

Research Paper

Analysis of Epistatic Effects on the Genetics of Fat-tail Formation in Sheep

Mona Chaabi¹, Jamal Fayazi², Hedayatolah Roshanfekr³, Mahmod Nazari⁴ and Mohammad Hosein Moradi⁵

1- M.Sc., Agricultural Sciences and Natural Resources University of Khuzestan, Ahvaz, Iran

2- Professor, Agricultural Sciences and Natural Resources University of Khuzestan, Ahvaz, Iran,
(Corresponding author: j_fayazi@asnrukh.ac.ir)

3- Professor, Agricultural Sciences and Natural Resources University of Khuzestan, Ahvaz, Iran

4- Associate Professor, Agricultural Sciences and Natural Resources University of Khuzestan, Ahvaz, Iran

5- Associate Professor, Department of Animal Science, University of Tehran, Karaj, Iran

Received: 5 July, 2025

Revised: 10 September, 2025

Accepted: 12 October, 2025

Extended Abstract

Background: Fat Tail comprises 20% of the carcass weight, which greatly reduces the economic value of the carcass, so sheep breeders should investigate the mechanisms that genetically control fat development, in order to design sheep breeding programs to reduce tail size. Fat storage in the tail is one of the issues raised in our country and many developing countries. In recent years, various researches have been conducted in the field of crossbreeding between tailless and tailless breeds to investigate how these traits are inherited in different places. However, the investigation of these researches has generally been associated with conflicting results, so the genomic region or regions affecting this trait is still unknown. Therefore, identifying genes or genomic regions related to fat storage is one of the most important and challenging research areas in many countries that breed these breeds. Methods such as genome study and gene expression analysis have been used to describe the potential genetic background of fat deposition in sheep. Epistatic studies are interesting for researchers because they play a key role in understanding the functional relationship of genes. Over the past few decades, GWAS have provided a central role in the field of epistasis. In GWAS analysis, SNPs are first tested by a standard statistical method, and by that they determine the relationship between the SNP and the phenotype. It is this type of analysis that is widely used, but it is not as responsive as expected and in fact it identifies a small part of the genetic variance and does not indicate the remaining part or in other words the lost heritability. It is generally accepted that lost heritability is partly due to a variety of genetic effects and their interaction with one or more other factors. According to the conducted researches, many researches have been done on GWAS, but GWAS studies on the tail are limited, and considering the importance of epistasis effects, there is no place to investigate them through chip snaps, and many questions remain in this matter. Therefore, this research is designed to investigate and answer these questions.

Methods: About 3000 data including different types of sheep were prepared from the Sheep Hap Map database after writing a letter and obtaining permission. The samples were genotyped using Illumina50K chips. Data editing was done in terms of frequencies, genotypes, Hardy-Weinberg equilibrium and Maf. Breeds were examined in terms of tail formation and tail type and phenotype was determined. By using PLINK software, it was started to find the relationship between the effective snips and the tail formation phenotype. A P-value was determined for each of the snaps and a Manhattan diagram was drawn using R. According to the results, PCA analysis was done. Epistasis effects were estimated using PLINK. The physical locations of the snaps were determined to confirm the chromosomes. Gene detection and function analysis and genomic and bioinformatics comparisons were performed using the latest genomic information from databases. Finally, the mutual effects between genes and SNPs affecting tail (epistasis effects) were investigated.

Results: Effective loci and their epistasis effects were investigated in 19 breeds and 806 animals. Extensive genome scanning was done to find the gene loci and their epistasis by logistic regression method and with the help of Plink program. The Manhattan diagram was drawn with the help of R program and the effective genes were determined based on the GWAS result in Ensemble database. The results showed that 8 snaps in chromosomes 1, 2, 3, 6, 10, 15, and 18 are



effective on tailiness. A total of 23 genes were found in 500 thousand bases upstream and downstream of effective snips. Gene network drawn using TCHHL, S100A10, LCE3D, C1orf6, NR1H4, U6, SLC17A8 ANO4, SCYL2, ACRT6, CCSER1 MED4, ITM2B RB1, LPAR6, RCBTB2, GPC6 ALKBH3, MIR129-2, C11orf96, TTC17, ACCS genes. and EXT2 from He did not have good wealth. Therefore, little biological interactions can be reported. But in the statistical epistasis section, many interaction effects were seen. Among the effective snips, the snip on S08620.1 of chromosome 2 has the greatest epistasis effect with other sheep genomic loci.

Conclusion: According to the importance of the loci affecting the tail fat deposition, there is a relationship between their genomic locations. According to the results of this research, it can be said that the tail formation process is influenced by genomic loci and epistasis effects. In this research, using population structure analysis by GWAS, 23 genes and nearly 4000 interactions were identified. NR1H4, EXT2, ANO4, and SLC17A8 are among the effective genes. The gene network of effector genes showed few biological interactions. But in statistical epistasis, many mutual effects were observed. 7 effective snips were identified on a number of chromosomes, the most interactions were observed on snip S08620.1 of chromosome number 2. As a result, the most epistasis interactions on the snips of chromosome number 2 are related to 1841 snips on other chromosomes. After chromosome number 2, chromosome 1 and 18 showed the most epistasis effects.

Keywords: Epistasis, Gene network, GWAS, Sheep fat-tail, SNP

How to Cite This Article: Chaabi, M., Fayazi, J., Roshanfekr, H.A., Nazari, M., & Moradi, M.H. (2026). Analysis of Epistatic Effects on the Genetics of Fat-tail Formation in Sheep. *Res Anim Prod*, 17(1), 13-23. DOI: 10.61882/rap.2026.1514



مقاله پژوهشی

تحلیل اثرات ایستازی بر ژنتیک تشکیل دنبه در گوسفند

منا چعبی^۱، جمال فیاضی^۲، هدایت‌اله روشنفکر^۳، محمود نظری^۴ و محمدحسین مرادی^۵

- ۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد، گروه علوم دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، اهواز، ایران
 ۲- استاد، گروه علوم دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، اهواز، ایران، (نویسنده مسؤول: j_fayazi@asnruk.ac.ir)
 ۳- استاد، گروه علوم دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، اهواز، ایران
 ۴- دانشیار، گروه علوم دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، اهواز، ایران
 ۵- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده‌گان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۷/۲۰

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۶/۱۹
صفحه: ۱۳ تا ۲۳

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۱۴

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: دنبه ۲۰٪ وزن لاشه را شامل می‌شود که ارزش اقتصادی لاشه را به شدت کاهش می‌دهد بنابراین اصلاح‌کنندگان گوسفند باید مکانیسم‌هایی که به طور ژنتیکی توسعه چربی را کنترل می‌کنند بررسی کرده، تا بتوانند برنامه‌های پرورش گوسفند را برای کاهش اندازه دنبه طراحی کنند. ذخیره چربی در دنبه یکی از مسائل مطرح در کشور ما و بسیاری از کشورهای در حال توسعه می‌باشد، در طی سالیان اخیر تحقیقات مختلفی در زمینه آمیخته‌گری بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه به بررسی چگونگی توارث این صفات در نقاط مختلف انجام شده است. اما بررسی این تحقیقات عموماً با نتایج متناقضی همراه بوده، لذا منطقه یا مناطق ژنومی موثر بر این صفت همچنان ناشناخته باقی‌مانده است. بنابراین شناسایی ژن‌ها یا مناطق ژنومی مرتبط با ذخیره چربی از مهمترین و چالش‌برانگیزترین حوزه‌های تحقیقاتی در بسیاری از کشورهای پرورش‌دهنده این نژادها محسوب می‌شود. روش‌هایی مانند مطالعه ژنوم و تجزیه و تحلیل بیان ژن برای توصیف زمینه ژنتیکی بلقوه رسوب چربی در گوسفندان دنبه‌دار استفاده شده است. مطالعات ایستاتیک از آنجا که نقش کلیدی در درک ارتباط عملکردی ژن‌ها دارند، برای محققان جالب هستند. در طول چند ده گذشته GWAS نقش اصلی را در زمینه ایستازی فراهم کرده است. در تجزیه و تحلیل GWAS ابتدا SNP‌ها به وسیله یک روش استاندارد آماری آزمایش می‌شوند و به وسیله آن ارتباط بین اسنپ و فنوتیپ را مشخص می‌کنند. این نوع تجزیه و تحلیل‌هاست که به صورت گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرد، اما آنطور که انتظار می‌رود پاسخگو نمی‌باشد و در واقع بخش کوچکی از واریانس ژنتیکی را مشخص می‌کند و به قسمت باقیمانده یا به عبارت دیگر وراثت‌پذیری از دست رفته اشاره نمی‌کند. معمولاً پذیرفته شده است که وراثت‌پذیری از دست رفته تا حدودی به دلیل انواع اثرات ژنتیکی و تعامل آن‌ها با یک یا چند عامل دیگر است. با توجه به پژوهش‌های انجام شده تحقیقات زیادی در مورد GWAS صورت گرفته است اما مطالعات GWAS بر روی دنبه محدود می‌باشد، و نیز با توجه به اهمیت اثرات ایستازی جای بررسی آن‌ها از طریق چپ اسنپ‌ها خالی است و سوالات زیادی در این مورد باقی مانده است. لذا این پژوهش برای بررسی و پاسخ به این سوالات طراحی شده است.

مواد و روش‌ها: حدود ۳۰۰۰ داده شامل انواع مختلف گوسفند پس از نام‌نگاری و کسب مجوز از بانک داده Sheep Hap Map تهیه شدند. نمونه‌ها با استفاده از تراشه‌های Illumina50K تعیین ژنوتایپ شدند. ویرایش داده‌ها از نظر فراوانی‌ها، ژنوتیپ‌ها، تعادل هاردی-واینبرگ و Maf انجام شد. نژادها از نظر تشکیل دنبه و نوع دنبه مورد بررسی قرار گرفته و تعیین فنوتیپ شدند. با استفاده از نرم افزار PLINK شروع به یافتن ارتباط بین اسنپ‌های موثر با فنوتیپ تشکیل دنبه شد. برای هر کدام از اسنپ‌ها یک P-value مشخص شد و با استفاده از R نمودار منحنی رسم گردید. با توجه به نتایج به دست آمده آنالیز PCA انجام شد. با استفاده از PLINK اقدام به برآورد اثرات ایستازی شد. مکان‌های فیزیکی اسنپ‌ها برای تأیید کروموزوم‌ها مشخص شد. تشخیص ژن‌ها و تجزیه و تحلیل عملکرد و مقایسه‌های ژنومیک و بیوانفورماتیک با استفاده از آخرین اطلاعات ژنومی پایگاه‌های داده‌ای انجام شد. در آخر اثرات متقابل بین ژن‌ها و SNP‌های موثر بر دنبه (اثرات ایستازی) مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: لوکوس‌های موثر و اثرات ایستازی آن‌ها به طبع ژن‌های موثر در ۱۹ نژاد و ۸۰۶ دام مورد بررسی قرار گرفتند. پویش گسترده ژنوم برای یافتن جایگاه‌های ژنی و ایستازی آن‌ها به روش رگرسیون لجستیک و به کمک برنامه Plink انجام شد. نمودار منحنی به کمک برنامه R رسم و ژن‌های موثر براساس نتیجه GWAS، درپایگاه انسمل تعیین شدند. نتایج نشان داد ۸ اسنپ در کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۶، ۱۰، ۱۵ و ۱۸ بر دنبه دار بودن موثراند. در مجموع ۲۳ ژن در ۵۰۰ هزار باز در بالا دست و پایین دست اسنپ‌های موثر یافت شدند. شبکه ژنی ترسیم شده به کمک ژن‌های S100A10، LCE3D، C1orf6، NR1H4، U6، ANO4، SLC17A8، SCYL2، ACRT6، CCSE1 MED4، JTM2B RB1، LPAR6، RCBTB2، GPC6، ALKBH3، MIR129-2، C11orf96، TTC17 و ACCS از EXT2 و از غنای خوبی برخوردار نبود. لذا اثرات متقابل بیولوژیکی کمی قابل گزارش است. اما در بخش ایستازی آماری، اثرات متقابل زیادی دیده شد. از بین اسنپ‌های موثر اسنپ روی S08620.1 کروموزوم ۲ بیشترین اثر ایستازی را با سایر لوکوس‌های ژنومی گوسفند داشته است.

نتیجه‌گیری: با توجه به اهمیت لوکوس‌های موثر بر رسوب چربی دنبه بین جایگاه‌های ژنومی آن‌ها ارتباط وجود دارد. با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش می‌توان گفت فرایند تشکیل دنبه تحت تاثیر جایگاه‌های ژنومی و اثرات ایستازی می‌باشد. در این پژوهش با استفاده از تجزیه و تحلیل ساختار جمعیت بوسیله GWAS، ۲۳ ژن و نزدیک به ۴۰۰۰ اینترکشن شناسایی شدند. از ژن‌های موثر می‌توان به NR1H4، EXT2، SLC17A8 اشاره نمود. شبکه ژنی ژن‌های موثر اثرات متقابل بیولوژیکی کمی را نشان دادند. ولی در ایستازی آماری اثرات متقابل زیادی مشاهده شدند. ۷ اسنپ موثر بر روی تعدادی از کروموزوم‌ها شناسایی شدند، که بیشترین اینترکشن‌ها بر روی اسنپ S08620.1 کروموزوم شماره ۲ مشاهده شدند. در نتیجه بیشترین تعاملات ایستازی بر روی اسنپ‌های کروموزوم شماره ۲ با ۱۸۴۱ اسنپ بر روی دیگر کروموزوم‌های در ارتباط می‌باشند. بعد از کروموزوم شماره ۲، کروموزوم ۱ و ۱۸ بیشترین اثرات ایستازی را نشان دادند.

واژه‌های کلیدی: گسترده ژنوم، اسنپ، شبکه ژنی، ایستازی، دنبه گوسفند

مقدمه

گوسفند به‌عنوان اولین نشخوارکننده اهلی شناخته می‌شود. اعتقاد بر این است که گوسفندان در ۹۰۰۰ تا ۱۱۰۰۰ سال پیش (پایان دوره میانسنگی) برای استفاده از گوشت، پشم، شیر و سایر محصولات انتخاب می‌شدند (Moradi et al., 2012). بیش از ۱۴۰۰ نژاد ثبت‌شده از انواع گوسفند با مرفولوژی متمایز خود در نتیجه واکنش‌های تکاملی به طیف گسترده‌ای از محیط‌های جغرافیایی و اجتماعی از این جمعیت، توسعه یافته‌اند (Bakhtiarizadeh et al., 2019). یکی از تغییرات اصلی مرفولوژیکی، تغییر اندازه و شکل دانه بین نژادهای مختلف است. گوسفندان دانه‌دار در اصل از نژادهای دارای دم (پس از اهلی شدن جد وحشی دارای دم) منشعب شده‌اند که نیاز به ذخیره انرژی حیاتی را در محیط‌های سخت نشان می‌دهد. با این حال، امروزه فنوتیپ دانه دیگر مزایای گذشته خود را حفظ نکرده است و کاهش اندازه آن به یک هدف مهم برای تولیدکنندگان و مصرف‌کنندگان تبدیل شده است. این امر به این دلیل است که ذخیره چربی هزینه بیشتری نسبت به تجمع بافت بدون چربی به همراه دارد. جالب است که در برخی نژادها، دانه تا ۲۰٪ از وزن لاشه را تشکیل می‌دهد که به شدت بر ارزش اقتصادی آن تأثیر می‌گذارد. از این رو، اصلاح‌کنندگان گوسفند باید به بررسی مکانیسم‌های ژنتیکی کنترل‌کننده توسعه چربی دانه بپردازند تا بتوانند برنامه‌های پرورشی مؤثری را برای کاهش اندازه آن طراحی کنند. روش‌هایی مانند مطالعه ژنوم و تجزیه و تحلیل بیان ژن به عنوان ابزارهایی کارآمد برای درک زمینه ژنتیکی رسوب چربی در انواع گوسفندان دانه‌دار به کار گرفته می‌شوند. این تلاش‌ها می‌توانند به بهبود کیفیت و بهره‌وری در صنعت دامپروری کمک شایانی کنند. به عنوان مثال، توالی‌یابی‌های RNA امکان کشف تنوع ژنتیکی را فراهم کرده‌اند که ممکن است زمینه‌ساز تفاوت‌های مختلف فنوتیپی در شناسایی تنوع ژنتیکی برای توصیف فنوتیپ‌های مختلف دانه در گوسفند باشد (Bakhtiarizadeh et al., 2019). کشف مکانیسم وراثت دانه مهمترین امر در کنترل آن است. تلاش‌های متعددی با هدف شناسایی ژن‌ها یا مناطق ژنومی مرتبط با فنوتیپ دانه از طریق کاوش‌های ژنوم انجام شده‌اند. با این حال نتایج، این مطالعات بحث‌برانگیز است. به نظر می‌رسد که گوسفندان دانه‌دار دارای منبع یکسانی هستند؛ بنابر این، انتظار می‌رود که پایه ژنتیکی مشابهی در زمینه این ویژگی داشته باشند. در مطالعات پویش ژنومی برای دانه، ابتدا جمعیت گوسفند در مناطق محدود مورد بررسی قرار می‌گیرد و سپس مطالعات بیشتر بر روی جایگاه‌های ژنومی شناسایی‌شده اعمال می‌شود.

این رویکرد به پژوهشگران این امکان را می‌دهد که به درک بهتری از تنوع ژنتیکی و عوامل مؤثر بر توسعه دانه دست یابند و در نهایت به بهبود برنامه‌های پرورشی کمک کند (Dong et al., 2020). در طی سالیان اخیر، تکنیک‌های بیولوژی مولکولی سرعت شگرفی توسعه پیدا کرده‌اند و موجب گردیده است تا پروژه‌های مختلف توالی‌یابی کل ژنوم، از جمله گوسفند، تکمیل شود. متعاقب آن، پانل‌های مختلفی از آرایه‌های نانویی با تراکم متفاوت طراحی شده‌اند و انجام مطالعات پویش کل

ژنومی را امکان‌پذیر می‌سازد. مطالعه پویش ژنومی می‌تواند به شناسایی دقیق ژن‌های مرتبط با صفات اقتصادی کمک کنند و یافته‌های آن برای انتخاب به کمک نشانگر مفید باشد. این پیشرفت‌ها در بیولوژی مولکولی نه تنها به درک بهتر از ژنتیک گوسفند کمک می‌کنند، بلکه می‌توانند به بهبود کیفیت و بهره‌وری در صنعت دامپروری نیز منجر شوند (Mohammadi & Shamsollahi, 2023). مناطق ژنومی که تحت تأثیر انتخاب‌های پیوسته طبیعی یا مصنوعی (توسط انسان) قرار می‌گیرند، ردی از خود بر روی ژنوم می‌گذارند که با انجام برخی تجزیه و تحلیل‌های مناسب می‌توان به شناسایی آن‌ها پرداخت (Mirzapour et al., 2023). تعاملات اپیستاتیک بین ژن‌ها یا QTLها موضوعی است که در ژنتیک مولکولی و کمی مورد توجه است (Cordell, 2002). ایستازی (اثرات متقابل جایگاه‌های ژنی) زمانی رخ می‌دهد که اثر فنوتیپی یک جهش تحت تأثیر جهش‌های دیگر در ژنوم قرار می‌گیرد (Papp & Pál, 2011). مطالعات اپیستاتیک از آنجایی که نقش کلیدی در درک ارتباط عملکردی ژن‌ها دارند برای محققان جالب هستند. مطالعات GWAS که به کمک تراشه‌های تجاری اسنپ انجام می‌شوند دانشی را در رابطه با ارتباط فنوتیپ‌ها و نشانگرهای اسنپ فراهم کرده‌اند. اگرچه اکثر اسنپ‌ها به طور معناداری با صفات مرتبط هستند اما متأسفانه تنها بخش کمی از واریانس ژنتیکی را به صورت منفرد توجیه می‌کنند (Fazer et al., 2009; Manolio et al., 2009; Eichler et al., 2010). لذا بررسی سایر اثرات توجیه‌کننده واریانس ژنتیکی از اهمیت زیادی برخوردار است. انتظار می‌رود که بخشی از این واریانس به کمک اثر ایستازی تأمین شده باشد. اول ضروری است که ایستازی بیولوژیکی (عملکردی) را تشخیص دهیم، سپس به سراغ ایستازی آماری برویم (Cordell, 2002). ایستازی زیستی به مفهوم اثر آلی در یک مکان است که توسط اثر آل دیگر در مکان دیگری آشکار می‌شود، یا به عبارت دیگر، اثرات واریانت‌های ژنتیکی که سایر واریانت‌ها را تقویت می‌کنند. این پدیده می‌تواند نقش مهمی در شکل‌گیری صفات پیچیده و واریانس ژنتیکی داشته باشد و درک آن می‌تواند به بهبود روش‌های انتخاب و پرورش در دام‌ها کمک کند (Siemiatycki & Thomas, 1981). ایستازی آماری به خروجی اثرات غیر افزایشی و غیر غالبیت تغییرات ژنتیکی در جایگاه‌های مختلف با توجه به فنوتیپ اشاره دارد. در این روش با استفاده از روش‌های آماری محاسباتی، برای نزدیک شدن نتایج به یک تعریف بیولوژیکی و درک بهتر آن پرداخته می‌شود. یک دیدگاه تکاملی در منشا ایستازی بر اساس یک فرضیه بیان می‌کند که انتخاب طبیعی اکثریت جمعیت را در وضعیت سالم نگه می‌دارد؛ بنابر این، در پاسخ به تغییرات ژنتیکی و محیطی، تغییرات فنوتیپی ظاهر می‌شوند. به عنوان مثال، سطح فیزیولوژیکی حیاتی مانند قند خون یا فشار خون در پاسخ به این اثرات، سیستم‌های پیچیده قوی را برای مقاومت در برابر تغییرات از خود نشان می‌دهند (Moore & Williams, 2005). از آنجایی که ایستازی به عنوان تعامل بین ژن‌ها یا نشانگرهای اسنپ که بر یک صفت تأثیر می‌گذارد، تعریف شده است، بنابر این، هر نشانگر اسنپ به‌دست آمده در GWAS سطح قابل‌توجهی از تأثیر قوی یک صفت را تعیین می‌کند، اما

Hap Map در اختیار قرار گرفتند. از ۳۰۰۰ نمونه که شامل ۷۵ نژاد هست، ۱۹ نژاد با توجه به شکل و ابعاد دنبه گزارش شده از آنها در منابع علمی معتبر جهت اجرای پژوهش حاضر استفاده شد. تعداد کل دام‌های تعیین فنوتیپ شده ۸۰۶ حیوان است. ۴۸۸ حیوان از نژادهای بدون دنبه شامل هشت نژاد به نام‌های: استارالین سافوک، دکانی، جرمن تکسل، گلف کاستینیو، ایراش سافوک، نیوزلند تکسل، اسکیتیش تکسل و اسکیتیش بلک فیس هستند. ۳۱۸ حیوان از نژادهای دنبه‌دار شامل ۱۱ نژاد به نام‌های افشاری، بوندلر اوبرلند، سپروس، اتیوپی منز، لوکال آوآسی، کاراکاس، مغانی، قزل، ردماپیسی، رندریب آفریکن و نوردر هستند. مبنای طبقه‌بندی در این مرحله تشابه نسبی شکل و ابعاد دم و دنبه در نژادهای انتخاب شده بود. همچنین، با توجه به بحث لایه‌بندی جمعیت و پراکنش جغرافیایی، آنالیزهای بعدی بر مبنای این اصل انجام گرفت. با توجه به این که تنوع زیادی بین نژادهای مختلف از لحاظ شکل و اندازه دنبه و دم وجود دارد، در تحقیق حاضر تلاش شد تا تنها نژادهایی که از لحاظ شکل و اندازه مشابهت زیادی با همدیگر و به ویژه با نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه ایرانی دارند جهت اجرای این پژوهش انتخاب شوند.

برای تعیین موقعیت ژنومی اسنپ‌ها در سطح ژنوم گوسفند از نسخه ژنومی Oar-v4/0 پایگاه اطلاعاتی NCBI استفاده شد. بررسی ارتباط اسنپ با فنوتیپ به کمک رگرسیون لجستیک با استفاده از آنالیز PLINK انجام شد. در مرحله بعدی، رسم نمودار منهن با استفاده از نرم‌افزار R پکیج qqman انجام شد. تعداد اسنپ‌های موثر مشخص شد. با توجه به نمودار منهن برای اجتناب از گزارش نشانگرهای مثبت کاذب و تحلیل ساختار ژنتیکی جمعیت از تجزیه مولفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد. لذا به کمک برنامه PLINK، ۱۴ مولفه اصلی اول برای تصحیح داده‌ها مورد استفاده قرار گرفتند. تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی در تمام آنالیزها جهت تصحیح لایه‌بندی جمعیتی استفاده شد. رسم شبکه ژنی و تجزیه و تحلیل شبکه بر همکنش ژن‌ها با استفاده از پایگاه استرینگ (<https://string-db.org/>) و بررسی عملکرد ژن‌ها با استفاده از بیومارت، سایت Gene Cards (<https://www.genecards.org/>) و انسمبل صورت گرفت. در مرحله بعدی، با نرم‌افزار PLINK اپیستازی انجام شد.

نتایج و بحث

ارتباط ژنومی با مدل لجستیک توسط نرم‌افزار PlinkV1/9، تعداد ۱۶۴۰۸ اسنپ موثر را نشان داد. توزیع آنها در طول ژنوم در نمودار منهن شکل شماره ۱ نشان داده شده است. اطلاعات اولیه ژنوتیپی حیوانات انتخاب شده جهت کنترل کیفیت با استفاده از نرم‌افزار PKINK مورد ارزیابی قرار گرفت. در مورد فراوانی آلل نادر (MAF)، ۴۶ اسنپ حذف شدند. برای تعادل هاردی-واینبرگ ۱۰۴ اسنپ حذف شدند. این تعداد نشانگر معنی‌دار برای یک مطالعه پویش گسترده ژنومی زیاد به نظر می‌رسد. با توجه به نتایج به دست آمده نیاز به تصحیح ساختاری و آنالیزهای دیگری است که لایه‌بندی جمعیتی کاهش یابد و

نشانگرهای غیر معنی‌دار که با یکدیگر تعامل دارند، می‌توانند تاثیر زیادی بر یک صفت نیز داشته باشند. ، با در نظر گرفتن فعل و انفعالات اپیستاتیک برای اثرات غیر افزایشی چندمتغیره، امکان کشف نشانگرهای بیشتر مرتبط با صفات مورد نظر توسط GWAS فراهم می‌شود. در مورد اثرات افزایشی تک‌متغیره بسیاری از مطالعات GWAS از تحلیل اپیستاتیک به عنوان یک رویکرد مکمل استفاده کرده‌اند و اپیستازی قابل توجهی را گزارش داده‌اند (Kim et al., 2020).

مواد و روش‌ها

آرایه Ovine SNP50K Genotyping Beadchip جامع‌ترین آرایه ژنوتایپینگ گسترده ژنوم برای گوسفند را فراهم می‌کند و دارای قدرت بالایی برای بررسی تنوع ژنتیکی در بسیاری از نژادها است. Beadchip با همکاری شرکت Illumina توسعه داده شد. این آرایه دارای بیش از ۵۴۰۰۰ SNP است که به طور یکنواخت کل ژنوم را در بر می‌گیرد. Ovine SNP50K Beadchip طیف وسیعی از مطالعات گوسفند شامل انتخاب گسترده ژنوم، شناسایی جایگاه‌های صفت کمی (QTL)، ارزیابی شایستگی ژنتیکی، نقشه‌برداری نژادی، مطالعات عدم پیوستگی، مقایسات ژنتیکی و خصوصیات نژادی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی را فراهم می‌کند.

سری اطلاعات مورد استفاده در این تحقیق شامل داده‌های تعیین ژنوتایپ تعدادی از نژادهای دنبه دار و بدون دنبه موجود در پروژه HapMap است که از کنسرسیوم بین‌المللی ژنومیکس گوسفند (ISGC) تهیه شده‌اند. کنسرسیوم بین‌المللی ژنومیک از محققان برجسته از Baylor، AgResearch، UCSC سازمان تحقیقات علمی و صنعتی مشترک-استرالیا تشکیل شده است (برگرفته از پروژه هپ مپ). در این پروژه، به صورت رسمی رکوردهای فنوتیپی حیوانات جمع‌آوری نشده‌اند. بنابر این، جهت اجرای تحقیق حاضر با استفاده از منابع منتشر شده مختلف، خصوصیات نژادها به خصوص در ارتباط با شکل و ابعاد دنبه آن‌ها مورد بررسی قرار گرفتند. در مجموع، حدود ۳۰۰۰ نمونه حیوان از نژادهای مختلف در پروژه HapMap تعیین ژنوتایپ شده‌اند که این اطلاعات در <https://www.sheepmap.org> در دسترس هستند. اطلاعات دریافتی از این پروژه همگی مربوط به نژادهای گوسفندان اهلی بود. همه نمونه‌ها با استفاده از آرایه Ovine SNP50K Beadchip تعیین ژنوتایپ شده‌اند. پس از فیلتر اسنپ‌ها، در مجموع ۴۹۰۳۹ نشانگر باقی می‌ماند. برخی نشانگرها به دلیل کم بودن فراوانی آلل نادر (MAF) از محاسبات خارج می‌شوند. در مورد کنترل کیفیت MAF، آستانه ۰/۵ مورد بررسی قرار می‌گیرد. تعادل هاردی-واینبرگ با سطح ۰/۰۰۰۰۰۱ برای تک‌تک اسنپ‌ها مورد بررسی قرار گرفت. در اینجا، ابتدا دنبه‌دار بودن و نبودن تعدادی از نژادها با استفاده از مطالعات در مقالات و مرور بر منابع تعیین شد. انتخاب دام‌های مورد آنالیز و تعیین ژنوتایپ و فنوتایپ بر اساس منطقه پراکنش آن‌ها انجام شده است تا به این وسیله اثرات سایر عوامل مربوط به اقلیم کاسته شود. اسنپ‌ها به صورت فایل‌هایی با نام‌نگاری و کسب مجوز از بانک داده Sheep

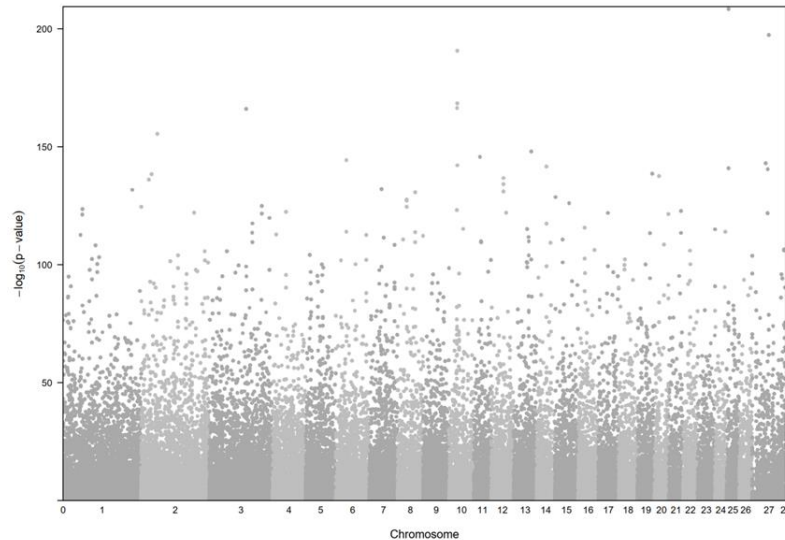
با توجه به شکل شماره ۳، نمودار اثر تجمعی مولفه‌ها را نشان می‌دهد. به عنوان مثال، ۱۴ مولفه اول بالای ۶۰٪ واریانس را توجیه می‌کنند و به ۵۰ مولفه اول که می‌رسد تقریباً ۱۰۰٪ واریانس توجیه می‌شود.

پس از تصحیح ساختاری در این مرحله، هشت جایگاه نشانگری اسنیپ یافت شدند که در جدول شماره ۱ نشان داده شده‌اند. از میان آن‌ها، دو اسنیپ بر روی کروموزوم ۱۰ و بقیه آن‌ها بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۶، ۱۰، ۱۵ و ۱۸ هستند.

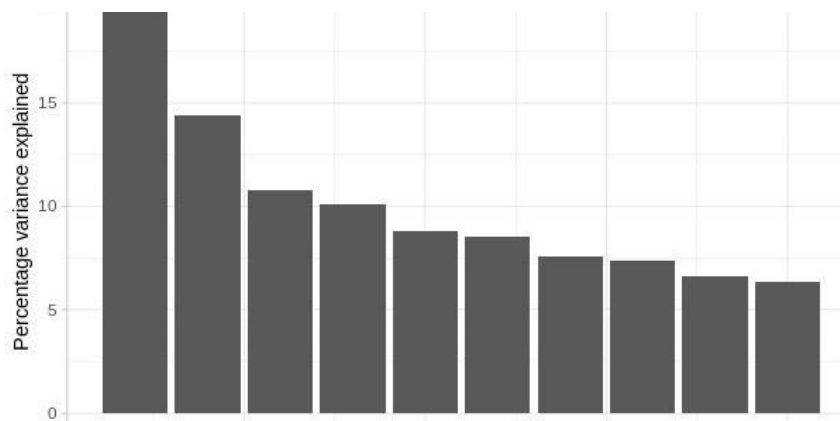
اسنیپ‌های موثر تر ظهور کنند. در اینجا فیلتراسیون توسط آنالیز PCA انجام شد.

در این گراف (شکل شماره ۱) بر روی محور X موقعیت اسنیپ‌ها در کروموزوم‌های مختلف و روی محور Y ارزش‌های منفی لگاریتم گزارش داده شده‌اند.

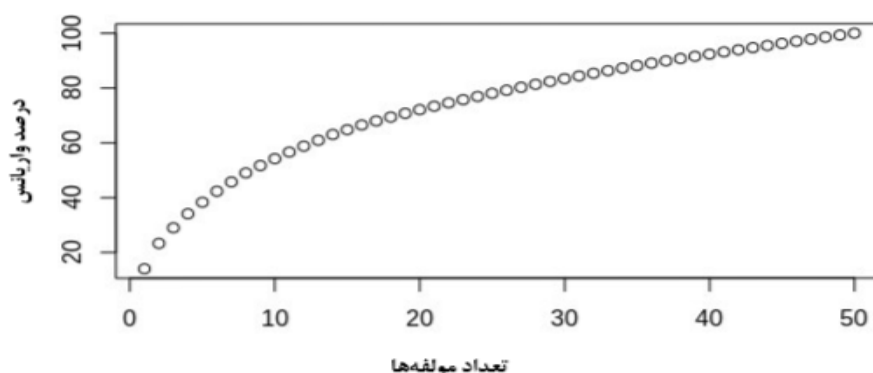
با توجه به شکل شماره ۲ نمودار شامل ۱۰ مولفه اصلی اول است که نشان‌دهنده میزان تاثیرگذاری مولفه‌ها در هر مرحله است. طول هر مولفه میزان واریانسی است که توجیه می‌کند.



شکل ۱- گراف منهن از مطالعه پیوستگی ژنومی برای صفت ذخیره چربی در دنبه
Figure 1. The Manhattan graph of the genomic wide study for fat storage in fat-tail



شکل ۲- میزان سهم واریانس توجیه شده بوسیله ده مولفه اصلی اول در آنالیز
Figure 2. The share of variance justified by the first ten principal components in PCA analysis



شکل ۳- اثر تجمعی مولفه‌های موثر در بررسی تشکیل دنبه

Figure 3. Cumulative effects of effective components in the study of fat-tail formation

جدول ۱- اسنیپ برتر با بیشترین تاثیر مورد بررسی در فنوتیپ دنبه‌دار بودن گوسفندان

Table 1. The best SNP with the most studied effect on the fat-tail phenotype of sheep

کروموزوم CHR	شناسه اسنیپ SNP ID	موقعیت براساس نسخه ژنومی Position based on Genom Version
1	OAR1_117122442.1	11712242-
10	s15707.1	19420049-
3	OAR3_196245495.1	196245495
10	s35548.1	84220033-
15	s67246.1	89564195-
18	OAR18_35456814.1	35456815-
2	s08620.1	194245184-
6	OAR6_42208195.1	42208195-

اطلاعاتی مشخص شدند که این مناطق برای انجام آزمایش‌های مکان‌یابی دقیق انتخاب شدند که در این تحقیق در جدول آزمون معناداری اسنیپ‌ها تعدادی بر روی کروموزوم ۲ نیز مشاهده شدند (Moradi *et al.*, 2012). با توجه به روش‌های آماری متفاوت استفاده شده در پژوهش مرادی و همکاران، استفاده از همه حیوانات و تفاوت‌های نژادی آنها در تحقیق ژو و همکاران، در نتایج حاصل از این پژوهش نیز اسنیپ‌های برتر در تشکیل دنبه بیشتر بر روی کروموزوم ۲ گزارش شدند.

با توجه به نتایج به‌دست آمده، ژن‌ها در فاصله ۵۰۰ kb در اطراف نشانگرهای معنی‌دار جستجو شدند. در جدول شماره ۲ فاصله ژن‌های شناسایی شده در قسمت بالادست (به علامت مثبت) و یا پایین‌دست (به علامت منفی) از نشانگر مورد نظر را مشخص می‌کند.

ژو و همکاران (Zhu *et al.*, 2021) گوسفندان مناطق آلتای و تبتی را که دارای اشکال متفاوت از دم بودند و در مناطق مختلفی از چین پراکنش داشتند مورد بررسی قرار دادند. در این تحقیق، یک بررسی گسترده ژنومی بر روی دنبه سه نژاد گوسفند انجام شد. با استفاده از GWAS به تجزیه و تحلیل ارتباط بین اسنیپ‌ها و فنوتیپ‌ها پرداخته شد. نتایج GWAS نوع ارتباط با صفات دنبه را در سطح ژنومی بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۷، ۱۰، ۱۳، ۱۵ و ۱۹ گزارش دادند اما بیشترین تأثیر در کروموزوم‌های ۱، ۱۳ و ۱۵ مشاهده شد. بنابر این، در این پژوهش، کروموزوم‌های ۱، ۲، ۱۰ و ۱۵ کروموزوم‌های موثر در ارتباط با صفات دنبه بودند.

بررسی تمایز جمعیتی با استفاده از آماره‌های FST و تتا در نژادهای ایرانی نشان داد که هفت منطقه ژنومی دارای بیشترین تمایز ژنتیکی بودند. با آنالیزهای پروژه Map Ovien Hap سه منطقه ژنومی بر روی کروموزوم‌های X، ۷ و ۵ در هر دو سری

جدول ۲- ژن‌های گزارش شده در اطراف نشانگرهای معنی‌دار شناسایی شده در تحقیق حاضر

Table 2. Genes reported around the significant markers identified in the current research

Chr	Position on genome	Bonferroni P-Value	Genes	Distance (Kb)
1	108193348	1.03E-18	<i>TCHHL1</i>	- 255
			<i>SI00A10</i>	- 375
			<i>LCE3B</i>	+ 396
			<i>C1orf68</i>	+ 434
2	183299001	1.01E-06	---	---
3	182022302	3.40E-15	<i>NR1H4</i>	- 53
			<i>U6</i>	+ 71
			<i>SLC17A8</i>	- 236
			<i>ANO4</i>	+ 237
			<i>SCYL2</i>	- 295
			<i>ACTR6</i>	- 371
6	37865761	1.82E-06	<i>CCSER1</i>	Within
10	20082182	7.70E-16	<i>MED4</i>	+ 108
			<i>ITM2B</i>	+242
			<i>RB1</i>	+328
			<i>LPAR6</i>	+412
			<i>RCBTB2</i>	+450
10	76938661	2.08E-13	<i>GPC6</i>	Within
15	80007334	2.66E-12	<i>ALKBH3</i>	+129
			<i>MIR129-2</i>	-159
			<i>C11orf96</i>	+195
			<i>TTC17</i>	-247
			<i>ACCS</i>	+331
			<i>EXT2</i>	+360
18	33864740	1.72E-08	---	---

با ۵۹٪ سطح اطمینان از ارتباط گزارش شد. SLC17A8 یک ژن انتقال‌دهنده صفات معدنی وابسته به سدیم از ژن‌های موثر بر رسوب چربی است و به ترتیب با توجه به نقشه شبکه ژنی آن، ژن‌های SLC18A3 با ۹۷٪، SLC18A2 با ۹۰٪ و SLC18A1 با ۸۴٪ از ژن‌های مرتبط و موثر در گره‌های شبکه ژنی SLC17A8 گزارش شدند. ژن ANO4 با نام علمی Anoctamin4 و کدکننده پروتئین است. در شبکه ژنی ANO4 نیز بالاترین ژن موثر در گره‌های شبکه ژنی، ژن SLC17A8 با ۵۹٪ سطح اطمینان از ارتباط گزارش شد. SLC17A8 یک ژن انتقال‌دهنده صفات معدنی وابسته به سدیم از ژن‌های موثر بر رسوب چربی است و به ترتیب با توجه به نقشه شبکه ژنی آن، ژن‌های SLC18A3 با ۹۷٪، SLC18A2 با ۹۰٪ و SLC18A1 با ۸۴٪ از ژن‌های مرتبط و موثر در گره‌های شبکه ژنی SLC17A8 گزارش شدند. ژن *EXT2* کدکننده یکی از گلیکوترانس فرازی است که در طولانی شدن زنجیره سنتز هپارین سولفات نقش دارد. جهش در این ژن باعث فرم ۲ اگزوتوسیز چندگانه می‌شود. بر اساس اسپالیس‌های مختلف در واریانتهای این ژن، ایزوفرم‌های مختلفی برای این ژن دیده شده است. این ژن یک ژن کدکننده پروتئین است. از بیماری‌های مرتبط با این ژن، بیماری سیروز، اسکلیوسیز، سندرم میکروسلفیا و اگزوتوسیز چندگانه است. مسیرهای چرخه‌هایی که این ژن در آن‌ها موثر است در متابولیسم گلیکوامینوگلیکان و در بیماری گلیکوزیلیشن نقش دارند. *EXT2*، یک ژن ۲۳۷ اسید آمینه از خانواده گلیکوزیل ترانس‌فراز ۴۷ گزارش شد. با توجه به ساختار شبکه ژنی

با توجه به جدول شماره ۲، احتمال مرتبط بودن ژن‌های SLC17A8، NR1H4 و ANO4 در کروموزوم ۳ و *EXT2* بر روی کروموزوم ۱۵ در تشکیل دنبه است. در این تحقیق، شبکه ژنی این ژن‌های یافت‌شده با استفاده از پایگاه داده استرینگ مورد بررسی قرار گرفت. NR1H4 یک ژن از زیرخانواده گیرنده‌های هسته‌ای است. ژن NR1H4 با نام علمی Nuclear Receptor Subfamily 1 Group H Member 4 و کدکننده پروتئین‌ها است. این ژن روی استنپ OAR-196245495.1 بر روی کروموزوم شماره ۳ قرار دارد. این ژن یک فاکتور رونویسی فعال‌شده با لیگاند را کد می‌کند که ویژگی ساختاری مشترکی با اعضای خانواده گیرنده هورمون هسته‌ای دارد. این پروتئین به عنوان گیرنده اسیدهای صفراوی به اسیدهای صفراوی متصل می‌شود و با اتصال به DNA، بیان ژن‌های دخیل در سنتز و انتقال اسیدهای صفراوی را تنظیم می‌کند. به طور متناوب به انواع رونوشت‌ها متصل می‌شود و ایزوفرم‌های مختلف را کد می‌کند. بیماری‌های مرتبط با آن عبارت‌اند از کلستاز پیشرونده داخل کبدی ۵ و ۱. از مسیرهای مرتبط با آن می‌توان به سنتز اسیدهای صفراوی و نمک‌های صفراوی و بیان ژن (رونویسی) اشاره کرد. یک پارالوگ مهم این ژن NR1H3 است. از ویژگی‌های پروتئینی برای این ژن اندازه ۴۸۶ اسید آمینه و سطح وجود پروتئین پلی‌اتیلن است. با توجه به شکل ترسیم شده از شبکه ژنی NR1H4 ژن رسوب چربی SLC51A8 با ۸۷٪ نشان‌دهنده سطح اطمینان از ارتباط شدیدتر ژن‌ها در شبکه ژنی آن است. در شبکه ژنی ANO4 نیز بالاترین ژن موثر در گره‌های شبکه ژنی، ژن SLC17A8

متقابل معنی‌دار را گزارش می‌دهد. اسنیپ *s08620.1* روی کروموزوم ۲ نیز با ۱۸۴۱ اسنیپ دیگر اپیستازی دارد. این اسنیپ با *OAR17_22472527.1* بر روی کروموزوم ۱۷، *OAR3_194949591.1* روی کروموزوم ۳ و *OAR2_195458281.1* روی کروموزوم ۲ بیشترین اثر معنادار را گزارش داد. اسنیپ *OAR3_196245495.1* روی کروموزوم ۳ با ۱۶۱ اسنیپ دیگر اپیستازی دارد. این اسنیپ با *OAR5_89139276_X.1* روی کروموزوم ۵، *s42244.1* روی کروموزوم ۴ و *OAR16_31612666.1* روی کروموزوم ۱۶ بیشترین اثر متقابل معنی‌دار را گزارش داد. اسنیپ *OAR6_42208195.1* روی کروموزوم ۶ با ۳۸۱ اسنیپ دیگر اپیستازی دارد. این اسنیپ با *OAR6_42282329.1* و *OAR6_42528741.1* بروی کروموزوم ۶ و *OAR10_82991415.1* بر روی کروموزوم ۱۰ بیشترین اثر معنی‌دار را نشان داد. اسنیپ *s35548.1* بر روی کروموزوم ۱۰ با ۳۴۴ اسنیپ دیگر اپیستازی دارد. این اسنیپ با *s25815.1* بر روی کروموزوم ۸، *s58903.1* بر روی کروموزوم ۲۰ و *OAR21_25051954.1* بر روی کروموزوم ۲۱ بیشترین اثر متقابل معنادار را نشان داد. از دیگر اسنیپ‌ها، *s67246.1* بر روی کروموزوم ۱۵ است که ۱۴۴ اینترکشن را گزارش می‌دهد. این اسنیپ با سه اسنیپ *OAR17_27677954.1*، *OAR17_68457670.1* و *s07643.1* که هر سه بر روی کروموزوم ۱۷ قرار داشتند، بیشترین تاثیر را گزارش داد. آخرین اسنیپ با نام *OAR18_35456814.1* بر روی کروموزوم ۱۸ دارای ۴۴۹ تاثیر معنی‌دار با اسنیپ‌های دیگر است. این اسنیپ با *OAR23_12072551.1* بر روی کروموزوم ۲۳، *s21393.1* بر روی کروموزوم ۲۲ و *OAR25_38993389_X.1* بر روی کروموزوم ۲۵ بیشترین تاثیر را نشان داد. همه این اطلاعات در جدول ۴-۴ نشان داده شده‌اند.

نکته مورد توجه این که اسنیپ *S15707.1* بر روی کروموزوم ۱۰ هیچ گونه اثر اپیستازی از خود نشان نداده است. در مجموع، ۳۸۸۰ اینترکشن در بین هفت اسنیپ باقی‌مانده مشاهده شدند.

بانرجی و همکاران (Banerjee et al., 2020) به بررسی اپیستازی در بازده خوراک خوک پرداختند. نژاد Duroc با ۱۲۴۷ اسنیپ و نژاد Landrace با ۱۲۱۵ اسنیپ دارای ارتباطات موثر معنی‌دار گزارش داده شدند و به این نتیجه رسیدند که تعاملات اپیستاتیک در کروموزوم‌های ۱۷، ۱۵ و ۱۰ بیشتر است. در این پژوهش نیز تعاملات اپیستازی بر روی کروموزوم ۱۰ و ۱۸ گزارش شد که کروموزوم ۱۰ با ۳۴۴ اثر معنادار و کروموزوم ۱۸ با ۴۹۹ اثر معنادار بعد از کروموزوم ۲ و ۱ بیشترین تعاملات اپیستازی را نشان دادند.

کیم و همکاران (Kim et al., 2020) به بررسی ارتباط اسنیپ‌ها در زمان گل‌دهی در سویا پرداختند و چندین جایگاه اپیستاتیک بین اسنیپ‌های معنادار (۲ اسنیپ) و غیر معنی‌دار (۱۶ اسنیپ) را به‌عنوان اسنیپ‌های مؤثر بر زمان گل‌دهی به دست آوردند. جمعاً ۹۳ اسنیپ قابل‌توجه در ۵۹ ژن مهم و ۱۸ ژن کاندید از جمله E1 و E3 شناسایی شدند که در شش مسیر اصلی گل‌دهی نقش داشتند. در نتایج به‌دست آمده، هشت

EXT1، EXT2 نشان‌دهنده ۹۸٪ سطح اطمینان از ارتباط و SLC35B2 با ۸۷٪ سطح اطمینان از ارتباط، در شبکه ژنی EXT2 گزارش شد. این نتایج نشان‌دهنده ارتباط موثر این ژن‌ها در رابطه با صفات مرتبط با چربی دنبه هستند.

نتایج به دست آمده بختیاری‌زاده و الموتی (Bakhtiarizadeh et al., 2020) بر اساس RNA-seq نشان دادند که ژن *SLC22A4* از ژن‌های موثر در تشکیل دنبه است و دیگری *NR7P1* این ژن یک پروتئین هسته‌ای را کد می‌کند و به عنوان تنظیم‌کننده متابولیسم لیپید و گلوکز در رسوب چربی نام برده می‌شود.

ژو و همکاران (Zhu et al., 2021) از نتایج GWAS در ارتباط با صفات دنبه گزارش نمودند که ژن *EXT2* بر روی کروموزوم ۱۵ از ژن‌های موثر بر رسوب چربی است.

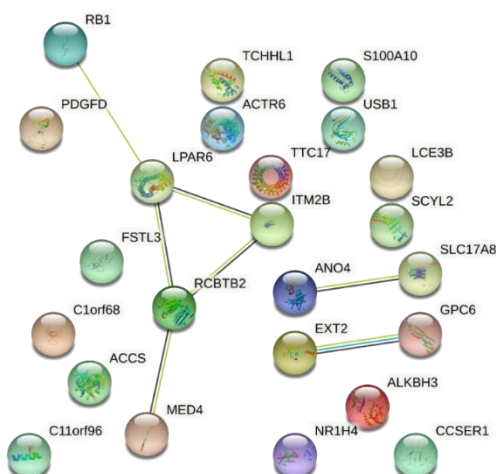
مرادی و همکاران (Moradi et al., 2022) نمونه‌های نژادهای ایرانی زل و لری بختیاری با چگالی نشانگری بالا در سه منطقه ژنومی بیان شده تعیین ژنوتیپ کردند. آنالیزهای آماری با استفاده از آماره‌های مختلف شامل روش‌های مبتنی بر تمایز و الگوی تنوع ژنتیکی (XP-EHH) انجام شدند. نتایج حاصل به روشنی سیگنال‌های انتخاب را در مناطق موردنظر آشکار کردند و نشان دادند که آلل‌های انتخابی در مناطق کاندیدای کروموزوم‌های ۵ و X به‌سمت تثبیت شدن در نژاد دنبه‌دار افزایش یافته‌اند در حالی که بر روی کروموزوم ۷ این حالت در جهت افزایش آلل‌های سودمند در نژاد بدون دنبه تغییر یافته است. در مجموع سه منطقه ژنومی جدید مرتبط با ذخیره چربی شناسایی شد که دو منطقه ژنومی در کروموزوم‌های ۵ و X بیانگر انتخاب در جهت افزایش فراوانی جهش‌های موثر بر روی اندازه دنبه هستند که در میان آنها ژن *SLC35A2* از ژن‌های مرتبط با چربی گزارش شد. با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش، ژن *SLC17A8* بیشترین تاثیر را بر تشکیل دنبه دارد.

شبکه ژنی حاصل از پایگاه استرینگ و نتایج حاصل از اثرات متقابل بیولوژیکی نشان دادند که بیشترین گره‌ها در ارتباط با ژن‌های *EXT2* و *GPC6* هستند که در شکل شماره ۴ نشان داده شده است. از دیگر ژن‌های موثر بر رسوب چربی که در این شبکه نیز با یکدیگر در ارتباط‌اند، *ANO4* و *SLC17A8* است. ۳ ژن *RCBTB2*، *ATM2B* و *LPAR6* در یک راستا با یکدیگر ارتباط موثر نشان دادند. از این سه ژن موثر بر هم *RCBTB2* بیشترین ارتباط موثر را با *MED4* نشان داد. *LPAR6* با کمترین ارتباط موثر با *RBI* مشاهده شد. غنی‌سازی شبکه (شکل شماره ۴) گویای ارتباط زیاد ژن‌ها باهم دیگر نیست، یعنی این ژن‌ها به طور مستقیم در ارتباط نیستند و به احتمال قوی ژن‌های واسطه دیگری در این زمینه نقش ایفا می‌کنند.

با توجه به نتایج حاصل از اثرات اپیستازی آماری که در جدول شماره ۳ برخی از نتایج آن ارائه شده است، اسنیپ *OAR1_117122442.1* بر روی کروموزوم یک با ۵۶۰ اسنیپ دیگر اپیستازی دارد. این اسنیپ با *OAR12_69405277.1* بر روی کروموزوم ۱۲، *s60712.1* روی کروموزوم ۲۶ و *OAR14_68716023.1* روی کروموزوم ۱۴ بیشترین اثر

اسنیپ بر روی دیگر کروموزوم‌ها در ارتباط هستند. بعد از کروموزوم شماره ۲، کروموزوم ۱ و ۱۸ بیشترین اثرات اپیستازی را نشان دادند.

اسنیپ (هفت اسنیپ معنادار و یک اسنیپ غیر معنی‌دار) به‌عنوان اسنیپ‌های مؤثر بر تشکیل دنبه به‌دست آمدند و ۲۳ ژن کاندید برای چربی دنبه شناسایی شدند. در پژوهش حاضر، بیشترین تعاملات اپیستازی بر روی اسنیپ‌های کروموزوم شماره ۲ گزارش شدند که با ۱۸۴۱



شکل ۴- شبکه ژنی بین ژن‌های شناسایی شده در تحقیق حاضر مؤثر بر رسوب چربی دنبه
Figure 4. The gene network between genes identified in the present research effective on fat-tail deposition

جدول ۳- برخی اثرات اپیستازی اسنیپ‌های مؤثر بر تشکیل دنبه

Table 3. Some epistasis effects of SNPs affecting the formation of fat-tail

شماره کروموزوم CHR Number	اسنیپ مورد بررسی Studied SNP	شماره کروموزوم اسنیپ مؤثر CHR Number of Effective SNP	اسنیپ مؤثر Effective SNP
1	OAR1_117122442.1	12	OAR12_69405277.1
1	OAR1_117122442.1	26	s60712.1
1	OAR1_117122442.1	14	OAR14_68716023.1
2	s08620.1	17	OAR17_22472527.1
2	s08620.1	3	OAR3_194949591.1
2	s08620.1	2	OAR2_195458281.1
3	OAR3_196245495.1	5	OAR5_89139276_X.1
3	OAR3_196245495.1	4	s42244.1
3	OAR3_196245495.1	16	OAR16_31612666.1
6	OAR6_42208195.1	6	OAR6_42282329.1
6	OAR6_42208195.1	6	OAR6_42528741.1
6	OAR6_42208195.1	10	OAR10_82991415.1
10	s35548.1	18	s25815.1
10	s35548.1	20	s58903.1
10	s35548.1	12	OAR12_25051954.1
15	s67246.1	17	OAR17_27677954.1
15	s67246.1	17	OAR17_68457670.1
15	s67246.1	17	s07643.1
18	OAR18_35456814.1	23	OAR23_12072551.1
18	OAR18_35456814.1	22	s21393.1
18	OAR18_35456814.1	25	OAR25_38993389_X.1

به‌دست آمده نشان می‌دهند که بررسی اپیستازی بیولوژیکی نیازمند مطالعه گسترده‌تری است، چرا که محدودیت‌هایی در منابع اطلاعاتی موجود در پایگاه‌های داده وجود دارند که می‌توانند بر نتایج تأثیر بگذارند.

تشکر و قدردانی

از معاونت محترم پژوهشی و فناوری دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان به خاطر حمایت مالی و معنوی تقدیر و تشکر می‌شود.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس تجزیه و تحلیل ساختار جمعیت با استفاده از GWAS، ۲۳ ژن و ۳۸۸۰ اینترکشن شناسایی شدند. ژن‌های NR1H4، SLC17A8، ANO4 و EXT2 به‌عنوان ژن‌های مؤثر بر رسوب چربی دنبه شناسایی شدند. با توجه به اهمیت لوکوس‌های مؤثر بر رسوب چربی دنبه، ارتباط میان جایگاه‌های ژنومی این ژن‌ها وجود داشت. همچنین، هفت اسنیپ مؤثر بر رسوب چربی دنبه شناسایی شدند که بیشترین اثر اپیستازی در اسنیپ S08620.1 واقع در کروموزوم ۲ مشاهده گردید. نتایج

References

Bakhtiarzadeh, M. R., & Alamouti, A. A. (2020). RNA-Seq based genetic variant discovery provides new insights into controlling fat deposition in the tail of sheep. *Scientific Reports*, 10(1), 13525.

- Bakhtiarizadeh, M. R., Salehi, A., Alamouti, A. A., Abdollahi-Arpanahi, R., & Salami, S. A. (2019). Deep transcriptome analysis using RNA-Seq suggests novel insights into molecular aspects of fat-tail metabolism in sheep. *Scientific Reports*, 9(1), 9203.
- Banerjee, P., Carmelo, V. A. O., & Kadarmideen, H. N. (2020). Genome-wide epistatic interaction networks affecting feed efficiency in duroc and landrace pigs. *Frontiers in Genetics*, 11, 121.
- Cordell, H. J. (2002). Epistasis: what it means, what it doesn't mean, and statistical methods to detect it in humans. *Human Molecular Genetics*, 11(20), 2463-2468.
- Dong, K., Yang, M., Han, J., Ma, Q., Han, J., Song, Z., ... & Jiang, L. (2020). Genomic analysis of worldwide sheep breeds reveals PDGFD as a major target of fat-tail selection in sheep. *BMC Genomics*, 21, 1-12.
- Eichler, E. E., Flint, J., Gibson, G., Kong, A., Leal, S. M., Moore, J. H., & Nadeau, J. H. (2010). Missing heritability and strategies for finding the underlying causes of complex disease. *Nature Reviews Genetics*, 11(6), 446-450.
- Frazer, K. A., Murray, S. S., Schork, N. J., & Topol, E. J. (2009). Human genetic variation and its contribution to complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 10(4), 241-251.
- Kim, K. H., Kim, J. Y., Lim, W. J., Jeong, S., Lee, H. Y., Cho, Y., ... & Kim, N. (2020). Genome-wide association and epistatic interactions of flowering time in soybean cultivar. *PloS One*, 15(1), e0228114.
- Manolio, T. A., Collins, F. S., Cox, N. J., Goldstein, D. B., Hindorff, L. A., Hunter, D. J., ... & Visscher, P. M. (2009). Finding the missing heritability of complex diseases. *Nature*, 461(7265), 747-753.
- Mirzapour, A., Hedayat, N., Khalkhali, R., Seyedsharifi, R., & Abdi, H. (2023). Genome-Wide Scan for Detection of Runs of Homozygosity in Iranian Indigenous Sheep Breeds. *Research on Animal Production*, 14(1), 121-130. doi:10.61186/rap.14.39.121 [In Persian]
- Mohammadi, H., & Shamsollahi, M. (2023). Genome Wide Association Study Based on Pathway Analysis Relate to Total Number of Lambs Born and First Lambing Age in Prolificacy Sheep. *Research on Animal Production*. 14(3), 70-79. doi:10.61186/rap.14.41.70 [In Persian]
- Moore, J. H., & Williams, S. M. (2005). Traversing the conceptual divide between biological and statistical epistasis: systems biology and a more modern synthesis. *Bioessays*, 27(6), 637-646.
- Moradi, M. H., Nejati-Javaremi, A., Moradi-Shahrababak, M., Dodds, K. G., & McEwan, J. C. (2012). Genomic scan of selective sweeps in thin and fat tail sheep breeds for identifying of candidate regions associated with fat deposition. *BMC Genetics*, 13, 1-15.
- Moradi, M. H., Nejati-Javaremi, A., Moradi-Shahrababak, M., Dodds, K. G., Brauning, R., & McEwan, J. C. (2022). Hitchhiking mapping of candidate regions associated with fat deposition in Iranian thin and fat tail sheep breeds suggests new insights into molecular aspects of fat tail selection. *Animals*, 12(11), 1423.
- Papp, B., & Pál, C. (2011). Systems biology of epistasis: Shedding light on genetic interaction network "hubs". *Cell Cycle*, 10(21), 3623-3624.
- Siemiatycki, J., & Thomas, D. C. (1981). Biological models and statistical interactions: an example from multistage carcinogenesis. *International Journal of Epidemiology*, 10(4), 383-387.
- Zhu, C., Li, N., Cheng, H., & Ma, Y. (2021). Genome wide association study for the identification of genes associated with tail fat deposition in Chinese sheep breeds. *Biology Open*, 10(5), bio054932.