



۹-۸ شهریور ۱۴۰۲
August 30-31, 2023
10th National and
2nd International Animal
Science Congress of Iran



دهمین کنگره ملی و
دومین کنگره بین المللی
علوم دامی ایران

بررسی ساختار عدم تعادل پیوستگی و روابط خویشاوندی ژنومی جمعیت‌های مختلف نژاد مرینو

الناز کرباسچیان¹، سید مهدی حسینی وردنجانی²، علی جوادمنش^{3*}

1. دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، ایران

2. محقق پسادکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، ایران

3. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، ایران

* ایمیل نویسنده مسئول: javadmanesh@um.ac.ir

چکیده

برای طرح‌ریزی و تفسیر مطالعات انتخاب ژنومی و همچنین مطالعات ارتباطی گسترده ژنوم، آگاهی از ساختار جمعیت ضروری است. بدین منظور ساختار عدم تعادل پیوستگی (LD) و رابطه ژنتیکی سه جمعیت گوسفند نژاد مرینو شامل مرینو استرالیایی، مرینو چینی و مرینو لندشاف مورد بررسی قرار گرفت. در مجموع داده‌های ژنوتیپی شامل 97 حیوان تعیین ژنوتیپ شده با تراشه نشانگر 50k بودند. برای بررسی روند LD، r^2 بین هر دو، پنج، 10 و 20 نشانگر مجاور و برای بررسی رابطه ژنتیکی، ماتریس رابطه خویشاوندی ژنومی مد نظر قرار گرفت. نتایج نشان داد که میزان عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرهای مجاور در سه نژاد مرینو استرالیایی، مرینو چینی و مرینو لندشاف به ترتیب 0/142، 0/183 و 0/181 بود. با افزایش تعداد نشانگرها میزان LD کاهش و به ترتیب به مقادیر 0/059، 0/103 و 0/103 رسید. دامنه‌ی روابط خویشاوندی ژنومی برای سه نژاد ذکر شده به ترتیب (0/010- تا 0/521)، (0/149- تا 0/344) و (0/132- تا 0/433) بودند. همچنین بالاترین رابطه ژنتیکی بین نژادی بین مرینو استرالیایی و چینی (0/24) مشاهده شد. نتایج نشان داد که میزان LD و رابطه ژنتیکی متوسط بین این نژادها امکان استفاده از جمعیت چند نژادی را نیز برای برنامه‌های انتخاب ژنومی فراهم می‌کند.

کلمات کلیدی: LD، رابطه ژنتیکی، مرینو، نشانگر مولکولی، روابط خویشاوندی ژنومی

مقدمه

گوسفند و انواع محصولات آن نقش اساسی در تأمین معیشت و همچنین اقتصاد انسان‌ها دارند و همواره توجه خاصی به پرورش آن داده شده است که منجر به توسعه نژادهای مختلف هر کدام با بهره‌وری خاص گردیده است. از انواع مختلف نژادهای گوسفند، نژادهای



۹-۸ شهریور ۱۴۰۲
August 30-31, 2023

10th National and
2nd International Animal
Science Congress of Iran

دهمین کنگره ملی و
دومین کنگره بین المللی
علوم دامی ایران



پشمی هستند که نژاد مرینو مهم ترین نژاد در این طبقه بندی است. (3). انواع خالص این نژاد و همچنین تلاقی های آن در سراسر دنیا از جمله جنوب آفریقا، استرالیا، چین، نیوزلند و آلمان وجود دارند (4). آگاهی از تنوع ژنتیکی بین نژادی یا بین جمعیت های مختلف یک نژاد بر موفقیت روند انتخاب در آینده نیز مهم است و از عناوین مورد علاقه در حوزه تکامل نیز می باشد. علاوه بر اطلاعات شجره ای از اطلاعات ژنومی می توان برای بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت استفاده کرد. بنابراین هدف از مطالعه حاضر بررسی ساختار ژنتیکی سه جمعیت گوسفند نژاد مرینو با استفاده از اطلاعات ژنومی حاصل از تراشه نشانگری در قالب گزارش الگوهای عدم تعادل پیوستگی و روابط خویشاوندی ژنومی بود.

مواد و روش ها

در این مطالعه از سه نژاد گوسفند مرینو شامل Australian Merino، Chinese Merino و Merinolandschaf به ترتیب با تعداد 50، 23 و 24 حیوان تعیین ژنوتیپ شده با تراشه 50K استفاده گردید. مراحل کنترل کیفیت داده ها شامل فراوانی آلل نادر کم تر از 0/05، انحراف از تعادل هاردی واینبرگ 1×10^{-5} ، نرخ خوانش نشانگرها برای هر فرد بالاتر از 0/9 و نرخ خوانش نشانگر بالاتر از 0/9 با استفاده از نرم افزار Plink 1.9 انجام گردید. جهت اندازه گیری میزان LD و همچنین نرخ کاهش آن با افزایش فاصله از آماره r^2 و با در نظر گرفتن هر دو (LD جفتی)، 5، 10 و 20 نشانگر مجاور استفاده شد. برای بررسی روابط ژنتیکی بین و درون نژادها یک ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی بر اساس روش ون ردن (2008) برای هر نژاد به طور جداگانه و ترکیب نژادها با هم با استفاده از این رابطه تشکیل شد: $\frac{ZZ'}{2 \sum p_i(1-p_i)}$ که در این رابطه Z ماتریس مرکزی شده ی ژنوتیپ نشانگرها و p_i فراوانی آلل دوم برای نشانگر نام است.

نتایج و بحث

شکل یک میزان عدم تعادل پیوستگی برای هر 20 و 10، پنج، دو2 نشانگر مجاور برای سه نژاد مورد بررسی را نشان می دهد. همانطور که مشاهده می شود، میزان عدم تعادل پیوستگی در نژاد مرینو چینی از دو نژاد دیگر بالاتر بود و به دنبال آن نژاد مرینو لندشاف و نژاد مرینو استرالیایی همانطور که انتظار می رفت با افزایش تعداد نشانگرها (افزایش فاصله) میزان عدم تعادل پیوستگی کاهش یافت، که این کاهش برای نژاد مرینو استرالیایی شدیدتر بود. در مطالعه ای Al-Mamum و همکاران (2015) عدم تعادل پیوستگی بین جفت نشانگرها برای سه نژاد مرینو، پل درست و بردر لایسستر را به ترتیب 0/15، 0/21 و 0/25 گزارش کردند که میزان گزارش شده برای مرینو بیشتر از میزانی است که در این مطالعه بدست آمد. تفاوت در میزان LD در نژادهای مختلف می تواند ناشی از برنامه های انتخاب بر روی این نژادها و یا سایر عوامل تکاملی شامل رانش ژنتیکی و جهش باشد. چنانچه جمعیتی انتخاب شدیدی را تجربه کرده باشد انتظار می رود میزان LD بیشتری را نیز داشته باشد.

جدول (1) آماره های ماتریس های روابط خویشاوندی ژنومی بین و درون نژادها را نشان می دهد. میانگین رابطه خویشاوندی درون مرینو استرالیایی 0/521، چینی 0/344 و مرینولندشاف 0/433 بود. Nel و همکاران (2022) میانگین رابطه خویشاوندی را در نژادهای مرینو استرالیایی و مرینو جنوب آفریقا از 0/11- تا 0/16 گزارش کردند که در دامنه مطالعه حاضر است. ماتریس روابط

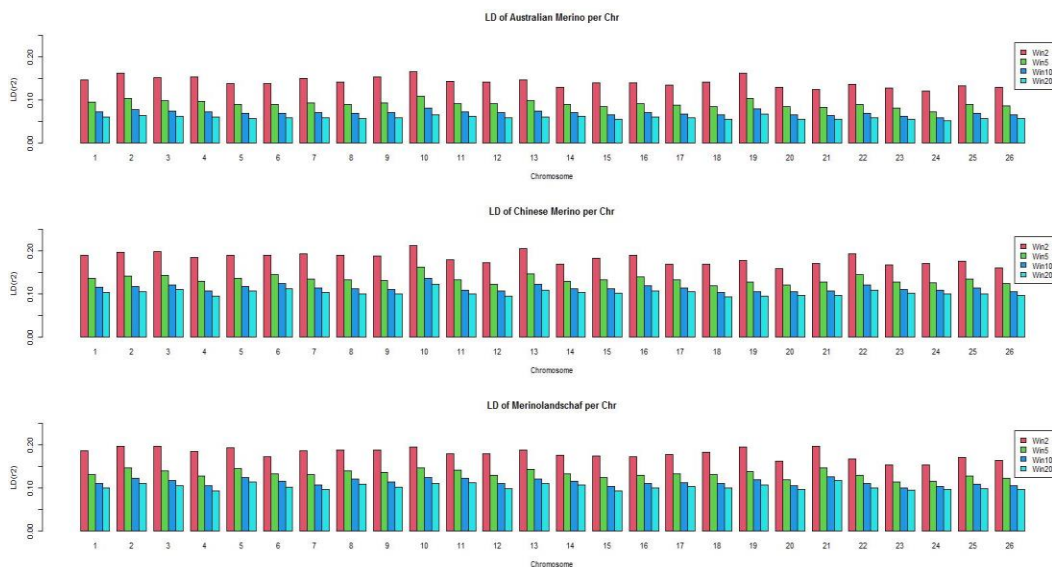


۹-۸ شهریور ۱۴۰۲
August 30-31, 2023
10th National and
2nd International Animal
Science Congress of Iran



دهمین کنگره ملی و دومین کنگره بین المللی علوم دامی ایران

خویشاوندی ژنومی بین نژادها نیز نشان داد که بیشترین رابطه ژنتیکی بین نژادهای مرینو استرالیا و چینی بود. پس از آن رابطه ی ژنتیکی بین مرینو چینی و مرینو لندشاف قرار گرفت و کمترین ارتباط بین مرینو استرالیایی و مرینو لندشاف مشاهده شد.



شکل 1) میانگین عدم تعادل پیوستگی (r^2) بین هر دو (قرمز)، پنج (سبز)، 10 (آبی) و 20 نشانگر (فیروزه ای) در سه نژاد مورد بررسی

جدول 1) آماره های توصیفی ماتریس های روابط خویشاوندی ژنومی درون و بین نژادی

میانگین	بیشینه	کمینه			
1/029	1/213	0/927	عناصر قطری	مرینو استرالیایی	درون نژادی
-0/021	0/521	-0/010	عناصر غیر قطری		
0/963	1/050	0/896	عناصر قطری	مرینو چینی	
-0/044	0/344	-0/149	عناصر غیر قطری		
0/992	1/159	0/900	عناصر قطری	مرینو لندشاف	
-0/043	0/433	-0/132	عناصر غیر قطری		
-0/042	0/024	-0/091		مرینو استرالیایی و مرینو چینی	بین نژادی
-0/049	-0/001	-0/082		مرینو استرالیایی و مرینو لندشاف	
-0/038	0/014	-0/068		مرینو چینی و مرینو لندشاف	

تشکر و قدردانی

این تحقیق با حمایت دانشگاه فردوسی مشهد انجام شد. از James Kijas بخاطر در اختیار گذاشتن داده های پروژه HapMap مورد استفاده قدردانی می شود.



۹-۸ شهریور ۱۴۰۲
August 30-31, 2023
10th National and
2nd International Animal
Science Congress of Iran



دهمین کنگره ملی و
دومین کنگره بین المللی
علوم دامی ایران

منابع

1. Chevin, L. M., Billiard, S., and Hospital, F. (2008). Hitchhiking both ways: effect of two interfering selective sweeps on linked neutral variation. *Genetics*, 180(1), 301-316.
2. Prieur, V., Clarke, S. M., Brito, L. F., McEwan, J. C., Lee, M. A., Brauning, R., ... and Auvray, B. (2017). Estimation of linkage disequilibrium and effective population size in New Zealand sheep using three different methods to create genetic maps. *BMC Genetics*, 18(1), 1-19.
3. Deniskova, T., Dotsev, A., Lushihina, E., Shakhin, A., Kunz, E., Medugorac, I., ... and Zinovieva, N. (2019). Population structure and genetic diversity of sheep breeds in the Kyrgyzstan. *Frontiers in Genetics*, 10, 1311.
4. Edea, Z., Dessie, T., Dadi, H., Do, K. T., and Kim, K. S. (2017). Genetic diversity and population structure of Ethiopian sheep populations revealed by high-density SNP markers. *Frontiers in Genetics*, 8, 2018.
5. Vanraden, Paul M. (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science* 91.11: 4414-4423.
6. Habier, D., Fernando, R. L., and Dekkers, J. (2007). The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*, 177(4), 2389-2397.

Examining the structure of linkage disequilibrium and genomic relationships of different Merino breed populations

Elnaz Karbaschian¹, Seyyed Mahdi Hosseini Vardanjani², Ali Javadmanesh^{3*}

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

2.Postdoctoral Researcher, Department of Animal Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

3.Associate Professor, Department of Animal Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

*Corresponding author e-mail: javadmanesh@um.ac.ir

Abstract

Knowledge of population structure is essential for planning and interpreting genomic selection as well as genome-wide association studies. For this purpose, the structure of linkage disequilibrium (LD) and the genetic relationship of three Merino sheep populations, including Australian Merino, Chinese Merino and Merinolandschaf, were investigated. In total, genotypic data included 97 genotyped animals with 50k marker chips. To check the LD trend, r^2 between every 2, 5, 10 and 20 adjacent markers and check the genetic relationship, the genomic matrix was considered. The results showed that the degree of linkage disequilibrium between adjacent markers in the three breeds of Australian merino, Chinese Merino, and Merino landscape was 0.142, 0.183, and 0.181, respectively. With the increase in the number of markers, the amount of LD decreased and reached the values of 0.059, 0.103 and 0.103, respectively. The range of genomic relationships for the three mentioned breeds were (-0.010 to 0.521), (-0.149 to 0.344) and (-0.132 to 0.433), respectively. Also, the highest inter-breed genetic relationship was observed between Australian and Chinese Merino (0.24). The results showed that the amount of LD and the average genetic relationship between these breeds allows the use of multi-breed populations for genomic selection programs.

Keyword(s): LD, genetic relationship, Merino, molecular marker, genomic relationships