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

Identification of genome diversity in different breeds of Iranian native sheep using the whole genome sequencing data

Hojjat Asadollahpour Nanaei
Postdoctoral Researcher, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail address: h.asadollahpour@agr.uk.ac.ir

Masood Asadi Fozi
*Corresponding author**.** Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran**.** E-mail address: masadi@uk.ac.ir

Zeinab Amiri Ghanatsaman
Animal Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Shiraz, Iran. E-mail address: zeynabamiri1237@gmail.com

Mohammad Hossein Banabazi
Department of Animal Breeding and Genetics (HGEN), Centre for Veterinary Medicine and Animal Science (VHC), Swedish University of Agricultural Science (SLU), 75007 Uppsala, Sweden. E-mail address: Mohammad.hossein.banabazi@slu.se, Department of Biotechnology, Animal Science Research Institute of IRAN (ASRI), Agricultural Research, Education & Extension Organization (AREEO), 3146618361 Karaj, Iran. E-mail address: m.h.banabazi@gmail.com

Abstract

Objective

Iran is considered to be one of the oldest centers of domestication and breeding of livestock and poultry species in the world. Currently, different ecotypes of indigenous sheep are kept in different geographical regions of the country, which have obvious differences from each other in terms of appearance and production characteristics. So far, there has not been a comprehensive study on the whole genome level to identify the genetic diversity of native Iranian sheep. Therefore, the aim of this study is to identify the genomic characteristics of these native reserves in order to organize appropriate programs for their exploitation and protection

Materials and methods

In this study, the whole genome sequences of 29 native Iranian sheep were downloaded from the NCBI database and analyzed. Whole genome sequencing of the studied data has been done by Hiseq2000 and Hiseq X Ten sequencer devices. Quality control of raw data sequences was done by FastQC program. To align the sequence data with the sheep reference genome (Oar v.4.0,

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000298735.2), the BWA-MEM algorithm used in the BWA software package was used. Picard program was used to remove PCR duplicates from mapping outputs. The alignment outputs with the reference genome were processed in two stages, including re-alignment of deletions and small insertions and recalibration of the base quality score using the GATK program. The average coverage depth and alignment percentage for alignment output with the reference genome were calculated using depth and flagstat commands used in samtools software. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) were identified by the UnifiedGenotyper tool used in the GATK program. Nucleotide diversity values and genomic inbreeding coefficient were calculated based on homozygous SNPs for each individual using the het command used in the VCFtools program.

Results

The average coverage depth of the used data in this study was 18.39 X. The average percentage of alignment of short sequences with the sheep reference genome was 99.89%. The values of genomic inbreeding coefficient in Iranian native sheep breeds ranged from 0.01 to 0.12. The lowest value of genomic inbreeding coefficient was observed in the genome of Mughani sheep (0.01) and the highest value of inbreeding coefficient was observed in the genome of Afshari sheep (0.12). Also, the average values of observed and expected percentage of heterozygosity calculated for single nucleotide polymorphisms in the genome of Iranian native sheep ecotypes ranged from 20.67 to 23.06 and 32.415 to 32.421.

Conclusions

The results obtained from this research can be used in the design of conservation and breeding programs for Iran's native sheep, especially in situations where information such as animal pedigrees, levels of genetic differences within and between populations, and the degree of their purity or admixture are not available.

Keywords: Iranian native sheep, Whole genome sequencing, Single nucleotide polymorphisms

Paper Type: Research Paper.

Citation: Asadollahpour Nanaei H, Asadi Fozi M, Amiri Ghanatsaman Z, Banabazi MH (2023) Identification of genome diversity in different breeds of Iranian native sheep using the whole genome sequencing data. *Agricultural Biotechnology Journal* 15 (4), 145-160.

Agricultural Biotechnology Journal 15 (4), 145-160. DOI: 10.22103/jab.2023.22018.1502

Received: August 31, 2023. Received in revised form: October 25, 2023.

Accepted: October 26, 2023. Published online: December 30, 2023.

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

© the authors

مجله بیوتکنولوژی کشاورزی
شاپا چاپی: ۶۷۰۵-۲۲۲۸ شاپا الکترونیکی: ۶۵۰۰-۲۲۲۸

شناسایی تنوع ژنوم در نژادهای گوسفند بومی ایران با استفاده از داده‌های توالی‌یابی کل ژنوم

حجت اسدالله پور نعنائی

پژوهشگر دوره پسا دکترا، بخش مهندسی علوم‌دامی، دانشکدهٔ کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: h.asadollahpour@agr.uk.ac.ir

مسعود اسدی فوزی

*نویسنده مسئول: بخش مهندسی علوم‌دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران. رایانامه: masadi@uk.ac.ir

زینب امیری قنات‌سامان

بخش تحقیقات علوم‌دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، شیراز، ایران. رایانامه: zeynabamiri1237@gmail.com

محمد حسین بنابازی

محقق ارشد، گروه ژنتیک کمی، دپارتمان ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده دامپزشکی و علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی سوئد، اوپسلا، سوئد، استاد یار پژوهشی، بخش پژوهش‌های بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (تات)، کرج، ایران. رایانامه: Hossein.banabazi@gmail.com، Mohammad.hossein.banabazi@slu.se

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۶/۰۹ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۲/۰۸/۰۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۸/۰۴

چکیده

هدف: کشور ایران از جمله قدیمی‌ترین مراکز اهلی‌سازی و پرورش گونه‌های دام و طیور در دنیا محسوب می‌شود. در حال حاضر، اکوتیپ‌های گوناگونی از گوسفندهای بومی در مناطق جغرافیایی مختلف کشور مورد نگهداری قرار می‌گیرند که به لحاظ ویژگی‌های ظاهری و تولیدی تفاوت‌های آشکاری با یکدیگر دارند. تاکنون مطالعه جامعی در سطح کل ژنوم برای شناسایی ویژگی‌های ژنومیکی گوسفندان بومی ایران صورت نگرفته است. لذا هدف این مطالعه شناسایی تنوع ژنوم در نژادهای گوسفند بومی ایران با استفاده از داده‌های توالی‌یابی کل ژنوم است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه توالی‌های کل ژنوم ۲۹ راس گوسفند بومی ایران از پایگاه داده NCBI دانلود و آنالیز شد. توالی‌یابی کل ژنوم داده‌های مطالعه شده به صورت Paired-End توسط دستگاه‌های توالی‌یاب Hiseq2000 و Hiseq X Ten انجام

شده است. کنترل کیفیت توالی داده‌های خام توسط برنامه FastQC انجام شد. برای همردیفی توالی داده‌ها با ژنوم مرجع گوسفند (Oar v.4.0, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000298735.2) از الگوریتم BWA-MEM بکار برده شده در بسته نرم افزاری BWA استفاده شد. برای حذف PCR duplicates از خروجی‌های همردیفی از برنامه Picard استفاده شد. پردازش خروجی‌های همردیفی با ژنوم مرجع در دو مرحله شامل همردیفی مجدد حذف و اضافه‌های کوچک و کالیبره‌کردن مجدد نمره کیفیت باز با استفاده از برنامه GATK انجام شد. میانگین عمق پوشش و درصد همردیفی برای خروجی همردیفی با ژنوم مرجع با استفاده از دستورهای depth و flagstat به کار برده شده در نرم افزار samtools محاسبه شدند. چندریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNPs) توسط ابزار UnifiedGenotyper بکار رفته در برنامه GATK شناسایی شدند. مقادیر تنوع نوکلئوتیدی و ضریب همخونی ژنومی بر اساس SNPهای هموزیگوت برای هر فرد با استفاده از دستور het به کار رفته در برنامه VCFtools محاسبه شدند.

نتایج: میانگین عمق پوشش داده‌های استفاده شده در این مطالعه X ۱۸/۳۹ بود. میانگین درصد همردیفی توالی‌های کوتاه با ژنوم مرجع گوسفند ۹۹/۸۹ درصد بدست آمد. مقادیر ضریب همخونی ژنومی در نژادهای گوسفندان بومی ایران از ۰/۰۱ تا ۰/۱۲ متغیر بود. کمترین مقدار ضریب همخونی ژنومی در ژنوم گوسفند مغانی مشاهده شد (۰/۰۱) و بیشترین مقدار ضریب همخونی در ژنوم گوسفند افشاری مشاهده شد (۰/۱۲). همچنین مقادیر میانگین درصد هتروزیگوسیتی مشاهده و مورد انتظار محاسبه شده برای چند ریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی در ژنوم اکوتیپ‌های گوسفندان بومی ایران از ۲۰/۶۷ تا ۲۳/۰۶ و ۳۲/۴۱ تا ۳۲/۴۲ متغیر بود.

نتیجه‌گیری: نتایج بدست از این تحقیق می‌تواند در طراحی برنامه‌های حفاظتی و اصلاح نژادی برای گوسفندان بومی ایران به ویژه در شرایطی که اطلاعاتی نظیر شجره حیوانات، سطوح تفاوت‌های ژنتیکی داخل و بین جمعیت‌ها و میزان خلوص و یا آمیختگی آنها در دسترس نیست مورد استفاده قرار گیرند

کلیدواژه‌ها: گوسفندان بومی ایران، توالی‌یابی کل ژنوم، چندریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: اسدالله پور نعنائی حجت، اسدی فوزی مسعود، امیری قنات سامان زینب، بنابازی محمد حسین (۱۴۰۲) شناسایی تنوع ژنوم در نژادهای گوسفند بومی ایران با استفاده از داده‌های توالی‌یابی کل ژنوم. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، ۱۵(۴)، ۱۴۵-۱۶۰.

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

© the authors

مقدمه

اهلی‌سازی گوسفند (*Ovis aries*) از حدود ۱۰۰۰ سال پیش احتمالاً در نواحی از ایران و ترکیه شروع شد (Zeder 2008). پس از اهلی سازی، توزیع گوسفندان به نواحی مختلف به دلیل سازگاری با جیره‌های فقیر و آب و هوای بد گسترش یافت (Kijas

et al. 2009). جداسازی جزئی تولید مثل به علت جداسازی جغرافیایی به همراه فرآیندهای انتخابی پرورش‌دهندگان منجر به ایجاد تنوع عظیمی از نژادهای گوسفند گردید. بطوریکه هر کدام از این نژادها دارای صفات سازگاری با شرایط خاص محیطی می‌باشند (Soma et al. 2012). نشخوارکنندگان کوچک، به ویژه انواع نژادهای بومی، از جنبه‌های اقتصادی – اجتماعی در معیشت قسمت قابل توجهی از جمعیت انسانی در مناطق گرم نقش بسزایی دارند (Amiri Roudbar et al. 2018; Arabpour et al. 2021). بنابراین، آزمایشات ترکیبی با تأکید بر مدیریت و پیشرفت ژنتیکی برای بهبود تولیدات حیوانی از اهمیت تعیین کننده‌ای برخوردار هستند (Mohammadabadi 2016). کارآیی اقتصادی و بیولوژیکی صنایع پرورش گوسفند به طور کلی با افزایش بهره‌وری و عملکرد تولیدمثلی میش‌ها بهبود می‌یابد (Mohammadifar and Mohammadabadi 2011). گوسفند به‌عنوان نشخوارکننده کوچک نقش مهمی در تولیدات کشاورزی و گذران زندگی مردم دارد و در این میان، صفت باروری، یکی از مهمترین صفات اقتصادی گوسفند برای پرورش‌دهندگان گوسفند است (Amiri Roudbar et al. 2017). پرورش گوسفند در ایران به دلیل ذائقه مردم، قربانی کردن گوسفند در مراسمات مذهبی، تامین پشم مورد نیاز برای صنعت قالی‌بافی و همچنین حفظ و توسعه اشتغال یکی از ضروریات اصلی پرورش دام کشور است (Jafari Ahmadabadi et al. 2023; Mahmoudi et al. 2016). به دلیل سازگاری بیشتر نژادهای بومی و محلی با شرایط محیطی، مقاومت بیشتر در برابر بیماری‌های شایع آن منطقه و توانایی استفاده بهینه از منابع غذایی محلی اولویت اول دامداران محلی پرورش نژادهای بومی می‌باشد (Shokri et al. 2023). در حال حاضر حدود ۴۸/۲ میلیون راس گوسفند و بره در کشور وجود دارد که بالغ بر ۲۷ اکوتیپ را تشکیل داده و در تمامی استان‌ها پراکنده شداند (Shahsavari et al. 2022; Masoudzadeh et al. 2020). ورود دام‌های اصلاح شده خارجی در سال‌های اخیر به دلیل تولید بالا سبب کم توجهی و گاهاً بی توجهی در مواردی حذف توده‌های بومی کشور شده است و علاه برآن تلاقی‌های بدون برنامه و کنترل نشده سبب گردیده تا خلوص دام‌های بومی در مواردی از بین برود (Safaei et al. 2022). از آنجایی که دام‌های بومی ایران در طی هزاران سال در شرایط متفاوت اقلیمی ایران سازگار شده‌اند، با ورود دام‌های خارجی که صرفاً برای افزایش سطح تولید مناسب می‌باشند سبب حذف ژن‌های ارشمند خواهد شد. لذا لازم است هر چه سریع‌تر برای حفظ و نگهداری از این توده‌های بومی با ارزش اقدامات موثری صورت گیرد (Mohammadabadi et al. 2021). استفاده از فناوری‌های نوین ژنتیک مولکولی، به ویژه در شرایطی که اطلاعاتی نظیر شجره حیوانات، سطوح تفاوت‌های ژنتیکی داخل و بین جمعیت‌ها و میزان خلوص و یا آمیختگی آنها در دسترس نیست، می‌تواند به شناسایی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌ها و برنامه‌ریزی جهت حفاظت از آنها کمک شایان توجهی کند (Engelsma et al. 2011). در سال‌های اخیر، ظهور فناوری‌های نسل جدید توالی‌یابی ژنوم امکان تعیین توالی‌یابی حجم زیادی از ژنوم موجودات زنده را فراهم آورده است. در مقایسه با نشانگرهای مولکولی، داده‌های حاصل از این فناوری‌ها قادر به شناسایی کلیه تغییرات سطح ژنوم بوده و تصویر جامعی از ژنوم یک فرد منعکس می‌کنند.

طبق مطالعات گذشته بر اساس مکان‌های مختلف ریزماهواره‌ای، تنوع ژنتیکی بالایی در برخی نژادهای ایرانی گزارش شده و تاثیر فاصله‌های جغرافیایی و موانع فیزیکی در شکل گیری ساختار ژنتیکی این نژادها مشخص شده است (Esmaeilkhanian and Banabazi 2006; Esmaeilkhanian et al. 2007; Zahedi et al. 2007; Molaee et al. 2009; Seidani et al. 2009; Nanekarani et al. 2010; Dashaba et al. 2011). در یک مطالعه ۲۴ نژاد بومی توزیع شده در مناطق جغرافیایی مختلف ایران از جمله شرق و دو طرف کوهای زاگرس با استفاده از ۱۷ نشانگر ریز ماهواره‌ای تجزیه و تحلیل شدند. نتایج این تحقیق نه تنها کاهش اخیر تنوع ژنتیکی را نشان نداد بلکه سطح بالایی از تنوع ژنتیکی برای گوسفندان بومی ایران را گزارش کرد همچنین نتایج حاصل از تنوع و ساختار ژنتیکی بدست آمده در این تحقیق نشان داد که ۸ نژاد گوسفند ایرانی (افشاری، مغانی، ماکویی، شال، نائینی، قره‌گل، زندی و ترکی قشقایی) باید در اولویت برنامه حفاظت ژنتیکی قرار گیرند (Ruiz-Larrañaga et al. 2020). در مطالعه Vahidi et al. (2016) بر اساس ۱۸ نشانگر ریز ماهواره بر روی ده نژاد گوسفند ایرانی (افشاری، مغانی، ماکوئی، شال، کلکویی، زندی، نائینی، تالشی، خاکستری شیراز و ترکی قشقایی) سطح آمیخته‌گری بالا و هموزیگوسیتی ژنتیکی در بین آنها شناسایی شد. همچنین می‌توان به مطالعات انجام شده در زمینه ارتباط ژنومی (Almasi et al. 2020; Abdoli et al. 2019; Ghasemi et al. 2019; Rastifar et al. 2015; Mohammadi et al. 2023; Gholizadeh et al. 2015)، شناسایی نواحی تحت انتخاب (Mohammadi et al. 2021; Mohamadipoor Saadatabadi et al. 2019; Manzari 2018; Mirzapour –Abibagloo et al. 2023; Mohamadipoor Saadatabadi et al. 2023) و تنوع ساختار ژنتیکی (Yosefi et al. 2019) در برخی از نژادهای گوسفندان ایرانی اشاره کرد. در اغلب پژوهش‌های اشاره شده بر روی گوسفندان ایرانی تعداد محدودی از جایگاه‌های ژنی در یک و یا تعداد کمی از اکوتیپ‌ها مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. تاکنون مطالعه جامعی جهت بررسی تفاوت‌ها و شباهت‌های موجود در ساختار ژنومی این اکوتیپ‌ها انجام نشده است. از سوی دیگر، ایجاد بانک اطلاعاتی ژنوم در این اکوتیپ‌ها می‌تواند کمک موثری در امر شناسایی و حفاظت از این ذخایر ژنتیکی باشد. از آنجا که شناسایی واریانس ژنتیکی پیش زمینه اصلی انجام انتخاب در دام‌های اهلی محسوب می‌شود، شناسایی جامع ساختارهای ژنومی در این اکوتیپ‌ها گام موثری در شناسایی پتانسیل‌های تولیدی این اکوتیپ‌هاخواهد بود (Zhang et al. 2012). بنابراین، هدف از این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی در سطح ژنوم اکوتیپ‌های مختلف (افشاری، بلوچی، قزل، کبوده شیراز، قره گل، ماکویی، مغانی و شال) گوسفندان بومی ایران می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، توالی کل ژنوم ۲۹ گوسفند بومی ایران از سایت NCBI (https://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra) دانلود شد (جدول ۱). اطلاعات مربوط به این حیوانات در جدول ۱ آورده

شده است. توالی‌یابی کل ژنوم به صورت Paired-End توسط شرکت ایلومینا و دستگاه‌های توالی‌یاب HiSeq X Ten و Hiseq2000 صورت گرفته است. کیفیت داده‌ها توسط برنامه Fastqc بررسی شد. برای همردیفی Short Reads با ژنگان مرجع گوسفند (Oar v.4.0, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000298735.2) از الگوریتم MEM در برنامهٔ BWA (Li and Durbin, 2009) استفاده شد. SAM فایل‌های تولید شده توسط برنامه Samtools (Li et al. 2009) به BAM فایل تبدیل شدند. سپس BAM فایل‌ها بر پایهٔ موقعیت ژنگانی مرتب و ایندکس شدند. کیفیت BAM فایل‌ها توسط فراسنجهٔ‌های میانگین عمق پوشش و درصد همردیفی بررسی شد. میانگین عمق پوشش و درصد همردیفی برای خروجی همردیفی با ژنوم مرجع با استفاده از دستورهای depth و flagstat به کار برده شده در نرم افزار samtools محاسبه شدند. خطاهای PCR از خروجی‌های همردیفی با ژنوم مرجع با استفاده از پکیج MarkDuplicates.jar از مجموعه پکیج‌های برنامه picard (https://github.com/broadinstitute/picard) حذف شدند. پردازش خروجی‌های همردیفی با ژنوم مرجع در دو مرجله شامل همردیفی مجدد اطراف حذف و اضافه‌های کوچک و کالیبره‌کردن مجدد نمره‌های کیفیت با ورود فایل تنوع‌های ژنتیکی دانلود شده از سایت Ensembl (https://ftp.ensembl.org/pub/release-110/variation/vcf/ovis_aries_rambouillet/) با استفاده از برنامه GATK (Mckenna et al. 2010) انجام شد. چند ریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNPs) توسط ابزار UnifiedGenotyper بکار رفته در برنامه GATK شناسایی و بنا بر پیش فرض این برنامه با استفاده از ابزار Variant Filtration در برنامه GATK پالایش شدند. مقادیر تنوع ژنتیکی و ضریب همخونی ژنومی بر اساس SNPهای هموزیگوت برای هر فرد با استفاده از دستور het– به کار برده شده در برنامه vcftools (et al. 2011 Danecek) محاسبه شدند. برنامه VCFtools ضریب همخونی را با روش آماری گشتاورها[1] محاسبه می‌کند. این برنامه ضریب همخونی ژنومی برای یک فرد (FHOM[2]) را بر اساس SNPهای هموزیگوت با استفاده از فرمول زیر محاسبه می‌کند.

فرمول ۱ $$FHOM = \frac{(O - E)}{(L - E)}$$

در این فرمول O تعداد هموزیگوت‌های مشاهده شده، E تعداد هموزیگوت‌های مورد انتظار و L تعداد SNPهای اتوزومی تعیین ژنوتیپ شده است.

[1] Method of moments

[2] Inbreeding coefficient for an individual

جدول ۱. اطلاعات نمونه‌های مورد بررسی در این مطالعه

Table 1. The information of studied samples in this study

شماره Number	شناسه نمونه Sample ID	شماره ثبت Accession Number	نژاد Breed	طول جغرافیایی Latitude	عرض جغرافیایی Longitude
1	IROA-AFS01	SRR501853	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
2	IROA-AFS02	SRR501871	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
3	IROA-AFS50	SRR11657629	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
4	IROA-AFS51	SRR12396956	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
5	IROA-AFS52	SRR12396957	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
6	IROA-AFS53	SRR12396958	Afshari Sheep	36/674339	48/484467
7	IROA-BLZ01	SRR12396859	Baluchi Sheep	36/321247	59/532639
8	IROA-BLZ02	SRR12396937	Baluchi Sheep	36/321247	59/532639
9	IROA-BLZ03	SRR12397022	Baluchi Sheep	36/321247	59/532639
10	IROA-GEZ01	SRR12396959	Ghezel Sheep	38/08	46/2919444
11	IROA-GEZ02	SRR12396960	Ghezel Sheep	38/08	46/2919444
12	IROA-GEZ03	SRR11657628	Ghezel Sheep	38/08	46/2919444
13	IROA-GRS01	SRR12396936	Grey-Shiraz Sheep	35	51
14	IROA-GRS02	SRR12396961	Grey-Shiraz Sheep	35	51
15	IROA-GRS03	SRR12396962	Grey-Shiraz Sheep	35	51
16	IROA-HSS01	SRR11657627	Grey-Shiraz Sheep	35	51
17	IROA-KAL01	SRR12396932	Karakul Sheep	30/283937	57/083363
18	IROA-KAL02	SRR12396933	Karakul Sheep	30/283937	57/083363
19	IROA-KAL03	SRR12396935	Karakul Sheep	30/283937	57/083363
20	IROA-KAL04	SRR11657634	Karakul Sheep	30/283937	57/083363
21	IROA-MAK01	SRR11657631	Makui Sheep	40/1521651	47/615563
22	IROA-MAK02	SRR12397021	Makui Sheep	40/1521651	47/615563
23	IROA-MGH01	SRR12397019	Moghani Sheep	38/066666	46/299999
24	IROA-MGH02	SRR12397020	Moghani Sheep	38/066666	46/299999
25	IROA-MOG01	SRR11657633	Moghani Sheep	38/066666	46/299999
26	IROA-SAL01	SRR12396952	Shal Sheep	36.2688	50.0041
27	IROA-SAL02	SRR12396953	Shal Sheep	36.2688	50.0041
28	IROA-SAL03	SRR12396955	Shal Sheep	36.2688	50.0041
29	IROA-SHS01	SRR11657630	Shal Sheep	36.2688	50.0041

نتایج و بحث

در این مطالعه توالی کل ژنوم ۲۹ راس گوسفند بومی ایران با میانگین عمق پوشش X ۱۸/۳۹ به منظور شناسایی چندریختی‌های تک نوکلوتیدی و مطالعه تنوع ژنتیکی در سطح ژنوم تجزیه و تحلیل گردید. میزان میانگین عمق پوشش توالی‌های کوتاه باژنوم مرجع از X ۱۵/۷۱ تا X ۲۳/۱۸ متغیربود (جدول۲). برای افزایش اطمینان خوانش‌های باز و دقت شناسایی چندریختی‌های تک نوکلئوتیدی، توالی‌یابی با میانگین عمق خوانش نسبتاً بالایی (جدول ۲) برای ۲۹ راس گوسفند بومی ایران انجام

شده است. استفاده از تکنیک توالی‌یابی دوسویه در این مطالعه علاوه بر تولید دو برابر تعداد توالی‌های کوتاه به طور همزمان، امکان همردیفی دقیق توالی‌های کوتاه را ممکن ساخته است و احتمالاً منجر به شناسایی چندریختی‌های تک نوکلئوتیدی بیشتری به دنبال همردیفی جفتی توالی‌های کوتاه در ژنوم شده است (Nakazato et al. 2013). میانگین درصد همردیفی توالی‌های کوتاه با ژنوم مرجع گوسفند ۹۹/۸۹ درصد است که نشان دهنده دقت بالای همردیفی می‌باشد.

جدول ۲. خروجی همردیفی با ژنوم مرجع گوسفند برای ۲۹ نمونه

Table 2. Alignment output with sheep reference genome for 29 samples

درصد همردیفی Aligning Percent	تعداد کل توالی‌های کوتاه همردیف شده Total mapped short reads	تعداد کل توالی‌های کوتاه Total short reads	عمق پوشش (X) Depth (x)	تعداد نمونه Number of Sample	نژاد Breed
99.91%	342,518,590	342,830,106	15.71	6	Afshari Sheep
99.93%	351,488,237	351,719,542	18.96	3	Baluchi Sheep
99.92%	348,585,108	348,859,059	18.72	3	Ghezel Sheep
99.88%	341,260,295	341,671,592	18.19	4	Grey-Shiraz Sheep
99.88%	427,269,091	427,829,534	23.18	4	Karakul Sheep
99.93%	311,947,865	312,172,449	16.18	2	Makui Sheep
99.92%	317,872,623	318,121,930	16.50	3	Moghani Sheep
99.73%	368,421,370	369,229,651	19.667	4	Shal Sheep

ضریب همخونی برای نژادهای مختلف گوسفندان بومی محاسبه شده است (جدول ۳). مقادیر ضریب همخونی در اکوتیپ‌های مختلف گوسفندان بومی ایران از ۰/۰۱ تا ۰/۱۲ متغیر است. کمترین مقدار ضریب همخونی در ژنوم نژاد گوسفند مغانی مشاهده شد (۰/۰۱) و بیشترین مقدار ضریب همخونی در ژنوم گوسفند نژاد افشاری مشاهده شد (۰/۱۲). همخونی بستگی به میزان آمیزش‌های غیرخویشاوندی و میزان مشارکت حیوانات بنیان‌گذار و اجداد اصلی در جمعیت مورد بررسی دارد (Shamsaddini Nejad and Bahreini Behzadi 2016). نتایج حاکی از این است تعداد حیوانات بنیان‌گذار در جمعیت گوسفند مغانی متعادل اما در جمعیت گوسفند افشاری نامتعادل است. در مطالعه Yousefi et al. (2017) بر روی سه نژاد گوسفند افشاری، قزل و مغانی انجام دادند نژادهای قزل و افشاری بیشترین و کمترین مقدار اندازه موثر جمعیت را داشتند. در سیستم دامپروری ایران، جفت‌گیری طبیعی، تبادل قوچ در میان گله‌ها و جفت‌گیری با بستگان نزدیک منجر به سطح بالای هخونی می‌شود. بررسی‌ها نشان می‌دهد که نژاد افشاری به عنوان یکی از نژادهای گوشتی با افزایش وزن روزانه مناسب در طی سال‌های مختلف و همچنین یکی از نژادهای مطلوب جهت پرورش در بین دامداران در ایران مورد توجه بوده است به خصوص در سال‌های اخیر این نژاد به شدت در مناطق مختلف جهت پرواربندی و گاهاً آمیخته‌گری با سایر نژادها مورد استفاده قرار گرفته است (Moradi et al. 2017). نتایج حاصل از این تحقیق با کم بودن اندازه موثر این نژاد در طی نسل‌های حاضر این موضوع را نشان می‌دهد.

همچنین میانگین درصد هتروزیگوسیتی مشاهده و مورد انتظار محاسبه شده برای چندریختی‌های‌تک نوکلئوتیدی در ژنوم گوسفندان بومی ایران در جدول ۳ ارائه شده است. میانگین درصد هتروزیگوسیتی مشاهده و مورد انتظار محاسبه شده به ترتیب ۲۲/۲۶ و ۲۳/۴۲ بود. در مطالعه‌ای که Moosanezhad Khabisi et al. (2022) جهت بررسی تنوع ژنتیکی ۱۱ نژاد گوسفندان بومی ایران (کرمانی، بلوچی، افشاری، قره گل، سنجابی، سیاه کبود، لری بختیاری، شال، قزل، کیوسی و کبوده شیراز) با استفاده از نشانگرهای متراکم (600k) انجام دادند میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب ۰/۳۳۱ و۰/۳۶۰ گزارش شد. در مطالعه Ruiz-Larrañaga et al. (2020) بر روی ۲۴ نژاد گوسفندان ایرانی با استفاده از ۱۷ جایگاه ریز ماهواره انجام دادند متوسط مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده برای همه جایگاه‌های مورد مطالعه ۰/۷۱۵ و ۰/۷۰۱ به ترتیب بود. همچنین در مطالعه‌ای که Vahidi et al. (2016) بر روی ۱۰ نژاد گوسفند دنبه‌دار ایرانی (افشاری، مغانی، ماکویی، شال، کلکوهی، زندی، نائینی، تالشی، کبوده شیراز و ترکی قشقایی) با استفاده از ۱۶ جایگاه ماکروساتلایت انجام دادند متوسط مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده برای همه جایگاه‌های مورد مطالعه ۰/۷۵ و ۰/۷۲ به ترتیب بود.

نتایج این تحقیق نشان داد که در ژنوم گوسفندان ایران درصد هتروزیگوسیتی مشاهده شده کمتر از درصد هتروزیگوسیتی مورد انتظار است. بطوریکه این تفاوت در ژنوم گوسفند افشاری قابل توجه تر است که نشان دهنده بیشتر بودن مقدار همخونی در این نژاد می‌باشد. کمتر بودن تنوع ژنتیکی مشاهده شده از تنوع ژنتیکی مورد انتظار، به وجود نیروهایی مثل همخونی در جمعیت می‌توان اشاره کرد (Bazgir et al. 2021). وجود نیروی همخونی گزارش شده در این مطالعه با نتایج Moosanezhad Khabisi et al. (2022) بر روی گوسفندان بومی ایران همخوانی ندارد اما با نتایج مطالعات Ruiz-Larrañaga et al. (2020) و Vahidi et al. (2016) همخوانی دارد. لذا، به نظر می‌رسد وجود آمیزش‌های خویشاوندی در گله‌های بسته، موجب افزایش میانگین ضریب همخونی در گله‌های گوسفندان بومی ایران شده است. بنابراین با توجه به نتایج بدست آمده در سطح ژنوم پیشنهاد می‌شود به منظور جلوگیری از افزایش اثرات زیان آور ناشی از همخونی در گله‌های گوسفندان بومی ایران باید با حذف آمیزش‌های خویشاوندی بسیار نزدیک و افزایش آمیزش‌های دور، همخونی را در گله‌های گوسفندان کنترل و مدیریت نمود.

نتیجه‌گیری: ژنوم ۲۹ راس گوسفند بومی ایران از اکوتیپ‌های مختلف با میانگین عمق پوشش X ۱۸/۳۹ تجزیه و تحلیل شد. کمتر بودن تنوع ژنتیکی مشاهده شده از تنوع ژنتیکی مورد انتظار جمعیت‌های گوسفندان بومی ایران نشان‌دهنده وجود نیروهایی مثل همخونی در گله‌های گوسفند بومی ایران است. بنابراین برای حفظ نژادهای مورد مطالعه باید در کنترل آمیزش‌ها و افزایش اندازه جمعیت موثر تمهیداتی اندیشیده شود. همچنین نتایج این مطالعه نشان داد که استفاده از فناوری‌های نوین ژنتیک مولکولی، به ویژه در شرایطی که اطلاعاتی نظیر شجره حیوانات، میزان خلوص و یا آمیختگی آنها در دسترس نیست، می‌تواند به شناسایی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌ها و برنامه‌ریزی جهت حفاظت از آنها کمک شایان توجهی کند.

جدول۳. مقادیر تنوع ژنتیکی محاسبه شده برای چندریختی‌های تک نوکلئوتیدی

Table 3. Calculated genetic diversity values for SNPs

درصد هتروزیگوسیتی مورد انتظار Proportion expected heterozygous sites	درصد هتروزیگوسیتی مشاهده شده Proportion observed heterozygous sites	ضریب همخونی Inbreeding Coefficient	اکوتیپ یا نژاد Ecotype or Breed
23.4159	20.67	0.12	Afshari Sheep
23.4193	22.72	0.03	Baluchi Sheep
23.4197	22.45	0.04	Ghezel Sheep
23.4218	22.96	0.02	Grey-Shiraz Sheep
23.4195	21.82	0.07	Karakul Sheep
23.4199	22.73	0.03	Makui Sheep
23.4192	23.06	0.01	Moghani Sheep
23.4197	21.64	0.08	Shal Sheep
23/42	22/26	0.05	Mean

سپاسگزاری: این پژوهش به وسیله صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور (INSF) و دانشگاه شهید باهنر کرمان با شماره گرنت ۴۰۰۶۱۷۴ مورد حمایت مالی قرار گرفته است و بدینوسیله از حمایت‌کنندگان سپاسگذاری می‌شود.

منابع

بازگیر حمیده، اسماعیلی زاده کشکوئیه علی، امیری قنات سامان زینب، اسدی فوزی مسعود (۱۴۰۰) شناسایی تنوع ژنوم در مرغ لاری با استفاده از روش توالی‌یابی کل ژنوم. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی (۲) ۱۳، ۱۸۹-۲۰۴.

جعفری احمدآبادی سید علی اصغر، عسکری‌همت حشمت‌اله، محمدآبادی محمدرضا (۱۴۰۲) تاثیر شاهدانه بر بیان ژن DLK1 در بافت قلب بره‌های کرمانی. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، ۱۵(۱)، ۲۱۷-۲۳۴.

راستی فر مهدیه، نجاتی جوارمی اردشیر، مرادی محمد حسین، عبداللهی آرپناهی رستم (۱۳۹۴) شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با قطر پشم در نژادهای گوسفند ایرانی. علوم دامی ایران (۱) ۴۶، ۷۲-۶۵.

شکری سمیرا، خضری امین، محمدآبادی محمدرضا، خیرالدین حمید (۱۴۰۲) بررسی بیان ژن MYH7 در بافت‌های ران، دست و راسته بره‌های پرواری نژاد کرمانی. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، ۱۵(۲)، ۲۱۷-۲۳۶.

شمس الدینی نژاد هادی، بحرینی بهزادی محمد رضا (۱۳۹۵) بررسی تنوع ژنتیکی بز کرکی رائینی با استفاده از روش تحلیل شجره. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان، ۴ (۱)، ۷۶-۵۵.

عرب‌پور رق آبادی زهرا، محمدآبادی محمدرضا، خضری امین (۱۴۰۰) الگوی بیانی ژن p32 در بافت‌های ران، دست، راسته و چربی پشت بره کرمانی. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، ۱۳(۴)، ۱۸۳-۲۰۰.

محمدی حسین، نجفی ابوذر ، شمس اللهی محمد (۱۴۰۱) مطالعه پویش کل ژنوم بر پایه آنالیز مسیر مرتبط با صفات رشد در گوسفند. ژنتیک نوین (۴) ۱۷، ۳۸۵-۳۷۵.

محمدی حسین، رافت سید عباس، مرادی شهربابک حسین و همکاران (۱۳۹۶) پویش ژنگان کل برای تعیین جایگاه‌های تحت انتخاب مثبت در گوسفندان نژاد زندی. علوم دامی ایران (۴) ۴۸، ۵۴۸-۵۳۴.

محمدی فر آمنه، محمدآبادی محمدرضا (۱۳۹۰) کاربرد نشانگرهای ریزماهواره برای مطالعه ژنوم گوسفند کرمانی. مجله علوم دامی ایران ۴۲(۴)، ۳۴۴-۳۳۷.

محمودی مریم، آیت اللهی مهرجردی احمد، محمدآبادی محمدرضا (۱۳۹۶) بررسی اگزون چهارم ژن کاپاکازئین گوسفند کرمانی با تکنیک PCR-RFLP. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، ۹(۳)، ۱۲۸-۱۱۹.

مرادی محمد حسین، فراهانی امیر حسین، نجاتی جوارمی اردشیر (۱۳۹۶) ارزیابی ژنگانی اندازه موثر جمعیت گوسفند ایرانی با استفاده از اطلاعات عدم تعادل پیوستگی. مجله علوم دامی ایران (۱) ۴۸، ۴۹-۳۹.

موسی نژاد خبیصی مژده، اسماعیلی زاده کشکوئیه علی، اسدی فوزی مسعود (۱۴۰۱) بررسی میزان همخونی ژنومی در گوسفندان بومی ایران با استفاده از نشانگرهای متراکم (SNP 600K). پژوهش‌های تولیدات دامی (۱۳) ۳۵، ۱۶۷-۱۵۸.

میرزاپور آبی بگلو عباس، هدایت نعمت، خلخالی ایوریق رضا و همکاران (۱۴۰۲) پویش ژنومی برای شناسایی رشته‌های هموزیگوت و ژن‌های موجود در این نواحی در ژنوم گوسفندان بومی ایران. پژوهش‌های تولیدات دامی (۳۹) ۱۴، ۱۳۰-۱۲۱.

یوسفی زهره، بیگی نصیری محمد تقی، مرادی محمد حسین، عبداللهی آرپناهی رستم، شیر علی مسعود (۱۳۹۷) بررسی ژنومی ساختار جمعیتی و عدم تعادل پیوستگی در برخی از نژادهای گوسفند بومی ایران. پژوهش و سازندگی (۱) ۱۲۱، ۲۵۱-۲۴۱.

References

Abdoli R, Mirhoseini SZ, Hossein-Zadeh NG et al. (2019) Genome-wide association study of four composite reproductive traits in Iranian fat-tailed sheep. Reprod Fertil Dev 31(6), 1127-1133.

Almasi M, Zamani P, Mirhoseini SZ, Moradi MH (2020) Genome-wide association study of weaning traits in Lori-Bakhtiari sheep. Ann Anim Sci 20(3), 811-824.

Amiri Roudbar M, Abdollahi-Arpanahi R, Ayatollahi Mehrgardi A, et al. (2018) Estimation of the variance due to parent-of-origin effects for productive and reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. Small Rumin Res 160, 95-102.

Amiri Roudbar M, Mohammadabadi MR, Mehrgardi AA, Abdollahi-Arpanahi A (2017) Estimates of variance components due to parent-of-origin effects for body weight in Iran-Black sheep. Small Rum Res 149, 1-5.

Arabpour Z, Mohammadabadi M, Khezri A (2021) The expression pattern of p32 gene in femur, humeral muscle, back muscle and back fat tissues of Kermani lambs. Agric Biotechnol J 13 (4), 183-200 (In Persian).

Bazgir H, Esmaeelizadeh A, Amiri Z, Asadi Fouzi M (2021) Identification of genome diversity in Lari chicken using whole genome sequencing method. J Agric Biotechnol 13(2), 189-204 (In Persian).

Danecek P, Auton A, Abecasis G et al. (2011) The variant call format and vcftools. Bioinformatics. 27, 2156-2158.

Dashaba GR, Aslaminejada A, Nassiria M et al. (2011). Analysis of genetic diversity and structure of Baluchi sheep by microsatellitemarkers. Trop Subtrop Agroecosystem 14, 1047–1054.

Engelsma KA, Veerkamp RF, Calus MPL, Windig JJ (2011) Consequences for diversity when prioritizing animals for conservation with pedigree or genomic information. J Anim Breed Genet 128(6), 473-481.

Esmaeilkhanian S, Banabazi MH (2006) Genetic variation within and between five Iranian sheep populations using microsatellite markers. Pak J Biol Sci 9, 2488–2492.

Esmaeilkhanian S, Negati-Javaremi A, Afraz F et al. (2007) Genetic Variation among Baluchi Sheep Population Using Microsatellite Markers. J Agric Sci Technol 11, 373–380.

Ghasemi M, Zamani P, Vatankhah M, Abdoli R (2019) Genome-wide association study of birth weight in sheep. J Anim 13, 1797–1803.

Gholizadeh M, Rahimi-Mianji G, Nejati-Javaremi A (2015) Genome wide association study of body weight traits in Baluchi sheep. J Genet 94, 143–146.

Jafari Ahmadabadi SAA, Askari-Hemmat H, Mohammadabadi M, et al. (2023) The effect of Cannabis seed on DLK1 gene expression in heart tissue of Kermani lambs. Agric Biotechnol J 15 (1), 217-234 (In Persian).

Kijas JW, Townley D, Dalrymple BP, et al. (2009) A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds. PloS one 4(3), e4668.

Li H, Durbin R (2009) Fast and accurate short read alignment with burrows–wheeler transform. Bioinformatics 25, 1754-1760.

Li H, Handsaker B, Wysoker A et al. (2009) The sequence alignment/map format and sam tools. Bioinformatics 25, 2078-2079.

Mahmoudi M, Ayatollahi Mehrjardi A, Mohammad Abadi MR (2016) Examining the fourth exon of Kermani sheep capacasein gene by PCR-RFLP technique. Agric Biotechnol J 9(3), 128-119.

Manzari Z, Mehrabani-Yeganeh H, Nejati-Javaremi A et al. (2019) Detecting selection signatures in three Iranian sheep breeds. Anim Genet 50(3), 298-302.

Masoudzadeh SH, Mohammadabadi MR, Khezri A, et al. (2020) Dlk1 gene expression in different Tissues of lamb. Iran J Appl Anim Sci 10, 669-677.

McKenna A, Hanna M, Banks E et al. (2010) The genome analysis toolkit, a mapreduce frame work for analyzing next-generation dna sequencing data. Genome Res 20, 1297-1303.

Mirzapour A, Hedayat N, Khalkhali R, et al. (2023) Genome-Wide San for Detection of Runs of Homozygosity in Iranian Indigenous Sheep Breeds. Anim Prod Res 14(39), 121-13 (In Persian).

Mohamadipoor Saadatabadi L, Mohammadabadi M, Amiri Ghanatsaman Z et al. (2021) Signature selection analysis reveals candidate genes associated with production traits in Iranian sheep breeds. BMC Vet Res 17(1), 1-9.

Mohamadipoor Saadatabadi L, Mohammadabadi M, Nanaei HA, et al. (2023) Unraveling candidate genes related to heat tolerance and immune response traits in some native sheep using whole genome sequencing data. Small Rumin Res 225, e107018.

Mohammadabadi M, Masoudzadeh SH, Khezri A, et al. (2021) Fennel (Foeniculum vulgare) seed powder increases Delta-Like Non-Canonical Notch Ligand 1 gene expression in testis, liver, and humeral muscle tissues of growing lambs. Heliyon 7 (12), e08542 .

Mohammadabadi MR (2016). Inter-Simple Sequence Repeat Loci associations with predicted breeding values of body weight in Kermani sheep. Genet 3rd Millennium 14, 4383-4390.

Mohammadi H, Najafi A, Shamsollahi M (2023) Genome wide association study based on pathway analysis relate to growth traits in sheep. Modern Genet 7(4), 375-385 (In Persian).

Mohammadi H, Rafat SA, Moradi Shahrbabak H (2018) Genome-wide analysis for detection of loci under positive selection in Zandi sheep breed. Iran J Anim Sci 48(4), 533-548 (In Persian).

Mohammadifar A, Mohammadabadi MR (2011) Application of Microsatellite Markers for a Study of Kermani Sheep Genome. Iran J Anim Sci 42 (4), 337-344 (In Persian).

Molaee V, Osfoori R, Eskandari Nasab MP, Qanbari S (2009) Genetic relationships among six Iranian indigenous sheep populations based on microsatellite analysis. Small Rumin Res 84, 121–124.

Moosanezhad Khabisi M, Esmailizadeh A, Asadi Fozi M (2022) Evaluation of Genomic Inbreeding Rate in Iranian Native Sheep using Dense SNP Markers 600K. Iran Livest Prod Sci 13 (35), 158-167 (In Persian).

Moradi MH, Farahani AH, Nejati-Javaremi A (2017) Genome-wide evaluation of effective population size in some Iranian sheep breeds using linkage disequilibrium information. Iran J Anim Sci 48(1), 39-49 (In Persian).

Nakazato T, Ohta T, Bono H (2013) Experimental design-based functional mining and characterization of high-throughput sequencing data in the sequence read archive. PLoS One 8, e77910.

Nanekarani S, Amirinia C, Amirmozafari N, et al. (2010) Genetic variation among pelt sheep population using microsatellite markers. Afr J Biotechnol 9, 7437-7445.

Rastifa M, Nejati-Javaremi A, Moradi MH, Abdollahi-Arpanahi R (2015) Identification of genomic regions associated with wool diameter in Iranian sheep breeds. Iran J Anim Sci 46(1), 65-72 (In Persian).

Ruiz-Larrañaga O, Nanaei HA, Montes I et al. (2020) Genetic structure of Iranian indigenous sheep breeds: insights for conservation. Trop Anim. Health Prod 52(5), 2283-2290.

Safaei SMH, Dadpasand M, Mohammadabadi M, et al. (2022) An Origanum majorana Leaf Diet Influences Myogenin Gene Expression, Performance, and Carcass Characteristics in Lambs. Animals 13 (1), e14.

Seidani ES, Amirinia C, Lavaf A et al. (2009) Genetic variation among different ecotypes of the Iranian Sanjabi sheep. J Anim Vet Adv 8, 1173–1176.

Shahsavari M, Mohammadabadi M, Khezri A, et al. (2022) Effect of Fennel (Foeniculum Vulgare) Seed Powder Consumption on Insulin-like Growth Factor 1 Gene Expression in the Liver Tissue of Growing Lambs. Gene Express 21 (2), 21-26.

Shamsaddini Nejad H, Bahreini Behzadi MR (2016) A study on genetic diversity of Raeini Cashmere Goat using pedigree analysis. J Rumin Res 14 (1), 55-76.

Shokri S, Khezri A, Mohammadabadi M, Kheyrodin H (2023). The expression of MYH7 gene in femur, humeral muscle and back muscle tissues of fattening lambs of the Kermani breed. Agric Biotechnol J 15 (2), 217-236 (In Persian).

Soma P, Kotze A, Grobler JP, van Wyk JB (2012) South African sheep breeds: population genetic structure and conservation implications. Small Rumin Res 103,112–119.

Vahidi SMF, Faruque MO, Falahati Anbaran M et al. (2016) Multilocus genotypic data reveal high genetic diversity and low population genetic structure of Iranian indigenous sheep. Anim Genet 47, 463–470.

Yousefi Z, Beigi Nasiri M T, Moradi MH et al. (2017) Genomic study of population structure and linkage disequilibrium in some native sheep breeds of Iran. Anim Sci J 121, 241-252 (In Persian).

Zahedi Z, Esmaeelkhanian S, Vaez Torshizi R (2007) Microsatellite variation in one breed of Iranian sheep with 12 markers. Pak J Biol Sci 10, 4455–4460.

Zeder MA (2008) Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. Proc Natl Acad Sci USA 33, 11597–11604.

Zhang H, Wang SZ, Wang ZP, Da Y et al. (2012) A genome-wide scan of selective sweeps in two broiler chicken lines divergently selected for abdominal fat content. BMC genom 13(1), e704.