

Evaluation of Genetic Potential of Iranian Native Chicken Ecotypes; Insights for Conservation

Hamed Kharrati-Koopae 

Postdoctoral Researcher, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: h.kharrati.ko@gmail.com.

Ali Esmailzadeh 

*Corresponding author. Professor in Animal Science, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: aliesmaili@uk.ac.ir.

Hojjat Asadollahpour Nanaei 

Ph.D. graduated, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: h.asadollahpour1988@gmail.com.

Abstract

Objective

Different climates and wide geographical area of Iran have caused considerable genetic diversity in Iranian chicken ecotypes. Artificial selection for genetic gain in economic traits leads to a reduction of genetic diversity in livestock and poultry breeds. On the other hand, by identifying the genetic potential of native ecotypes and managing breeding programs, it is possible to increase productivity in native chicken populations while maintaining genetic diversity. However, so far no genomic study has been performed to identify the genetic characteristics of native chickens. The aim of this study was to identify the genetic potential of Iranian native chicken ecotypes for appropriate targeting of breeding and genetic conservation programs.

Materials and methods

In this study, genomic data related to 51 native chicken ecotypes, 11 chickens of Arian line and 10 chickens of Leghorn breed were collected from the department of animal science at Shahid Bahonar University of Kerman. Mapping step against reference genome was done by BWA program. Identification of single nucleotide variants was performed by GTAK software. Phylogenetic analysis was investigated using the neighborhood joining method and Mega

software. F_{st} and inbreeding coefficient among population were performed using Admixture and VCFtools programs.

Results

Percentage of alignment against the reference genome was reported between 83% and 95% for all samples and also 14.56 million single nucleotide variants were reported from the native and commercial chicken genomes. The results of phylogenetic tree analysis showed that almost all studied ecotypes were classified into separate groups. According to the reported results, it can be claimed that native chicken ecotypes are more genetically similar to the Arian line (compared to Leghorn breed). Findings obtained from admixture and F_{st} analysis also confirmed the results of phylogenetic analysis. For example, the highest F_{st} was estimated as 0.219 between Leghorn breed and Marandi ecotype.

Conclusions

Due to the genetic similarity of most native chicken ecotypes and Arian line, breeding programs can be organized based on meat production traits. By targeting breeding programs, genetic resources can be improved to increase productivity while preserving the genetic diversity of native chicken ecotypes.

Keywords: Single nucleotide variants, Genetic conservation, Native chicken.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Kharrati-Koopae H, Esmailizadeh A, Asadollahpour Nanaei H (2022) Evaluation of genetic potential of Iranian native chicken ecotypes; insights for conservation. *Agricultural Biotechnology Journal* 14 (2), 119-132.

Agricultural Biotechnology Journal 14 (2), 119-132. DOI: 10.22103/jab.2022.19103.1389

Received: March 12, 2022.

Received in revised form: April 24, 2022.

Accepted: April 25, 2022.

Published online: May 5, 2022


Publisher: Faculty of Agriculture and Technology Institute of Plant



Production, Shahid Bahonar University of Kerman-Iranian Biotechnology Society.


© the authors

ارزیابی پتانسیل ژنتیکی اکوتیپ‌های مرغ بومی ایران به منظور حفظ ذخایر ژنتیکی

حامد خراتی کوپایی 


پژوهشگر دوره پسادکتر، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه:

h.kharrati.ko@gmail.com

علی اسمعیلی زاده 

*نویسنده مسئول: استاد بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه:

aliesmaili@uk.ac.ir

حجت اسداله پور نعنایی 

دانش آموخته دوره دکترا ژنتیک و اصلاح نژاد دام، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان،

ایران. رایانامه: h.asadollahpour1988@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۲/۲۱ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۱/۰۲/۰۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۲/۰۵

چکیده

هدف: اقلیم‌های آب و هوایی گوناگون ایران باعث بوجود آمدن تنوع ژنتیکی قابل توجهی در اکوتیپ‌های مرغ بومی گردیده است. انتخاب مصنوعی برای پیشرفت ژنتیکی در صفات اقتصادی منجر به کاهش تنوع ژنتیکی در گونه‌های اهلی دام و طیور می‌گردد. از طرف دیگر با شناسایی پتانسیل ژنتیکی اکوتیپ‌های بومی و مدیریت برنامه‌های بهنژادی می‌توان همراه با حفظ تنوع ژنتیکی از افزایش بهره‌وری در جمعیت‌های مرغ بومی نیز سود جست. با این حال تاکنون مطالعه‌ای در سطح ژنوم برای شناسایی خصوصیات ژنتیکی مرغ بومی صورت نگرفته است. هدف این پژوهش شناسایی پتانسیل ژنتیکی اکوتیپ‌های مرغ بومی ایران برای هدف گذاری مناسب برنامه‌های بهنژادی و حفاظت ژنتیکی می‌باشد.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه داده‌های ژنومی ۵۱ قطعه از اکوتیپ‌های مرغ بومی، ۱۱ قطعه از لاین آرین و ۱۰ قطعه از نژاد لگه‌پور از بخش علوم دامی دانشگاه شهید باهنر کرمان تهیه شد. نقشه گذاری با ژنوم رفرنس بو سیله برنامه BWA انجام شد. شناسایی واریانت تک نوکلئوتیدی بو سیله نرم افزار GTAK انجام گرفت. برر سی روابط فیلوژنتیکی با استفاده از روش اتصال

مجاورین و نرم افزار مگا (نسخه ۷) انجام شد. محاسبه F_{st} و بررسی همخوانی بین جمعیت‌ها با استفاده از برنامه‌های Admixture و VCFtools انجام گرفت.

نتایج: در صد همدردی با ژنوم مرجع برای تمامی نمونه‌های مورد بررسی بین ۸۳ تا ۹۵ درصد گزارش شد و تعداد ۱۴/۵۶ میلیون چندریختی تک نوکلئوتیدی از ژنوم مرغ‌های بومی و تجاری گزارش شد. نتایج واکاوی درخت فیلوژنی نشان داد که تقریباً اکوتیپ‌های مورد مطالعه در گروه‌های جداگانه‌ای قرار می‌گیرند. بر اساس این نتایج می‌توان بیان داشت که اکوتیپ‌های مرغ بومی شباهت ژنتیکی بیشتری به لاین آرین دارند و نسبت به نژاد لگهورن دارای شباهت ژنتیکی کمتری می‌باشند. یافته‌های به دست آمده از بررسی سطح هم‌خوانی و آماره F_{st} نیز تایید کننده نتایج آنالیز فیلوژنی بود. برای نمونه، بیشترین مقدار F_{st} بین نژاد لگهورن و اکوتیپ مردی به میزان ۰/۲۱۹ تعیین شد.

نتیجه‌گیری: با توجه به قرابت ژنتیکی بیشتر اکوتیپ‌های مرغ بومی با لاین آرین، با هدف گذاری برنامه‌های به‌نژادی برای صفات تولید گوشت در جمعیت‌های مرغ بومی، می‌توان پیشرفت ژنتیکی بیشتری را برای این صفات انتظار داشت. با هدفمند شدن برنامه‌های به‌نژادی می‌توان از ذخایر ژنتیکی در جهت افزایش بهره‌وری همراه با حفظ تنوع ژنتیکی اکوتیپ‌ها سود جست. **کلیدواژه‌ها:** چند ریختی تک نوکلئوتیدی، حفاظت ژنتیکی، مرغ بومی.

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: خراتی‌کوپایی حامد، اسماعیلی‌زاده علی، اسداله‌پور نعنایی حجت (۱۴۰۱) ارزیابی پتانسیل ژنتیکی اکوتیپ‌های مرغ بومی ایران به منظور حفظ ذخایر ژنتیکی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۱۴(۲)، ۱۱۹-۱۳۳.

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



© the authors

مقدمه

ذخایر ژنتیکی جز ارزشمندترین سرمایه‌های هر کشوری محسوب می‌گردد به شکلی که حفظ منابع ژنتیکی از راهکارهای اقتصادی جهت تضمین امنیت غذایی نسل‌های آینده به شمار می‌آید. (Taberlet et al. 2011). انتخاب مصنوعی به دست بشر، برای افزایش پیشرفت ژنتیکی و بهبود تولید منجر به کاهش تنوع منابع ژنتیکی در گونه‌های اهلی دام و طیور شده است. زیرا در این فعالیت‌ها تعداد محدودی از افراد نژادهای دام و طیور بر اساس برخی از صفات خاص مورد انتخاب قرار می‌گیرند. در طرف مقابل انتخاب طبیعی طی سالیان متمادی از طریق عواملی همچون شرایط آب و هوایی، منابع غذایی و عوامل بیماری‌زای موجود

در هر محیط موجب ایجاد تفاوت‌های ژنتیکی و سازگاری در جمعیت‌های مختلف شده است و حفظ این تنوع می‌تواند در ایجاد پتانسیل‌های ژنتیکی جدید نیز موثر باشد (Askari et al. 2010; Kharrati-Koopae et al. 2018).

مدیریت موثر منابع ژنتیکی در دام و طیور اهلی نیازمند شناخت جامعی از خصوصیات نژادها و محیط پرورش آنها است. فقدان اطلاعات آماری به روز از جمعیت‌ها، بررسی روند تغییر اندازه و ساختار جمعیت‌ها را دچار مشکل می‌کند. (Albuquerque & Beier, 2015). در این شرایط استفاده از فناوری‌های نوین توالی‌یابی به عنوان روشی مناسب جهت جمع‌آوری اطلاعات از خصوصیات جمعیت‌ها مورد توجه قرار گرفته است. استفاده از این فناوری‌ها کمک شایانی به شناسایی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌ها و برنامه‌ریزی جهت حفاظت ژنتیکی و به‌نژادی از آنها خواهد کرد. چندریختی‌های تک نوکلئوتیدی^۱ (SNVs)، حذف و اضافه‌های کوتاه، تنوع در تعداد نسخه‌ها^۲ (CNVs) و تنوعات ساختاری بزرگ^۳ (SVs) اشکال مختلفی از تنوع ژنومی را تشکیل داده‌اند و محدوده تغییرات آنها از یک جفت باز منفرد تا جایگزینی‌های بزرگ در حد کروموزوم است (Alkan et al. 2011). ایران از جمله قدیمی‌ترین مراکز اهلی‌سازی و پرورش گونه‌های دام و طیور در دنیا محسوب می‌شود. حفاری‌های باستان‌شناسی حضور ماکیان را در ایران در زمان‌های باستان تأیید کرده است (Mohammadabadi et al. 2010). در حال حاضر، اکوتیپ‌های مختلفی از مرغ‌های بومی در مناطق مختلف جغرافیایی کشور وجود دارند که از نظر ویژگی‌های ظاهری و تولیدی تفاوت‌های آشکاری با یکدیگر دارند. با این حال، در سال‌های اخیر پرورش و نگهداری این اکوتیپ‌های بومی با چالش‌هایی همچون کاهش اندازه جمعیت‌ها، از بین رفتن زیستگاه‌های طبیعی و کاهش تمایل رو ستایان برای نگهداری از آنها مواجه بوده است. در شرایط کنونی ایجاد بانک اطلاعاتی از ژنوم گونه‌های بومی کشور جهت حفاظت از این ذخایر ژنتیکی امری ضروری باشد. ایجاد بانک اطلاعاتی ژنوم در این اکوتیپ‌ها می‌تواند کمک موثری در امر شناسایی و حفاظت از این ذخایر ژنتیکی باشد (Moazeni et al. 2016). مطالعات مولکولی متعددی بر روی جمعیت‌های مرغ بومی ایران به منظور بررسی روابط فیلوژنی، ارتباط ژن‌ها با صفات تولیدی و موارد دیگر انجام شده است. طی چند دهه گذشته، اغلب از نشانگرهای مولکولی نظیر PCR-RFLP، PCR-SSCP، ریزماهورها و RAPD جهت شناسایی چندشکلی ژن‌ها و بررسی ارتباط آنها با صفات کمی در جمعیت‌های دام و طیور اهلی استفاده شده است (Esfandiari et al. 2020; Jamalpour et al. 2018; Kharrati Koopae et al. 2012). تاکنون مطالعه جامعی در سطح ژنوم برای بررسی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های مرغ بومی ایران صورت نگرفته است. در لاین تجاری آراین با بررسی اطلاعات کل ژنوم مشخص شد که واریانت‌های ژنتیکی در این جمعیت مرتبط با مسیرهای پاسخ به تنش و وزن گیری می‌باشند (Kharrati-Koopae et al. 2018). در پژوهشی دیگر ژن‌های مرتبط با هیپوکسیا با استفاده از توالی‌یابی کل ژنوم جمعیت مرغ‌های بومی ساری و اصفهان با ارتفاع از سطح دریا ۵۴ و ۲۰۸۷ متر مورد بررسی قرار گرفت نتایج حاصل نشان

¹ Single nucleotide variants

² Copy number variants

³ Structural variants

داد که ژن‌های مربوط به پاسخ ایمنی، تکامل اندام‌ها و مسیرهای ترمیم DNA از اهمیت بیشتری برای سازگاری با هیپوکسیا برخوردار هستند (Kharrati-Koopae et al. 2019). در یکی از مهم‌ترین پژوهش‌های انجام شده در دنیا اطلاعات ژنومی مربوط به ۸۶۳ قطعه مرغ بومی و تجاری برای بررسی منشا اهلی شدن مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج بدست آمده نشان دادند که جنوب چین، شمال تایلد و میانمار بعنوان اصلی‌ترین مناطق اهلی شدن مرغ می‌باشند (Wang et al. 2020). علاوه بر این، فرآیندهایی مانند متیلاسیون DNA، تغییرات هیستونی، microRNAها و RNAهای بلند غیر کدکننده، با عوامل محیطی مانند تغذیه، عوامل بیماری‌زا، آب و هوا برهمکنش می‌کنند تا بر پروفایل بیان ژن‌ها و ظهور فنوتیپ‌های خاص تأثیر بگذارند (Masoudzadeh et al., 2020; Mohammadabadi, 2021). امکان تعاملات چند سطحی بین ژنوم و عوامل محیطی وجود دارد که می‌تواند سرآغاز تغییرات و یا بروز فنوتیپ‌های جدید باشد. علاوه بر این، فرآیندهای انتخاب طبیعی نیز ممکن است بر فراوانی آلل‌های نامطلوب تأثیر گذار باشند و روند بهبود ژنتیکی جمعیت‌ها را تحت تأثیر قرار دهند (Mohammadabadi and Asadollahpour Nanaei, 2021; Wang et al. 2021). از سوی دیگر، اطلاعات به دست آمده از تحلیل داده‌های زیستی به وسیله علم بیوانفورماتیک، در به خط کردن توالی‌ها در بانک‌های اطلاعاتی برای یافتن شباهت‌ها و تفاوت‌های ژنی، پیش‌گویی ساختار و عملکرد محصولات ژن‌ها و یافتن ارتباط فیلوژنتیک میان آنها و توالی‌های پروتئینی می‌تواند راهگشا باشد (Mohammadipour et al. 2021; Mohamadipoor Saadatabadi et al. 2021). هدف اصلی این پژوهش بررسی پتانسیل ژنتیکی مرغ‌های بومی ایران به منظور تعیین برنامه‌های اصلاح نژادی با تأکید بر حفظ ذخایر ژنتیکی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری و توالی‌یابی: در این پژوهش خونگیری از ۵۱ قطعه مرغ بومی، ۱۰ قطعه مرغ لگهورن و ۱۱ قطعه مرغ آراین انجام شد. مکان‌ها و جزییات نمونه برداری در جدول یک نشان داده شده است. استخراج DNA با استفاده از روش نمکی انجام شد (Miler 1988). کنترل کیفیت DNA با استفاده از نانودراپ (مدل NDNM96، ایران) و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد تایید شد. در نهایت توالی‌یابی نمونه‌ها با استفاده از پلت فرم Hiseq 2000 با طول قطعه ۱۲۵ جفت باز به شکل Pair-end توسط شرکت ایلومینا در کشور چین انجام گرفت (Wang et al. 2020).

کنترل کیفیت داده‌ها، دانلود ژنوم مرجع و هم‌ردیفی خوانش‌ها: کنترل کیفیت داده‌های توالی‌یابی شده توسط برنامه FastQC بررسی شد. در این مرحله پارامترهایی مانند، توزیع اندازه قطعات خوانده شده در هر خوانش، امتیاز هر باز و محتوای GC در هر باز پایه، محتوای GC در هر خوانش، محتوای N در خوانش‌ها مورد بررسی قرار گرفت. برای انجام هم‌ردیفی نمونه‌های توالی‌یابی شده با ژنوم مرجع از بانک اطلاعاتی Ensembl استفاده شد. (ftp://ftp.ensembl.org/pub/release-95/fasta/Gallus_gallus/dna/) شاخص بندی ژنوم مرجع با استفاده از الگوریتم bwts و هم‌ردیفی نمونه‌های توالی‌یابی

شده با ژنوم مرجع با استفاده از الگوریتم MEM در محیط برنامه BWA انجام شد. در نهایت فایل‌های نقشه گذاری شده با پسوند SAM با استفاده از نرم افزار Samtools با پسوند BAM مورد استفاده قرار گرفت (Li and Durbin 2009).

شنا سایی چندریختی‌های تک نوکلئوتیدی و تخمین فاصله ژنتیکی اکوتیپ‌ها: برای شنا سایی چندریختی‌های

تک نوکلئوتیدی ابتدا حذف PCR duplicates با کمک برنامه Picard (<https://github.com/broadinstitute/picard>) انجام شد. سپس همردیفی مجدد موضعی اطراف حذف و اضافه‌های کوچک ژنوم به منظور بهینه کردن همردیفی خوانش‌ها با ژنوم مرجع، با استفاده از ابزار RealignerTargetCreator در برنامه GATK (Genome analysis toolkit:3.8) انجام گرفت. در نهایت، چندریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی با استفاده از ابزار UnifiedGenotyper در برنامه GATK بدست آمدند. محاسبه فاصله ژنتیکی اکوتیپ‌ها با استفاده از آماره F_{st} و نرم افزار VCF tools انجام شد (Cockerham and Weir 1984).

ترسیم درخت فیلوژنی و آنالیز مولفه‌های اصلی: به منظور بررسی روابط فیلوژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه از روش اتصال مجاورین^۴ استفاده شد. در روش اتصال مجاورین، برای رسم درخت فیلوژنی از نرم افزار Mega (version 7) استفاده شد. به منظور رسم درخت فیلوژنی با استفاده از نرم افزار یاد شده، ۱۰۰۰۰ تکرار بوت استراپ جهت ارزیابی درخت تشکیل شده به کار گرفته شد. تحلیل مولفه‌های اصلی جهت شناسایی ارتباط بین جمعیت‌ها به کمک PLINK و برنامه GCTA انجام شد (Price et al. 2010).

بررسی سطوح همخونی بین نژادهای مختلف: در این مطالعه از مدل Admixture و فراوانی‌های آلی تصحیح شده

جهت آنالیز ساختار داده‌های ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت. مقادیر مختلف K (تعداد جمعیت‌های فرض شده^۵) به تعداد ۶ مرتبه ($K=2, K=3, K=4, \dots, K=7$) و همراه با ۱۰۰۰۰ تکرار بوت استراپ (در هر مرتبه) انجام گردید. میزان همخونی با استفاده از برآورد هموزیگوت ژنومی (ROH^6) برای برآورد هم‌خونی در سطح ژنوم محاسبه شد. به منظور مطالعه سطح همخونی در جمعیت‌های مورد بررسی از نرم افزار PLINK و دو دامنه بالاتر از ۱۰۰ کیلو باز و بالاتر از ۱۰۰۰ کیلو باز، برای هر اکوتیپ استفاده شد. نمودار تغییرات تعداد و متوسط طول ROH‌ها در بین نژادهای مختلف با استفاده از نرم افزار R (<https://www.r-project.org>) رسم شد.

نتایج و بحث

نتایج کنترل کیفیت داده‌های ژنومی و نقشه گذاری در برابر ژنوم مرجع: نتایج کنترل کیفیت داده‌ها با استفاده از

نرم افزار FastQC نشان داد که پارامترهای ارزیابی کیفیت داده‌ها دارای شرایط مطلوبی می‌باشند بنابراین ویرایش قابل توجهی بر

⁴ Neighborhood joining

⁵ Number of populations (K) that was assumed

⁶ Runs of homozygosity (ROH)

روی داده‌ها انجام نشد. نتایج نقشه گذاری نشان داد که درصد هم‌ردیفی با ژنوم مرجع برای تمامی نمونه‌های مورد بررسی بین ۸۳ تا ۹۵ بود که نشان دهنده دقت بالای مرحله نقشه گذاری می‌باشد.

جدول ۱. اطلاعات نمونه برداری از اکوتیپ‌های مرغ بومی

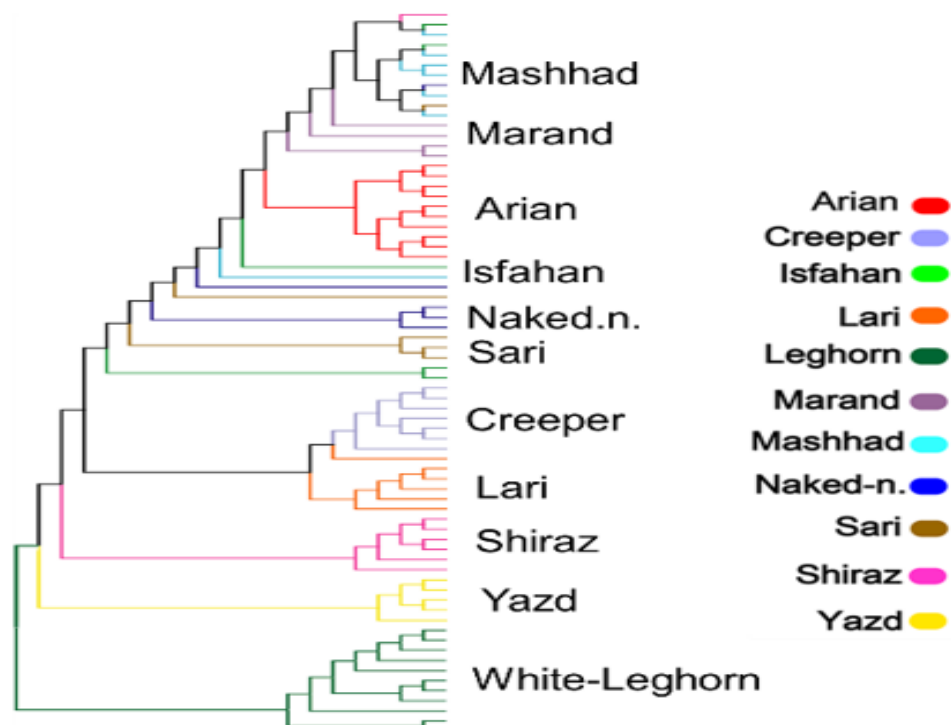
Table 1. Information of native chicken ecotypes sampling

Province	استان	Sample count	تعداد نمونه	Ecotype name	نام اکوتیپ
Sistan and Bluchestan	سیستان و بلوچستان	7		Creeper	خزک
Mazandaran	مازندران	5		Sari	ساری
Yazd	یزد	5		Yazd	یزد
East Azerbaijan	آذربایجان شرقی	4		Marand	مرند
Fars	فارس	6		Lari	لاری
Isfahan	اصفهان	5		Isfahan	اصفهان
Mazandaran	مازندران	5		Nacked neck	گردن لخت
Fars	فارس	7		Shiraz	شیراز
Khorasan Razavi	خراسان رضوی	7		Mashhad	مشهد

نتایج بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت: در این مطالعه تعداد ۱۴/۵۶ میلیون چندریختی تک نوکلئوتیدی از ژنوم مرغ

بومی و تجاری بدست آمد. جهت بررسی ساختار ژنتیکی مربوط به اکوتیپ مختلف رسم درخت فیلوژنی انجام شد. نتایج آنالیز درخت فیلوژنتیکی بر اساس روش اتصال مجاورین نشان داد که تقریباً تمام اکوتیپ‌های مورد مطالعه در گروه‌های جداگانه‌ایی قرار می‌گیرند (شکل ۱). علاوه بر این بر اساس نتایج بدست آمده می‌توان بیان داشت که اکوتیپ‌های مرغ بومی شباهت ژنتیکی بیشتری به لاین آرین دارند و نسبت به نژاد لگهورن دارای شباهت ژنتیکی کمتری می‌باشند. برای نمونه اکوتیپ‌های مرندی و اصفهان بیشترین شباهت ژنتیکی را به لاین آرین نشان دادند و در مقابل اکوتیپ یزد بیشترین شباهت ژنتیکی را به نژاد لگهورن نشان داد. نتایج حاصل از آنالیز مولفه‌های اصلی (PCA) نیز تایید کننده نتایج بدست آمده از درخت فیلوژنی بود (شکل ۲). یافته‌های PCA نشان داد که اکوتیپ‌های جمعیت مورد مطالعه می‌توانند در سه دسته جداگانه قرار بگیرند. اکوتیپ‌های مرغ بومی

شامل اصفهان، مشهد و مرند بیشترین شباهت را با لاین آرین نشان دادند و در طرف مقابل اکوتیپ‌های شیراز، یزد و خزک^۷ بیشترین نزدیکی ژنتیکی را با یکدیگر نشان دادند.



شکل ۱. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت اکوتیپ‌های مرغ بومی و تجاری با استفاده از روش اتصال مجاورین

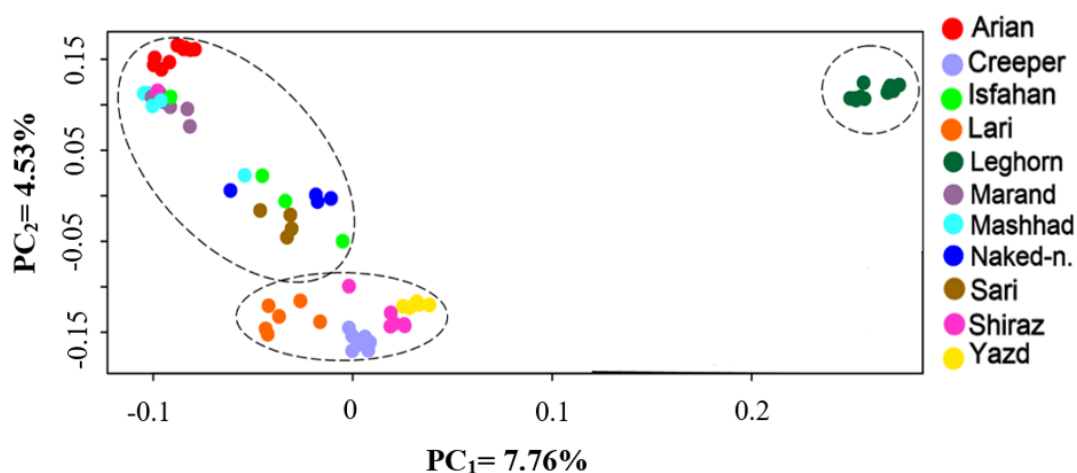
Figure 1. Investigation of genetic structure of native and commercial chicken ecotypes using neighbor-joining method

علاوه بر یافته‌های این بخش نشان داد که اکوتیپ لگهورن در دسته جداگانه ایی قرار می‌گیرد و از این رو مانند نتایج آنالیز درخت فیلوژنی می‌توان بیان داشت که اکوتیپ‌های مرغ بومی در مقایسه با لگهورن از نظر ژنتیکی به لاین آرین شبیه‌تر می‌باشند. یافته‌ها امکان وجود اجزای ژنتیکی مشترک بین لاین آرین و اکوتیپ‌های بومی را نشان می‌دهند. به نظر می‌رسد که پرورش دهندگان مرغ بومی به ویژه در شمال کشور به منظور بهبود منابع ژنتیکی مرغ بومی به‌نژادی مرغ بوسيله لاین آرین را مورد توجه قرار داده اند تا بر سرعت رشد و ویژگی‌های تولید گوشت اثرگذار باشند (Asadollahpour Nanaei et al. 2022).

بررسی سطوح همخوانی بین نژادهای مختلف: یافته‌های بدست آمده از Admixture analysis برای بررسی سطوح همخوانی بین اکوتیپ‌ها نشان داد که در سطح $K=2$ نژاد لگهورن از آرین و سایر اکوتیپ‌های مرغ بومی جدا می‌گردد (شکل ۳). در

⁷ Creeper

سطح $K = 3$ اکوتیپ‌های شمال و جنوب کشور از یکدیگر متمایز می‌گردند. در سطح $K = 4$ اکوتیپ‌های لاری و خزک از اکوتیپ‌های بومی باقی‌مانده در جنوب کشور تقسیم شدند. در $K=5$ و $K=6$ مشخص شد که اکوتیپ‌های بومی شمال ایران (عمدتاً ساری و گردن لخت) از ترکیب ژنتیکی حداقل سه جمعیت نشأت می‌گیرند.



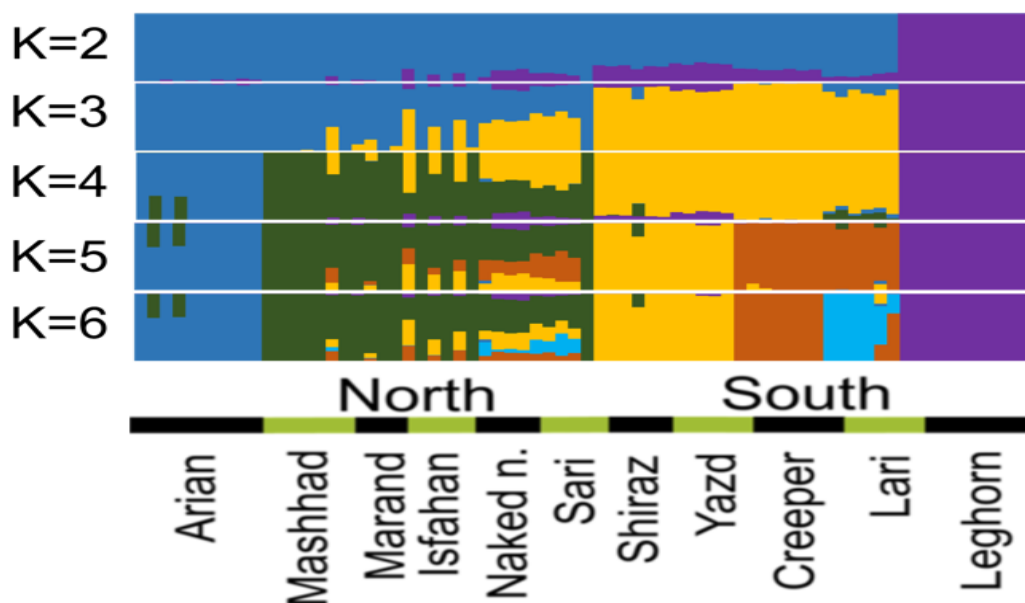
شکل ۲. آنالیز مولفه‌های اصلی اکوتیپ‌های مرغ بومی، لاین آرین و نژاد لگهورن

Figure 2. Principle component analysis of native chicken ecotypes, Arian line and Leghorn breed

نسبت اجدادی در $K = 6$ نشان داد که اکوتیپ‌های یزد و شیراز عمدتاً به یک دسته اختصاص دارند، در حالی که لاری و خزک از یکدیگر جدا شده‌اند. در نتیجه، می‌توان بیان کرد که اکوتیپ‌های بومی ایران دارای چندین منبع و اجداد ژنتیکی منفرد می‌باشند که نشان‌دهنده منشأ یا رویدادهای چندگانه برای اکوتیپ‌های بومی است. تاریخچه پرورش ماکیان در ایران نیز تأیید کننده یافته‌های این پژوهش می‌باشد. در قرن ۵ قبل از میلاد ایران از هند (دهلی) تا دریاهای سیاه و مدیترانه گسترده بود. ایران همیشه بعنوان شاهراه اصلی در محل تقاطع راه‌ها برای حمل و نقل محصولات، از قبیل ماکیان از شرق به غرب، هم از راه خشکی و هم از راه دریا قرار داشت. وقوع جنگ‌های متعدد در حوالی ایران و کشورهای همسایه در طی این دوره‌ها نیز توسعه و گسترش جمعیت‌های ماکیان را تسهیل کرد. حفاری‌های باستان‌شناسی حضور ماکیان را در ایران در زمان‌های باستان تأیید کرده است. (Mohammadabadi et al. 2010). بنابراین وجود چندین منبع و اجداد ژنتیکی برای اکوتیپ‌های مرغ بومی دور از ذهن نمی‌باشد.

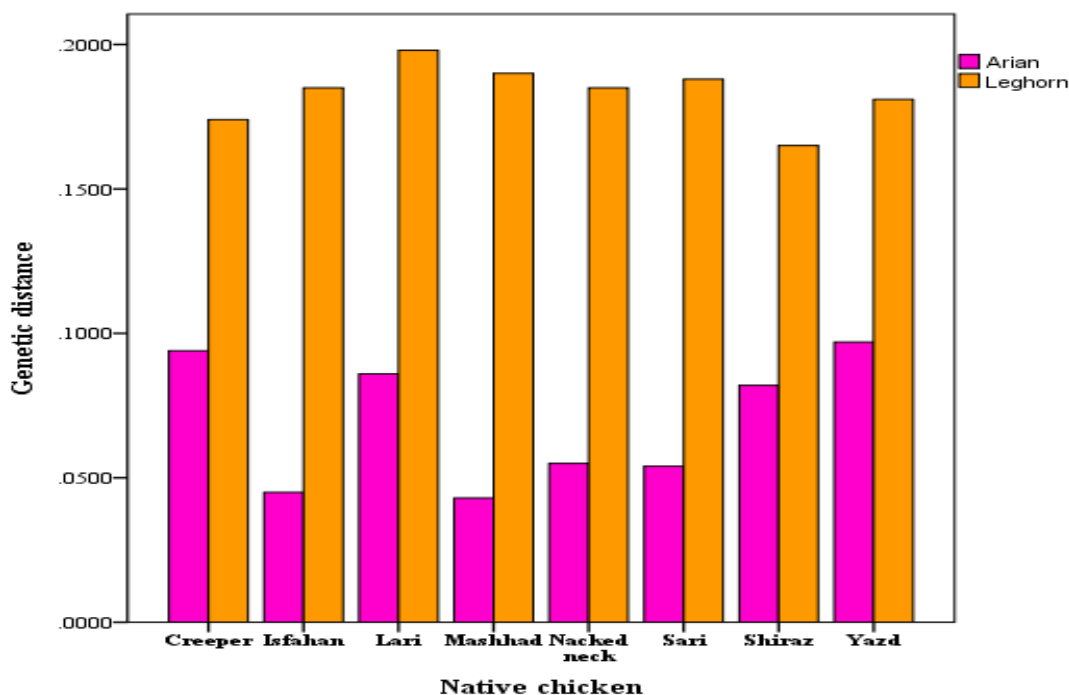
شناسایی فاصله ژنتیکی با استفاده از آماره F_{st} : برآورد فاصله ژنتیکی بر اساس F_{st} بین گروه‌های مورد مطالعه از حداقل مقدار ۰/۰۰۲ (مشاهده شده بین اکوتیپ‌های اصفهان و مرند) تا حداکثر مقدار ۰/۲۱۹ (مشاهده شده بین گروه‌های لگهورن سفید و مرند) متغیر بود (شکل ۴). علاوه بر این با بررسی شکل ۴ و مقایسه اکوتیپ‌های بومی با مرغ لگهورن و آرین نشان می‌دهد

که اکوتیپ‌های مرغ بومی دارای فاصله ژنتیکی بیشتری با نژاد لگهورن می‌باشند و در مقابل با لاین آرین قرابت ژنتیکی بیشتری را نشان می‌دهند. یافته‌های این بخش نیز تایید کننده سایر نتایج این مقاله می‌باشد.



شکل ۳. بررسی روابط و سطوح همخوانی بین اکوتیپ‌های بومی، لاین آرین و نژاد لگهورن

Figure 3. Admixture analysis among native ecotypes, Arian line and Leghorn breed



شکل ۴. برآورد فاصله ژنتیکی اکوتیپ‌های مرغ بومی با لاین آرین و نژاد لگهورن بر اساس F_{st}

Figure 4. Estimation of genetic distance estimation of native chickens with Arian line and Leghorn breed based on F_{st}

نتیجه‌گیری: با توجه به نتایج بدست آمده در ارتباط با آنالیز فیلوژنی، بررسی سطح هم‌خونی و آماره F_{st} روی جمعیت مورد مطالعه می‌توان بیان کرد اکوتیپ‌های مرغ بومی شباهت ژنتیکی بیشتری را به لاین آرین نشان می‌دهند. اکوتیپ‌های مرغ بومی شامل اصفهان، مشهد و مرند بیشترین شباهت را با لاین آرین نشان دادند. به همین ترتیب بر اساس برآورد F_{st} اکوتیپ‌های مرغ بومی دارای فاصله ژنتیکی بیشتری با نژاد لگهورن می‌باشند و در مقابل با لاین آرین قرابت ژنتیکی بیشتری را نشان دادند. نتایج بررسی سطوح هم‌خونی نیز بیان‌کننده این مطلب بود که اکوتیپ‌های مرغ بومی از چندین منبع و اجداد ژنتیکی جدا گردیده‌اند. شنا سایی پتانسیل ژنتیکی می‌تواند بعنوان یک عامل موثر در طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی برای مرغ بومی به شمار آید. بدین ترتیب برنامه‌های اصلاح نژادی برای مرغ بومی می‌تواند برای افزایش تولید گوشت هدف گذاری گردد و انتظار پیشرفت ژنتیکی بیشتری را برای اکوتیپ‌های مرغ بومی در زمینه تولید گوشت انتظار داشت. با هدفمند شدن برنامه‌های به‌نژادی می‌توان از ذخایر ژنتیکی در جهت افزایش بهره‌وری همراه با حفظ تنوع ژنتیکی اکوتیپ‌ها سود جست.

سپاسگزاری: این پژوهش بوسیله صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور (INSF) و دانشگاه شهید باهنر کرمان با شماره گرت ۹۹۰۱۳۶۲۷ مورد حمایت مالی قرار گرفته است و بدینوسیله از حمایت کنندگان سپاسگزاری می‌گردد.

منابع

عسکری ناهید؛ باقی زاده امین؛ محمدآبادی محمد رضا (۱۳۸۹) بررسی تنوع ژنتیکی در چهار جمعیت بز کرکی رائینی با استفاده از لوکوس‌های بین ریزماهواره ISSR. فصلنامه ژنتیک نوین ۵، ۴۹-۵۸.

جمالپور مهرنسا؛ دادپسند محمد؛ آتشی‌هادی؛ نیازی علی؛ خراتی کوپایی حامد؛ هاشمی سیدمحمد رضا (۱۳۹۷) واکاوی بیوانفورماتیکی و فیلوژنی ناحیه UTR⁵ ژن نوروپپتید وای (Neuropeptide Y) و ارتباط آن با صفات تولیدی در مرغ بومی فارس. مجله علوم دامی ایران ۴۹(۳)، ۴۵۸-۴۵۳.

خراتی کوپایی حامد؛ ابراهیمی اسماعیل؛ دادپسند محمد؛ نیازی علی؛ اسمعیلی زاده علی (۱۳۹۷) شناسایی واریانتهای ژنتیکی در لاین آرین و بررسی عملکرد آنها با استفاده از توالی یابی کل ژنوم. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۳(۱۰)، ۴۶-۶۰.

خراتی کوپایی حامد؛ محمدآبادی محمد رضا؛ ترنگ علی رضا؛ خراتی کوپایی محمود؛ اسمعیلی زاده کشکویی (۱۳۹۱) بررسی ارتباط چند شکلی آلی ژن DGAT1 با بیماری ورم پستان در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران. فصلنامه ژنتیک نوین ۷(۱)، ۱۰۴-۱۰۱.

محمدآبادی محمد رضا (۱۳۹۹) پروفایل بیان mRNA مختص بافت ژن ESR2 در بز. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۲(۴)، ۱۸۴-۱۶۹.

محمدآبادی محمد رضا؛ اسدالله پور نعنایی حجت (۱۴۰۰) بیان ژن لپتین در بز کرکی رائینی با استفاده از Real Time PCR. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۳(۱)، ۲۱۴-۱۹۷.

محمدی پور سعادت آبادی لیلا؛ محمدآبادی محمدرضا؛ اسدالله پور نعمانی حجت؛ امیری قنات سامان زینب (۱۴۰۰) معرفی ژن های کانیدیا مرتبط با صفات تولید شیر و پشم در گوسفند. مجله ژنتیک نوین ۱۶(۳)، ۲۸۱-۲۹۷.

References

- Asadollahpour Nanaei H, Kharrati-Koopae H, Esmailzadeh A (2022) Genetic diversity and signatures of selection for heat tolerance and immune response in Iranian native chickens. *BMC Genomics* 23, e224.
- Askari N, Baghizadeh A, Mohammadabadi MR (2010) Study of genetic diversity in four populations of Raeini cashmere goat using ISSR markers. *Modern Genet* 5, 49-56 (In Persian).
- Albuquerque F, Beier P (2015) Global patterns and environmental correlates of high-priority conservation areas for vertebrates. *J Biogeogr* 42(8), 1397-1405.
- Alkan C, Coe BP, Eichler EE (2011) Genome structural variation discovery and genotyping. *Nat Rev Genet* 12(5), 363-76.
- Esfandiari P, Dadpasand M, Kharrati-Koopae H et al. (2020) Bioinformatics, phylogenetic and variant association analysis of Ovocalyxin-32 gene reveals its contribution to egg production traits in native chickens. *Anim Genet* 17-18, e200108.
- Jamalpour M, Dadpasand M, Atashi H et al. (2018) Bioinformatics and phylogenetic analysis for 5' UTR region of neuropeptide Y gene and its association with body weight and egg production traits in Fars native chickens. *Iran J Anim Sci* 49(3), 453-458 (In Persian).
- Kharrati-Koopae H, Ebrahimie E, Dadpasand M et al. (2019) Genomic analysis reveals variant association with high altitude adaptation in native chickens. *Sci Rep* 9(1),1-22.
- Kharrati-Koopae H, Ebrahimi E, Dadpasand M et al. (2018) Identification of genetic variants in Arian line and investigation of their performance using whole genome sequencing. *Agri Bio J* 10(3), 46-60 (In Persian).
- Kharrati-Koopae H, Mohammadabadi MR, Tarang A et al. (2012) Study of the association between the allelic variations in DGAT1 gene with mastitis in Iranian Holstein cattle. *Modern Genet* 7(1), 101-104 (In Persian).
- Li H, Durbin R (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics* 25,754-60.
- Masoudzadeh SH, Mohammadabadi M, Khezri A, et al. (2020) Effects of diets with different levels of fennel (*Foeniculum vulgare*) seed powder on DLK1 gene expression in brain, adipose tissue, femur muscle and rumen of Kermani lambs. *Small Rumin Res* 193, e106276.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF (1988) A simple salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucl Acids Res* 16, 1215.

- Moazeni SM, Mohammadabadi MR, Sadeghi M, Moradi Shahrababak H, Esmailizadeh AK, Bordbar F (2016) Association between UCP Gene Polymorphisms and Growth, Breeding Value of Growth and Reproductive Traits in Mazandaran Indigenous Chicken. *J Anim Sci* 6, 1-8.
- Mohamadipour Saadatabadi L, Mohammadabadi M, Amiri Z, Babenko O, Stavetska R, Kalashnik O, Kucher D, Kochuk-Yashchenko O, Asadollahpour Nanaei H (2021) Signature selection analysis reveals candidate genes associated with production traits in Iranian sheep breeds. *BMC Vet Res* 17 (1), 1-9
- Mohammadabadi MR (2021) Tissue-specific mRNA expression profile of ESR2 gene in goat. *Agric Biotechnol J* 12, 169-184 (In Persian).
- Mohammadabadi MR, Asadollahpour Nanaei H (2021) Leptin gene expression in Raini Cashmere goat using Real-Time PCR. *Agric Biotechnol J* 13, 197-214 (In Persian).
- Mohammadabadi MR, Nikbakhti M, Mirzaee HR et al. (2010) Genetic variability in three native Iranian chicken populations of the Khorasan province based on microsatellite markers. *Russ J Genet* 46, 505-509.
- Mohammadipour SAL, Mohammadabadi M, Asadollahpour Nanaei H, Amiri Z (2020) Introducing candidate Genes Associated with the Milk and Wool Production Traits in Sheep. *Modern Genet* 16 (2), 281-297 (In Persian).
- Price MN, Dehal PS, Arkin AP (2010) FastTree 2—approximately maximum-likelihood trees for large alignments. *PLoS ONE* 53: e9490.
- Taberlet P, Coissac E, Pansu J, Pompanon F (2011) Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *CR Biol* 334, 247-254.
- Wang MS, Thakur M, Peng MS et al. (2020) 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. *Cell Res* 30(8), 693-701.
- Wang, MS., Zhang, JJ., Guo, X. et al. (2021) Large-scale genomic analysis reveals the genetic cost of chicken domestication. *BMC Biol* 19, 118.
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimating F-statistic for the analysis of population stricter 38, 1358-1370.