و پیش-نویس اولیه ژنوم را منتشر کردند.

نتایج و بحث

پروژه اول که بر روی نژاد یک کوهانه انجام گرفت منجر به تولید کتابخانه‌های cDNA از ۸۰۰۰۰ همسانه گردید. در ادامه از ۲۳۴۲۴ فایل کروماتوگرام، ۱۲۴۱ توالی با دقت بالاتر جدا شد. در نهایت توالی‌های EST به دست آمده بر روی شتر، با انسان، موش، خرگوش و گاو مورد بررسی همپوشانی قرار گرفت. نتایج شباهت ۳۵ تا ۵۰ درصدی بین کانتیگ-های شتر با سایرین را نشان داد. همچنین پس از بررسی همپوشانی توالی‌های EST با ژن‌های انسان ۱۱۷۷۳ مورد شباهت مشاهده گردید (۱). در پروژه دوم ابتدا قطعات خوانده شده ۵۰۰ جفت بازی برای تولید کانتیگ‌ها مورد استفاده قرار گرفت. در نهایت اندازه ژنوم شتر حدود ۲.۳۸ گیگا جفت باز تخمین زده شد. نتایج نشان داد که ۳۴ درصد از ژنوم شتر از DNAهای تکراری تشکیل شده است. این مقدار از انسان، اسب و گاو کمتر بوده و بیشتر نزدیک به موش و سگ است. بیشتر ماهیت این توالی‌های تکراری، ترانسپوزان‌ها بودند. از ویژگی‌های منحصر به فرد ژنوم شتر می‌توان به مقدار بالا میکروستلایت‌ها اشاره کرد که حدود ۲۴۴۱۴۱ مورد می‌باشند. در مجموع در شتر حدود ۲۰۸۲۱ ژن شناسایی گردید. بیشتر دامنه‌های پروتئینی ژنوم شتر ایمنوگلوبولینی بودند. همچنین بیشترین مجموعه پروتئینی شناسایی شده رودوپسین بود که به خوبی قبلاً نقش آن در فعالیت‌های تولیدمثلی، فیزیولوژیکی و رفتاری به اثبات رسیده است. با استفاده از مطالعه فیلوژنتیک، شتر به گاو و خوک نزدیک‌تر تشخیص داده شد (تصویر شماره ۱) (۲).



تصویر شماره یک. بررسی فیلوژنتیک شتر با استفاده از نتایج ژنوم آن با سایر موجودات (برگرفته شده از منبع شماره ۲)

تجزیه و تحلیل مقایسه‌ای بر اساس توالی ژنوم بینش‌های مهمی از چگونگی تکامل شتر را برای ما فراهم می‌کند. علاوه بر این، شناسایی مسیر ژن‌ها ممکن است درک ما را از مکانیسم‌های ژنتیکی که شتر را قادر به زنده ماندن در محیط‌های با



انسان جهاد کشاورزی استان گلستان



انگاه کتب کاوش



۲۸ فروردین ۱۳۹۳ - دانشگاه گنبدکاووس

شرایط افراطی می‌کند، بالا ببرد. این یافته‌ها همچنین ممکن است درک ما را از بیماری‌های مربوط به سوخت و ساز بدن را بهبود بخشد، که در نتیجه به نفع سلامت انسان خواهد بود. علاوه بر این، رمزگشایی ژنوم شتر می‌تواند برای بهبود کیفیت شیر، گوشت، نیروی فیزیکی و توانایی حرکتی این حیوان سازگار با انسان نتایج مثبتی در بر داشته باشد. نتایج رمزگشایی اولیه نشان می‌دهد که درصد بالایی از ژن‌های شتر با ژن‌های انسان مشترک است و بنابراین می‌تواند در تحقیقات آزمایشگاهی بسیاری از بیماری‌ها به عنوان نمونه مدل مورد استفاده قرار بگیرد. همچنین این حیوان می‌تواند در توسعه درمان‌های جدیدی برای بیماری‌هایی چون سرطان، ایدز و ... به دانشمندان کمک کند. با توجه به نزدیک بودن نژاد موجود در ایران با نژاد *Dromedarius Camelus* پیشنهاد می‌گردد در ابتدا با استفاده از ژن‌های حفظ شده و مطالعات فیلوژنتیک به بررسی نزدیکی و دوری نژادهای داخل ایران با این نژاد شتر پرداخته شود. در صورت وجود همپوشانی بالا و نزدیک بودن دو نژاد می‌توان با استفاده از اطلاعات به دست آمده از پروژه اول به بررسی عملکرد ژن‌های موجود در شتر ایرانی پرداخته و در نهایت قدم‌های موثرتری برای بهبود صفات، حفظ و ماندگاری این حیوان برداشت.

منابع

- 1- Sequencing, Analysis, and Annotation of Expressed Sequence Tags for Camelus dromedarius. Al-Swailem AM, Shehata MM, Abu-Duhier FM, Al-Yamani EJ, Al-Busadah KA, et al. (2010). PLoS ONE 5(5): e10720.
- 2- Genome sequences of wild and domestic Bactrian Camels. (2012). Nature Communications 3:1202.