

- عنوان پروژه: مقایسه بیان اختصاصی آللی در سطح ژن و SNP، بین جمعیت های خالص گاو سیستانی و آمیخته های آن با نژادهای خارجی با استفاده از داده های RNA- Seq
- شماره مصوب پروژه: ۹۶۰۱۹۴-۱۳-۰۱۳-۱۳-۲
- نام و نام خانوادگی مجری مسئول (اختصاص به پروژه ها و طرح های ملی و مشترک دارد):
- نام و نام خانوادگی مجری/مجریان: سعید اسماعیل خانیان
- نام و نام خانوادگی مشاور(ان):
- نام و نام خانوادگی همکاران: حمید رضا سیدآبادی، سیما ساورسغلی، نعمت الله اسدی، علی جوانروح علی آباد، محمدحسین بنابازی، نادر اسدزاده

محل اجرا: دانشکده علوم کشاورزی زابل و موسسه تحقیقات علوم دامی

- تاریخ شروع: ۱۳۹۶/۲/۱
- مدت اجرا: ۱۳۹۹/۲/۱
- ناشر:
- این اثر در مورخ ۱۴۰۱/۲/۲۵ با شماره ۶۱۵۵۱ در مرکز اطلاعات و مدارک علمی کشاورزی به ثبت رسیده است.
- حق چاپ محفوظ است. نقل مطالب، تصاویر، جداول، منحنی ها و نمودارها با ذکر مأخذ بلامانع است.

چکیده:

مطالعه ترانسکریپتومی آمیخته های گاو سیستمی هلشتاین، سیستمی مونت بیلارد و سیستمی سیمنتال و مقایسه آن با پایه های خالص والدینی یکی از روش های ارزیابی و انتخاب بهترین ترکیب با توان تولید مناسب و درعین حال حفظ ویژگی های مطلوب نژادهای بومی می باشد. هدف از مطالعه حاضر بررسی پروفایل بیان ژن و شناسایی ژن های با بیان متفاوت معنی دار در بین جمعیت های خالص و آمیخته سیستمی با استفاده از داده های RNA-Seq بود. به همین منظور، خونگیری از سیاهرگ دمی نژادهای خالص و آمیخته سیستمی در شرایط یکسان محیطی، تغذیه ای و مدیریتی واقع در ایستگاه تحقیقات گاو سیستمی زهک انجام شد. پس از استخراج RNA و اطمینان از کمیت و کیفیت مطلوب RNA ها، نمونه ها جهت تشکیل کتابخانه cDNA و تعیین توالی به شرکت BGI چین ارسال شدند. پس از اخذ داده ها، تمامی مراحل آماده سازی و کنترل کیفیت انجام شد. بدین منظور در مرحله اول تجزیه و تحلیل داده ها، کیفیت خوانش ها با استفاده از نرم افزار Fastqc و Trimmomatic مورد بررسی قرار گرفت جهت بررسی پروفایل بیان ژن و شناسایی ژن های با بیان متفاوت معنی دار از نرم افزار Tophat2 استفاده شد. درصد مکان یابی کل برای خوانش های پیش رو و پس رو در نژاد خالص سیستمی و آمیخته آن با مونت بیلارد به ترتیب ۷۲/۹ و ۷۸/۱ درصد بودند. در نژاد خالص سیستمی و آمیخته آن با سیمنتال به ترتیب ۸۵/۶۵ و ۹۰/۸۶ درصد بودند. در مرحله ی بعد جهت هم ردیفی ترانسکریپت ها از Bowtie2، تلفیق ترانسکریپت ها از cuffmerge و در نهایت آنالیز بیان افتراقی از cuffdiff استفاده شد. در نهایت ۴۵ ژن در نژاد خالص و آمیخته مونت بیلارد و ۱۳۴ ژن در بین جمعیت های خالص و آمیخته سیمنتال داشتند که بیان متفاوت معنی داری را در این پژوهش نشان دادند. عواملی از جمله چند شکلی های تک نوکلئوتیدی، محیط و تغییرات اپی ژنومی را می توان دلیلی برای ایجاد تفاوت بیان این ژن ها در بین نژاد خالص و آمیخته مونت بیلارد و نژاد خالص و سیمنتال دانست. آنالیز آنتالوژی برای این ژن ها نشان داد که ژن ها در ۱۵ مسیر متفاوت برای خالص سیستمی و ۶ مسیر برای آمیخته مونت بیلارد و برای سیمنتال ۱۳ مسیر، فعالیت بیولوژیکی مختلف را بر عهده دارند. در کلیه مسیرها فقط مسیر پاسخ سایتوکاین ها و شیموکاین ها در خالص سیستمی و آمیخته ها تفاوت معنی داری را داشتند که نشان می دهد، تفاوت نژاد خالص و آمیخته سیستمی - مونت بیلارد و نژاد خالص و آمیخته - سیمنتال مربوط به سیستم ایمنی است. با بررسی ژن های مرتبط و معنی دار برای این مسیر و بر اساس گزارش های موجود برای عملکرد این ژن ها، مشخص شد که این ژن ها مرتبط با عملکرد سیستم ایمنی هستند که در برابر بیماری ها از جمله ورم پستان، هموستازی و پایداری در برابر شرایط نامطلوب محیطی، باروری و رشد جنین و زایمان نقش اساسی دارند. این مسیرها ممکن است که در سطوح مختلف در تحمل شرایط نامطلوب محیطی و گرمایی و مقاومت در برابر بیماری در آمیخته سیستمی نقش داشته باشند.

کلید واژه ها: گاو سیستمی، آمیخته گری، توالی یابی RNA، ژن های با بیان متفاوت