

- 
- عنوان پروژه: تجزیه و تحلیل مجموعه‌های ژنی جهت شناسایی ژن‌ها و مسیرهای زیستی مرتبط با صفات رشد بدن در شترهای تک کوهانه یزد
  - شماره مصوب پروژه: ۲-۶۴-۱۳-۰۰۲-۰۰۰۱۱۷
  - نام و نام خانوادگی مجری مسئول (اختصاص به پروژه‌ها و طرح‌های ملی و مشترک دارد):
  - نام و نام خانوادگی مجری/مجریان: مرتضی بیطرف ثانی
  - نام و نام خانوادگی ناظران:
  - نام و نام خانوادگی همکار(ان):
  - نام و نام خانوادگی همکاران: زهرا رودباری، کریم نوبری، جواد زارع هرفته، علی شفیق نادری، سعید اسماعیل خانیان، محمد حسین بناءبازی، نادر اسدزاده
  - محل اجرا: یزد
  - تاریخ شروع: ۱۴۰۰/۲/۱
  - مدت اجرا: ۱ سال و شش ماه
  - ناشر:
  - شمارگان (تیراژ):
  - تاریخ انتشار:
  - این اثر در مورخ ۱۴۰۱/۱/۱۶ با شماره ۶۱۳۶۶ در مرکز اطلاعات و مدارک علمی کشاورزی به ثبت رسیده است.
  - حق چاپ محفوظ است. نقل مطالب، تصاویر، جداول، منحنی‌ها و نمودارها با ذکر مأخذ بلامانع است.

## چکیده :

رشد یک صفت مهم اقتصادی وراثتی برای شترهاست و برای طرح ریزی یک برنامه اصلاحی موفق ضروری است. تا به حال، مطالعات ارتباطی کل ژنومی (GWAS) و نقشه برداری QTL، پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی (SNPs) قابل توجهی را در ارتباط با رشد در حیوانات اهلی شناسایی کرده اند، اما در شترهای تک کوهانه، تعداد مطالعات بسیار کم است. این پروژه با هدف یافتن مضامین بیولوژیکی موثر بر رشد در شترهای تک کوهانه انجام شد. در مرحله اول، ۹۹ SNP کاندید از میان مجموعه ای از SNP های ایجاد شده قبلی مرتبط با وزن بدن، افزایش وزن و وزن هنگام تولد در شترهای تک کوهانه ایران انتخاب شدند. سپس، ۰/۵ کیلوبایت بالادست و پایین دست هر SNP کاندید از NCBI انتخاب شد (شماره دسترسی: GCA\_000803125.3). حاشیه نویسی قطعات با SNP های کاندید با توجه به ژنوم مرجع با استفاده از ابزار Blast2GO بازیابی شد. موقعیت SNP های نامزد مرتبط با رشد روی ۲۲ ژن تعیین شد و ۲۵ مسیر زیستی مهم شناسایی شد که با رشد در شترهای تک کوهانه مرتبط بودند. عملکردهای زیستی اصلی شامل اتصال یون کلسیم، اتصال پروتئین، فعالیت فاکتور رونویسی اتصال به DNA، فعالیت پروتئین کیناز، اتصال به تروپومیوزین، کمپلکس میوزین، اتصال به اکتین، اتصال ATP، مسیر سیگنال دهی گیرنده از طریق JAK-STAT و فعالیت سیتوکین بود. ژن های *PREX1*, *IFNL3*, *TBX15*, *MYO3A*, *MTIF2*, *EFCAB5* و *TMOD3* کاندیدای بهبود رشد در برنامه های پرورش شتر هستند. در مرحله دوم، پویش کل ژنومی زیست سنجی های بدنی با استفاده از ۱۴۵۲۲ اسنپ انجام شد که ۵۹ مارکر، در سطح پیشنهادی بنفرونی ( $p < 1 \times 10^{-4}$ ) معنی دار بودند به این ترتیب که بیشترین سهم، مرتبط با صفت ارتفاع شکم تا کوهان و طول لگن تا جدو گاه بود. ژنهای *ZNF326*, *GBP5*, *WARS2*, *Kcnk18*, *TRAPPC13*, *MAGEA2*, *PTPN1*, *PRSS47*, *Emx2*, *DEXI*, *CIITA*, *TSPYL4*, *Tbx15*, *Pofut2*, *PTGIS*, *ANKRD20A12P*, *ACTR3B*, *CLEC16*, *SOCS1*, *ADGRG6*, *NMBR*, *VAX1*, *F5*, *TNS3*, *TRMT9B*, *Snai1*, *SUPT20H*, *ANKRD26*, *DDX27*, *ARFGEF1*, *CSE1L*, *TRAPPC9*, *SBSPON*, *ZNF1*, *KCNBI*، مهم که ارتباط زیادی در این شبکه ژنی داشت، ژن *ACTB* (اکتین بتا) بود. نتایج این تحقیق امیدوارانه راه را برای شناسایی جامعتر از نحوه اثرگذاری مجموعه ایی از ژنها روی صفات مهم اقتصادی از جمله رشد بدن کمک خواهد کرد که در انتخاب ژنتیکی بر اساس نشانگرها حایز اهمیت می باشد.

**کلید واژه ها:** رشد، فعالیت زیستی، هستی شناسی ژن، شتر تک کوهانه