

عنوان مقاله:

بررسی ژنومی ساختار جمعیتی و ارتباط فیلوژنتیکی گاو میش نژاد خوزستانی

محل انتشار:

فصلنامه پژوهش های علوم دامی، دوره 28، شماره 1 (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

محمدرضا زرگر - دانشکده علوم دامی و صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان

جمال فیاضی - دانشکده علوم دامی و صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان

محمدتقی بیگی نصیری - گروه علوم دامی، دانشکده علوم دامی و صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان

حسین مرادی شهربابک - گروه علوم دامی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

خلاصه مقاله:

زمینه مطالعاتی: باتوجه به اهمیت گاو میش در جهت سازگاری با محیط های خشک، مقاومت در برابر بیماری ها، پایین بودن هزینه های نگهداری و استفاده موثر از مواد خشی کم ارزش در جهت تولید مواد پروتئینی با ارزش، ارتقا ژنتیکی آن حائز اهمیت فراوانی است. هدف: این تحقیق به منظور یافتن فواصل ژنتیکی گاو میش های مناطق مختلف خوزستان و ارتباط ژنتیکی آنها به کمک آرایه چندشکلی تک نوکلئوتیدی اجرا شد. روش کار: در این مطالعه از تعداد ۱۲۱ راس گاو میش از گله هایی که تحت پوشش سیستم ثبت مشخصات و رکوردگیری شیر در شهرستان های اهواز، دزفول، شادگان، شوش، شوشتر، دشت آزادگان، کرمانشاهی با منشاء خوزستانی و سایر مناطق بودند، نمونه گیری شد. نمونه ها با استفاده از تراشه ژنومی اختصاصی گاو میش با تعداد ۹۰ هزار نشانگر SNP تعیین ژنوتیپ شدند. سپس جایگاه های با حداقل فراوانی آلی کمتر از ۱۰٪، تعادل هاردی واینبرگ کمتر از ۰۰۰۶ و نرخ خوانش کمتر از ۵۰٪ کنار گذاشته شدند. داده ها بکمک روش های آماری چند متغییره همچون آنالیز مولفه های اصلی مورد کنکاش قرار گرفتند. نتایج: نتایج آنالیز روابط فیلوژنتیکی نشان داد گاو میش های اهواز بدلیل مرکزیت، متأثر از گاو میش های سایر نقاط استان می باشند، ولی گاو میش های شوشتر و دزفول و دشت آزادگان، نسبت به اهواز اختلاط کمتری دارند. با استفاده از آنالیز مولفه های اصلی نتایج فوق تایید شد. جهت بررسی الگو و ساختار ژنتیکی برای جمعیت های گاو میش استان خوزستان ارزش های FST برای هر SNP به روش ناریب تتا محاسبه گردید. بیشترین میانگین ارزش FST بین جمعیت مربوط به گاو میش های شهرستان های دشت آزادگان و شادگان به ترتیب ۰۱۵۹٪ و ۰۱۴۷٪ و کمترین مربوط به شهرستان های اهواز و شوش به ترتیب ۰۰۸۷٪ و ۰۰۸۶٪ بود. آزمون های آماری ژنتیکی جمعیتی و تنوع نژادی نشان داد که در درون جمعیت گاو میش های خوزستانی تنوع ژنتیکی بالایی وجود دارد. نتیجه گیری نهایی: نتایج گرافیکی آزمون های خوشه بندی و انتساب حاکی از وجود حداقل ۳ زیر جمعیت نسبتا مجزا در گاو میش های خوزستان می باشد. نتایج این تحقیق در مورد تنوع ژنتیکی مشاهده شده در سطح نوکلئوتیدها و فاصله ژنتیکی بین گروه های جمعیتی گاو میش استان، در مطالعات بعدی همچون تشکیل جمعیت پایه گاو میش خوزستان و انتخاب ژنومیکی شایسته توجه هستند.

کلمات کلیدی:

آنالیز مولفه های اصلی، پویش کل ژنومی، تنوع تک نوکلئوتیدی، گاو میش خوزستانی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1212731>



