

وزارت جهاد کشاورزی
سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
موسسه تحقیقات علوم دامی کشور

- عنوان پروژه:
- ارزیابی درونی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور براساس عامل پژوهش و آموزش
- شماره مصوب پروژه: ۱۸۹-۹۶۰۱۳-۰۰۸-۱۳-۱۲
- نام و نام خانوادگی مجری مسئول (اختصاص به پروژه‌ها و طرح‌های ملی و مشترک دارد):
- نام و نام خانوادگی مجری/مجریان: حمیدرضا سیدآبادی
- نام و نام خانوادگی ناظران:
- نام و نام خانوادگی مشاور(ان):
- نام و نام خانوادگی همکاران: محمد حسین بنابازی، سیما ساور سفلی، سعید اسماعیل خانیان، علی جوانروح-
ابوالحسن صادقی پناه
- محل اجرا: موسسه تحقیقات علوم دامی کشور
- تاریخ شروع: ۱۳۹۶
- مدت اجرا: ۳ سال
- ناشر:
- شمارگان (تیراژ):
- تاریخ انتشار:
- این اثر در مورخ ۹۹/۶/۵ با شماره ۵۸۱۰۹ 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:

مطالعه ترانسکریپتومی آمیخته و مقایسه آن با پایه‌های خالص والدینی یکی از روش‌های ارزیابی و انتخاب بهترین ترکیب با توان تولید مناسب و درعین حال حفظ ویژگی‌های مطلوب نژادهای بومی شامل مقاومت به بیماری‌ها، تحمل تنش‌های محیطی و سازگاری با اقلیم منطقه می‌باشد. هدف از مطالعه حاضر بررسی پروفایل بیان ژن و شناسایی ژن‌های با بیان متفاوت معنی‌دار در بین جمعیت‌های خالص و آمیخته سیستانی و سیمنتال با استفاده از داده‌های RNA-Seq بود. به همین منظور، خونگیری از سیاهرگ دمی نژادهای خالص و آمیخته سیستانی و سیمنتال در شرایط یکسان محیطی، تغذیه‌ای و مدیریتی واقع در مرکز اصلاح نژاد گاو سیستانی شهر زابل انجام شد. پس از استخراج RNA و اطمینان از کمیت و کیفیت مطلوب RNAها، نمونه‌ها جهت تشکیل کتابخانه cDNA و تعیین توالی به شرکت BGI چین ارسال شدند. پس از اخذ داده‌ها، تمامی مراحل آماده‌سازی و کنترل کیفیت و آنالیز بیوانفورماتیکی در محیط لینوکس انجام شد. در مرحله اول تجزیه و تحلیل داده‌ها، کیفیت خوانش‌ها با استفاده از نرم‌افزار Fastqc مورد بررسی قرار گرفت و بر اساس نتایج کنترل کیفیت خوانش‌ها، ویرایش خوانش‌های بی کیفیت با استفاده از نرم‌افزار Trimmomatic انجام شد. پس از آن آنالیز بیوانفورماتیکی جهت بررسی پروفایل بیان ژن و شناسایی ژن‌های با بیان متفاوت معنی‌دار انجام شد. درصد مکان‌یابی کل برای خوانش‌های پیش‌رو و پس‌رو در نژاد خالص سیستانی و آمیخته آن با سیمنتال به ترتیب ۸۵/۶۵ و ۹۰/۸۶ درصد بودند. در مرحله بعد جهت هم‌ردیفی ترانسکریپت‌ها از Bowtie2، تلفیق ترانسکریپت‌ها از cuffmerge و در نهایت آنالیز بیان افتراقی از cuffdiff استفاده شد. در نهایت ۱۳۴ ژن در این تحقیق شناسایی شدند که بیان متفاوت معنی‌داری را در بین جمعیت‌های خالص و آمیخته سیستانی و سیمنتال داشتند. عواملی از جمله جهش‌های تک نوکلئوتیدی، محیط و تغییرات اپی‌ژنومی را می‌توان دلیلی برای ایجاد تفاوت بیان این ژن‌ها در بین نژاد خالص و آمیخته سیستانی و سیمنتال دانست. آنالیز آنتالوژی برای این ژن‌ها نشان داد که این ژن‌ها درگیر در ۶ مسیر و ۱۳ فعالیت بیولوژیکی مختلف معنی‌دار متفاوت هستند. با بررسی ژن‌های مرتبط و معنی‌دار برای این مسیر و بر اساس گزارش‌های موجود برای عملکرد این ژن‌ها، مشخص شد که این ژن‌ها مرتبط با عملکرد سیستم ایمنی هستند که در برابر بیماری‌ها 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 سیستانی و سیمنتال نقش داشته باشند. از این رو می‌توان اظهار داشت که آمیخته سیستانی و سیمنتال می‌تواند به عنوان آمیخته‌ای مناسب برای نژاد سیستانی در شرایط منطقه سیستان و بلوچستان ایران باشد.

کلید واژه ها: گاو سیستانی، سیمنتال، آمیخته‌گری، توالی‌یابی RNA، بیان ژن