



شناسایی واریانت‌های ژنی اسب کاسپین با استفاده از نسل جدید توالی‌یابی ژنوم با کارایی بالا

بابک عارف نژاد^۱، حمید کهرام^۲، محمد مرادی شهربابک^۳، ملک شاکری^۲، یانگ دونگ^۴، خیائولی ژانگ^۵، ون وانگ^۵، قاسم

حسینی سالکده^{۴*}

۱- دانشجوی دکتری فیزیولوژی دام - گروه علوم دامی - پردیس کرج - دانشگاه تهران

۲- استادیار گروه علوم دامی، پردیس کرج - دانشگاه تهران

۳- دانشیار گروه علوم دامی، پردیس کرج - دانشگاه تهران

۴- استادیار گروه ژنومیکس پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی - کرج

۵- انستیتو حیات وحش کانمینگ - آکادمی علوم چین

تاریخ دریافت: ۱۳۹۲/۱۱/۰۳، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۱۲/۰۹

چکیده

تکنیک‌های نوین توالی‌یابی با کارایی بالا به عنوان رهیافت نوینی در شناسایی واریانت‌های ژنتیکی و اطلاعات عملکردی در گونه‌های بسیاری از چمانگان قرار گرفته‌اند. اسب کاسپین با توجه به ویژگی‌های منحصر به فرد ژنتیکی و فنوتیپی خود، یکی از نژادهای مهم اسب در ایران و جهان است. از این رو، پژوهش حاضر به شناسایی واریانت‌های ژنتیکی چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی، حذف و اضافه‌های کوتاه و واریانت‌های تعداد در نسخه (CNV) در اسب کاسپین و بررسی نقش آن‌ها در فرآیندها و مسیرهای بیولوژیک ویژه پرداخته است. با استفاده از توالی‌یابی با کارایی بالا، ۱۰۸ Gb از DNA ژنومی سه مادین کاسپین با میانگین عمق ۴۵/۸ توالی‌یابی شدند. این توالی‌یابی با میانگین همپوشانی ۱۴/۴۱ کم و بیش ۷۶/۴ درصد از ژنوم رفرانس اسب را پوشش داد. با استفاده از فیلترینگ سختگیرانه ۱۶۶۶۷۱۷ چندشکلی تک نوکلئوتیدی، ۳۵۸۰۲۰ حذف و اضافه‌های کوتاه و CNV ۳۱۰۹ شناسایی شدند. کلاسترینگ عملکردی واریانت‌های ژنی اسب کاسپین نشان داد که بیشتر این واریانت‌ها در ژن‌های مرتبط با فرآیندهای سیستم عصبی، تنظیم و رارسانی فرسته‌های بیوشیمیایی مرتبط با گوانیدین تری فسفات، موفوزنز سلولی، سازمان‌بندی اسکلت سلولی، توسعه رگی، جنبایی سلولی و انتقال غشایی روی داده است. فزون بر این، واریانت‌های ساختاری ژنوم اسب کاسپین مانند اینورژن‌ها و جابه‌جا شدگی‌ها و نیز حذف و اضافه‌های بزرگ ژنومی که در این پژوهش شناسایی شدند، می‌توانند در طراحی نشانگرهای ژنتیکی برای کارهای اصلاح نژادی و نیز بررسی‌های جمعیتی سودمند واقع شوند.

واژه‌های کلیدی: توالی‌یابی با کارایی بالا، اسب کاسپین، واریانت ژنتیکی، مسیرهای بیولوژیک.

مقدمه

نژاد نشان می‌دهد (Hatami-Monazah and Pandit, 1979). به علت اندازه کم جمعیت در این اسب‌ها، تنوع ژنتیکی در این توده پایین است که این امر موجب کاهش شایستگی^۲ و افزایش همخونی^۳ در آنها شده است. از این‌رو، این اسب‌ها در دسته حیوانات در حال انقراض قرار می‌گیرند. بنابراین، سازوکارهای شناسایی گوناگونی ژنومیک (به ویژه در ژن‌های تولیدمثلی و نیز ژن‌های مرتبط با سازگاری) در بهبود شناخت بیشتر در سطح مولکولی و نیز به کارگیری روش‌های اصلاح مولکولی اهمیت ویژه‌ای در این نژاد دارند. (Shahsavarani and Rahimi-Mianji, 2012).

در دسترس بودن توالی‌های ژنومی دریچه‌ای بر تعیین ژنوتیپ با کارایی بالا و در مقیاس گسترده گشوده است. در آغاز، تکنولوژی‌های تعیین ژنوتیپ بر پایه ریزآرایه‌های DNA (که توانایی شناسایی SNPها را در سطح ژنوم دارند) گسترش یافتند. برکسی پوشیده نیست که این روش‌های تعیین ژنوتیپ، بازدهی شناسایی هزاران نشانگر را در یک فرآیند هیبریدسازی DNA ژنومیک با الیگونوکلیوتیدهای قرارگرفته شده روی Gene Chip بهبود بخشیده‌اند (Huang et al., 2009; Winzeler et al., 1998). هرچند که با این تکنیک، کم و بیش هدف بررسی نشانگرها در مقیاس گسترده محقق شده است، ولی همچنان روش‌های

اسب کاسپین یکی از کهن‌ترین نژادهای اسب در دنیا است که خاستگاه آن به بیش از ۳۰۰۰ سال پیش بر می‌گردد. گفته می‌شود که این نژاد جد اولیه همه اسب‌های خون‌گرم دنیا است و همانندی زیادی با اسب‌های عرب دارد. اسب‌های کاسپین نخستین بار در سال ۱۹۶۹ در شمال ایران شناخته و معرفی شدند (Firouz, 1969). لویس فیروز پس از کشف دوباره این اسب‌ها ویژگی‌های مورفولوژیک آنها را نزدیک به اسب‌های نگاره‌های پرسپولیس شرح داد. این اسب‌ها به غیر از ارتفاع بدن، همانند دیگر اسب‌ها هستند و تفاوت‌های آناتومیک ناچیزی با دیگر اسب‌ها دارند (Firouz, 1971; Firouz, 1972). بنابراین، این نژاد به علت کوتاهی قد به فرنام پونی^۱ نیز شناخته شده می‌شود ولی در برابری با دیگر نژادهای پونی در جهان که اسبانی با بدنی چاق و کوتاه و اندام‌های حرکتی قوی و زمخت و بدون تناسب اندام هستند، بی‌درنگ این اسب از این نوع نژاد مجزا شده و به اسب مینیاتوری معروف شده است (Firouz, 1972).

نرخ آبستنی در این اسب‌ها کمتر از ۴۰ درصد است و گفته می‌شود که از مهمترین مشکلات تولیدمثلی آنها نرخ تخم‌ریزی پایین در آنها است. در نریان‌ها نیز شمار اسپرم و جنبایی اسپرم پایین است که بازدهی پایین تولیدمثلی را در این

۱- Fitness

۲-Inbreeding

۱-Pony

در جمعیت‌های گوناگون یوکاریوت‌ها، چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP)^۱ و نیز واریانت‌های CNV^۲ در ژنوم از منابع مهم واریاسیون‌های ژنتیکی و فنوتیپی هستند. فزون بر این، چندشکلی‌های INDEL^۳ نیز کم و بیش فراوانند و در بروز صفات و فنوتیپ‌های گوناگون کنش‌های معنی‌داری دارند. با این وجود، به علت دشواری و بازدهی پایین آن‌ها در پلاتفورم‌های بر پایه تکنیک‌های ریزآرایه، تاکنون کمتر شناسایی و بررسی شده‌اند؛ ولی امکان بررسی همه جانبه و نیز نقشه‌یابی همه این‌گونه از واریانت‌ها با کمک تکنیک‌های جدید توالی‌یابی و تکامل دانش نوظهور بیوانفورماتیک فراهم شده است (Shao *et al.*, 2012).

تاکنون ژنوم‌های اسب‌های Quarter (Doan *et al.*, 2012)، اسب عرب، Icelandic Standardbred، Norwegian_Fjord، Przewalski، Thoroughbred (Orlando *et al.*, 2013) با استفاده از این تکنیک توالی‌یابی شده‌اند. با وجود اهمیت اسب‌های ایران به ویژه اسب کاسپین در ذخایر ژنتیکی اسب هیچ‌گونه پژوهشی روی ساختار ژنوم و واریانت‌های ژنومی آن‌ها انجام نشده بود. از این رو، پروژه حاضر آغازی بر این‌گونه بررسی‌ها در اسب‌های ایرانی است. هدف اصلی این پژوهش، تعیین ساختار ژنوم و نیز

بر پایه ریزآرایه DNA دارای محدودیت‌های جدی‌ای هستند. برای نمونه، طراحی، تولید و نیز همه فرآیند شناسایی نشانگرها با این تکنیک دشوار، زمان‌بر و پرهزینه است (Huang *et al.*, 2009).

نسل جدید تکنولوژی‌های توالی‌یابی همراه با توالی‌های در دسترس بیشماری از ژنوم‌های گوناگون، دست‌یافت تازه‌ای را برای طراحی دوباره استراتژی‌های تعیین ژنوتیپ، نقشه‌یابی ژنتیکی و نیز آنالیزهای ژنومی ارائه کرده است. تکنیک‌های جدید توالی‌یابی نه تنها کارایی و هم‌پوشانی توالی‌یابی را به گونه چشمگیری افزایش داده‌اند، بلکه امکان توالی‌یابی شمار زیادی از نمونه‌های زیستی را با استراتژی توالی‌یابی Multiplex فراهم کرده‌اند (Craig *et al.*, 2008; Cronn *et al.*, 2009; Huang *et al.*, 2009). روی هم رفته، این تکنیک‌ها در گسترش روش‌های تعیین ژنوتیپ در مقیاس گسترده و بر پایه توالی‌یابی ژنوم پیشرفت‌های روزافزونی داشته‌اند به گونه‌ای که هم‌پوشانی، صحت و دقت در نقشه‌یابی بسیار چشمگیر است و مقایسه‌های ژنوم و نقشه‌های ژنومی در میان ارگانیزم‌ها و جمعیت‌های گوناگون سنجش‌پذیرتر است. از این رو، این تکنیک‌ها فزون بر این‌که آنالیزهای ژنتیک با هدف شناسایی واریانت‌ها در مقیاس گسترده را به گونه‌ای چشمگیر آسان و کارآمدتر می‌کنند، پاسخ‌های دقیق‌تری به پرسش‌های بیولوژیک ارائه می‌کنند (Cronn *et al.*, 2008; Huang *et al.*, 2009).

۱-Single Nucleotide Polymorphism

۲-Copy Number Variant

۳-Insertion and Deletion

شناسایی واریانت‌های رایج در ژنوم اسب کاسپین و شناسایی مسیرهای بیولوژیک مرتبط با آن‌ها با کمک تکنیک‌های نوین توالی‌یابی بود.

سه دسته توالی منفرد، کولاپس شده و دو سویه پردازش شدند. در این فرآیند، همزمان با حذف بخش‌هایی از توالی که کیفیت خوانش پایینی داشتند توالی‌های دوسویه‌ای که دستکم در ۱۱bp با هم همپوشانی داشتند، کولاپس شدند و به عنوان یک توالی منفرد در نظر گرفته شدند. در بخش‌های کولاپس شده توالی‌های کوتاه، Phred Quality Score و نوکلئوتید مربوطه بر اساس بالاترین اسکور نگه‌داشته شدند. در مواردی که هیچ همپوشانی میان دو سوی خوانش توالی‌های کوتاه پیدا نشد، توالی جداگانه پردازش و بخش‌های با کیفیت خوانش پایین، نوکلئوتیدهای N و نیز توالی‌های آداپتوری از آن‌ها حذف شدند. پس از این فرآیند، توالی‌هایی که کمتر از ۲۵ نوکلئوتید طول داشتند حذف شدند.

هم‌ردیفی داده‌های به دست آمده از ژنوم اسب

کاسپین

پس از پالایش توالی‌های کوتاه ژنوم اسب کاسپین، فرآیند نقشه‌یابی آن‌ها با ۳۱ کروموزوم اتوزوم و کروموزوم X ژنوم فرانس اسب (<http://genome.ucsc.edu>) انجام شد. در این فرآیند، با استفاده از *BWA 0.5.9*^۱ (Langmead,)

مواد و روش‌ها

نمونه‌گیری و استخراج DNA از سلول‌های سفید خون

سه نمونه خون از مادبان‌های کاسپین در موسسه تحقیقات خجیر (پارک ملی خجیر-تهران) گرفته شدند. نمونه‌ها در فلاسک یخ به آزمایشگاه منتقل و بی‌درنگ پس از جداسازی سلول‌های سفید از قرمز خون، DNA با روش استخراج نمکی تغییر یافته استخراج و کیفیت و کمیت آن با کمک اسپکتروفتومتری و الکتروفورز با ژل آگاروز تعیین شد. برای ساخت DNA Library و تعیین توالی به انستیتوی

انستیتوی (BGI, Shenzhen, China) در چین فرستاده شدند. توالی‌یابی ژنوم اسب کاسپین با استفاده از پلاتفورم Illumina Hiseq2500 با اندازه ۳۰۰ bp و توالی‌یابی دو سویه انجام شد و داده‌های خام ژنومی که از توالی‌یابی به دست آمدند برای آنالیزهای بیوانفورماتیک پردازش شدند.

پیش‌پردازش توالی‌های کوتاه ژنومی

کنترل کیفی توالی‌های کوتاه ژنومی به دست آمده از توالی‌یابی اسب کاسپین با استفاده از

^۱-Burrow Wheeler Aligner

^۱-Beijing Genomics Institute

شدند. پس از شناسایی واریانت‌ها، SNPها با استفاده از فیلترینگ سخت‌گیرانه *GATK* برای *QualByDepth* کمتر از ۲، *FisherStrand* بیشتر از ۶۰، *RMSMappingQuality* کمتر از ۴۰، *HaplotypeScore* بیشتر از ۱۳، *MappingQualityRankSumTest* کمتر از ۱۲/۵ و *ReadPosRankSumTest* کمتر از ۸ فیلتر شدند. واریانت‌های *INDEL* نیز با استفاده از *Freebayes v-0.9.9* با الگوریتم بیزین در شناسایی واریانت‌ها استفاده شد (Garrison and Marth, 2012) و پس از آن برای *QualByDepth* کمتر از ۲، *FisherStrand* بیشتر از ۲۰۰ و *ReadPosRankSumTest* کمتر از ۲۰ فیلتر شدند. واریانت‌های *CNV* و *INDEL*های بزرگ نیز با استفاده از الگوریتم *BreakDancer* (Chen et al., 2009) و *CNVnator* (Abyzov et al., 2011) شناسایی و برای نواحی *Gap*های ژنوم، تلومریک و سانترومریک فیلتر شدند.

شناسایی اثر واریانت‌ها بر کنش ژن‌ها و کلاسترینگ عملکردی

برای شناسایی اثر واریانت‌ها بر کنش ژن‌ها و نیز مکان‌یابی واریانت در بخش‌های ساختاری ژن‌ها از نرم‌افزار *snpEff* (Cingolani et al., 2012) و *Annovar* (Wang et al., 2010) استفاده شد. در این فرآیند، ابتدا واریانت‌های به دست آمده از ژنوم اسب کاسپین با واریانت‌های شناخته شده در دیگر

(2002) پس از ایندکس سازی ژنوم فرانس، همه توالی‌های کوتاه با کمک این الگوریتم و تعیین پارامترهای مناسب با ژنوم ایندکس شده، هم‌ردیف شدند. توالی‌های منفرد و کولاپس شده با استفاده از *bwa samse* و توالی‌های کوتاه دو سویه با استفاده از *bwa sampe* هم‌ردیف شدند. پس از آن توالی‌های کوتاه مضاعف شده در *PCR* با استفاده از *MarkDuplicates* نرم‌افزار *Picard tools* نسخه 1.99 (<http://picard.sourceforge.net>) حذف شدند. در پایان فایل‌های *BAM* که برای هر دسته از توالی‌های کوتاه به دست آمدند با استفاده از *MergeSam* با یکدیگر ادغام شدند. تک فایل *BAM* به دست آمده برای افزایش صحت هم‌ردیفی و نیز شناسایی واریانت‌ها، با استفاده از الگوریتم *GATK* (McKenna et al., 2010)^۹ و بر اساس *INDEL*های شناخته شده اسب دوباره هم‌ردیف شدند.

شناسایی واریانت‌های ژنوم اسب کاسپین

در این فرآیند، پس از کالیبراسیون دوباره کیفیت خوانش توالی‌های کوتاه ژنومی بر اساس کواریت‌های *Read Group*، *Quality Score*، *Cycle* و *Dinucleotide*ها برای تک فایل *BAM* به دست آمده از گامه‌های پیشین، واریانت‌های *SNP* با استفاده از الگوریتم *GATK UnifiedGenotyper* به کمک *Queue* و اسکریپت *Scala* شناسایی

۹-Genome Analysis Toolkit

(۱۰۸ گیگا باز)، ۳۶۸۲۱۸۷۳۴ توالی کوتاه (۶۵/۹ گیگاباز) با ژنوم اسب هم‌ردیف شدند و میانگین همپوشانی توالی‌یابی ژنوم اسب کاسپین ۱۴/۴۱ و درصد همپوشانی با ژنوم فرانس ۶۸/۴ محاسبه شد. شکل ۱ همپوشانی توالی‌های کوتاه را در ژنوم اسب نشان می‌دهد.

شناسایی واریانتهای ژنتیکی

پس از هم‌ردیفی توالی‌های کوتاه به دست آمده از توالی‌یابی اسب کاسپین، واریانتهای SNP، INDEL و CNV آنالیز شدند. SNPها با معیارهای بسیار سخت‌گیرانه الگوریتم *GATK* فیلتر شدند و کمترین میزان همپوشانی ژنومی برای شناسایی SNP، ۵X در نظر گرفته شد. روی هم رفته، ۱۶۶۶۷۱۷ چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) در ژنوم سه مادیا کاسپین در مقایسه با ژنوم فرانس اسب شناسایی شد.

نژادهای اسب مقایسه و پس از آن اثر واریانتهای بر ژن‌ها بررسی شدند. برای بررسی *Gene ontology* و کلاسترینگ عملکردی ژن‌های دارای واریانتهای با اثر بالا بر کنش ژن‌ها، از *DAVID* (Dennis Jr et al., 2003) استفاده شد.

نتایج

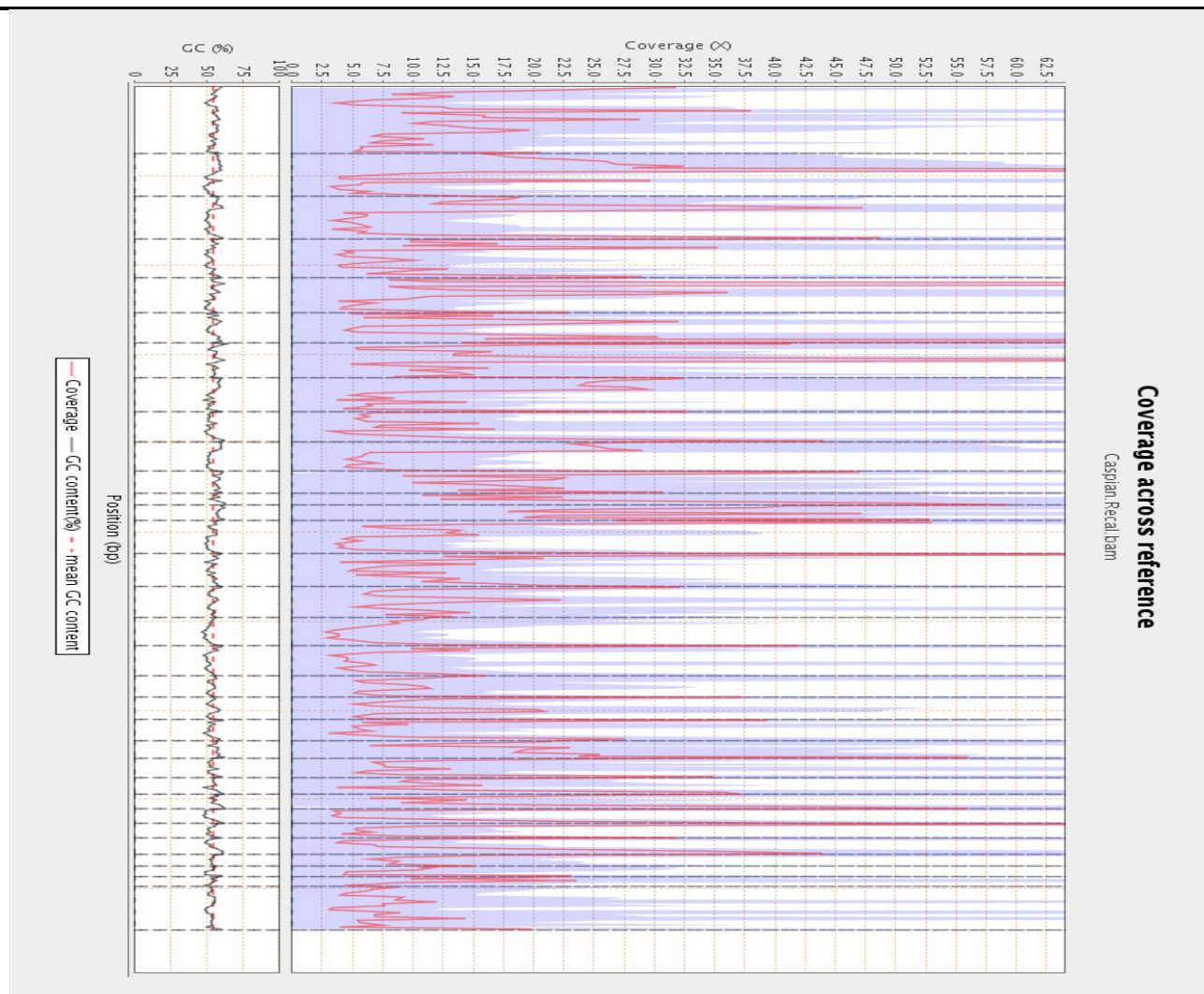
توالی‌یابی ژنوم و پیش‌پردازش داده‌های ژنومی اسب کاسپین

نتایج توالی‌یابی، نقشه‌یابی توالی‌های کوتاه و آنالیز قطعات ژنومی در جدول ۱ نشان داده شده است. در فرآیند توالی‌یابی روی هم رفته، ۷۱۸۸۵۹۸۱۳ توالی کوتاه با ۱۱۹ گیگا باز به دست آمد که پس از پالایش آن‌ها بر اساس کیفیت توالی‌های کوتاه به دست آمده از توالی‌یابی مونتاژهای اتوزومی و کروموزوم X ژنوم فرانس اسب (*equCab2*) نقشه‌یابی شدند. از ۶۰۶۸۱۰۰۱۵ توالی کوتاه به دست آمده از فرآیند پالایش کیفیت

جدول ۱- توالی‌های کوتاه تولید شده و نتایج کلی نقشه‌یابی با ژنوم رفرانس

Table1- Data summary of the Caspian horse genome resequencing and mapping reads to the reference genome.

روش	توالی‌های کوتاه	اندازه داده‌های		خوانش‌های		عمق	خوانش‌های	میانگین	درصد ژنوم
Method	Raw Reads	خام	عمق	فیلتر شده	اندازه داده‌های	پس از	نقشه‌یابی شده	عمق پوشش	نقشه‌یابی
		Raw Data Size (Gbp)	Depth	Filtered Reads	Filtered Data Size (Gbp)	فیلتر	Mapped Reads	Average of Depth of Coverage	شده
						Depth			% of Reference Mapped
100 PE	718,859,813	119	50.2	606,810,015	108	45.8	368,218,734	14.41	76.4



شکل ۱- همپوشانی توالی‌های کوتاه اسب کاسپین در طول ژنوم رفرانس اسب.

Figure 1- Coverage of short reads across horse reference genome.

جایگزینی‌های آمینواسیدی به آلانین/ترئونین (۴۳۸)، آلانین/والین (۳۴۸)، ایزولوسین/والین (۳۰۴) و گلوتامین/آسپاراژین (۳۵۴) اختصاص داشتند. از مجموع چند شکلی‌های شناسایی شده در نواحی ژنی ۳۶۱ چند شکلی با اثر تخریبی بالا، ۱۲۸۸۱ چند شکلی با اثر تخریبی متوسط و ۱۸۵۶۲ چند شکلی با اثر تخریبی کم در کنش ژن شناسایی شدند (جدول ۲).

با در نظر گرفتن فیلترینگ سخت‌گیرانه ۳۵۸۰۲۰ حذف و اضافه‌های (INDEL) کوتاه (کمتر از ۱۵bp) در ژنوم اسب کاسپین شناسایی شدند. روی هم رفته ۲۱۱۸۴۳ اضافه‌های نوکلئوتیدی و ۱۴۶۱۷۷ حذف‌های نوکلئوتیدی شناسایی شدند. بررسی اثر این حذف و اضافه‌های نوکلئوتیدی بر کنش ژن‌ها نشان داد که ۴۷۴۱ حذف و اضافه موجب تغییر الگوی نواحی رمزگردان ژنی می‌شوند در حالیکه ۳۱۴ حذف و اضافه اثر متوسطی بر کنش ژن هدف دارند. فزون بر این، ۱۳ حذف و اضافه موجب تغییر کدون آمینواسیدی به کدون پایانی در نواحی رمزگردان ژن‌های هدف خود می‌شوند (جدول ۲).

نتایج آزمون شناسایی CNV پس از تصحیح انحراف GC و فیلترینگ نواحی Gap ژنومی و تلومریک، شمار ۳۱۰۹ CNV را در ژنوم اسب کاسپین نشان داد که از این میان ۹۰۲ کم شدگی (Loss) و ۲۲۰۷ زیاد شدگی (gain) شناسایی شدند. اندازه CNV‌ها میان ۹۰۰bp تا ۲/۸۶ Mbp

گوناگونی SNP‌ها و INDEL‌ها در جدول ۲ ارایه شده‌اند. نرخ SNP برابر با ۱ چندشکلی در هر ۱۴۱۸ باز بود. شمار Transition برابر ۱۱۵۵۴۱۷ و شمار Transversion برابر ۵۱۲۹۸۶ بود که نسبت Transition/Transversion در اسب کاسپین ۲/۲۵۲۳ برآورد شد. از مقایسه چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی به دست آمده در این پژوهش با چند شکلی‌های موجود در پایگاه اطلاعاتی SNP (dbSNP, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP>) نشان داد که ۱۴۴۸۳۶۴ چند شکلی شناخته شده هستند و ۲۱۸۳۵۳ چند شکلی جدید هستند و تاکنون گزارش نشده‌اند. شمار ۱۱۲۸۲۱۶ چندشکلی تک نوکلئوتیدی در نواحی بین ژنی شناسایی شدند. چند شکلی‌های شناسایی شده در فرادست و فرودست نواحی ژنی تا ۵ کیلوباز فاصله با نواحی ژنی در نظر گرفته شدند. از همه چند شکلی‌های ژنی شناسایی شده در اسب کاسپین ۱۲۹۱۰ چند شکلی نامعنی^{۱۰} و ۱۸۳۳۷ چند شکلی هم‌معنی^{۱۱} شناسایی شدند. فزون بر این، ۷۳ چند شکلی بی‌معنی^{۱۲} شناسایی شد. جایگزینی‌های CCA/CCG با ۵۴۶ مورد و GCT/GCC با ۵۰۶ مورد بیشترین تغییرات کدون آمینواسیدی را در ژن‌های اسب کاسپین به وجود آورده‌اند. بیشترین شمار

۱-Non-Synonymous

۲-Synonymous

۳-Nonsense

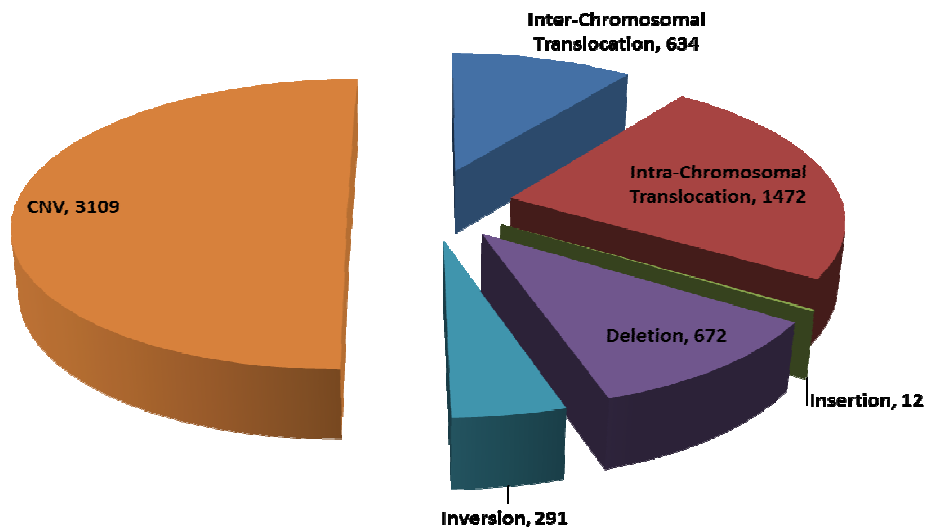
درون کروموزومی، ۶۷۲ حذف‌های بزرگ، ۱۲ اضافه‌های نوکلئوتیدی بزرگ و ۲۹۱ اینورژن در ژنوم اسب کاسپین در مقایسه با ژنوم فرانس اسب دیده شد (شکل ۲).

بود. آنالیز ژنی CNVها نشان داد که ۲۳۰۷ CNV در نواحی بین ژنی و بیشتر در نواحی ایترونی قرار دارند. فزون بر این، ۶۳۴ جابه‌جایی بین کروموزومی، ۱۴۷۲ جابه‌جایی

جدول ۲- Annotation چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی و حذف و اضافه‌های کوچک در اسب کاسپین.

Table 2- Annotations of SNPs and INDELS within Caspian horse genome.

	کل حذف و اضافه‌ها All INDELS	هموزایگوت‌ها Homozygous	هتروزیگوت‌ها Heterozygous	چندشکلی‌های جدید Novel SNPs	هموزایگوت‌ها Homozygous	هتروزیگوت‌ها Heterozygous	کل حذف و اضافه‌ها All INDELS	هموزایگوت‌ها Homozygous	هتروزیگوت‌ها Heterozygous	
Total	26,295	1,666,717	513,252	1,153,465	218,353	99,508	118,845	358,020	176,691	181,329
Intergenic	NA	1,128,216	349,371	778,845	146,065	66,723	79,342	247,983	121,446	126,539
UPSTREAM	20,027	109,273	35,367	73,908	12,925	5,761	7,164	29,456	18,978	10,478
DOWNSTREAM	17,827	119,379	36,673	82,706	12,951	5,685	7,266	22,573	12,426	10,147
GENIC	15,132	698,861	213,133	485,728	73,101	32,694	40,407	113,069	53,953	53,882
INTRON	14,301	661,886	201,184	460,702	69,071	31,282	37,789	104,824	51,486	53,338
UTR_5_PRIME	1,097	1,755	792	963	84	39	45	874	804	70
UTR_3_PRIME	1,066	1,623	543	1,080	200	98	102	426	258	168
Splice region variant	197	259	145	114	18	11	7	1154	1,102	52
EXON	9,684	32,171	10,042	22,129	3,600	1,202	2,398	5,234	.	.
Non coding exon variant	409	851	336	515	103	55	48	544	300	244
Start gained	186	225	69	156	17	4	13	0	0	0
Stop gained	64	73	15	58	5	1	4	13	3	10
Stop lost	5	8	5	3	2	2	0	0	0	0
Stop retained variant	8	10	2	8	1	0	1	NA	NA	NA
Functional Classes										
MISSENSE	5,578	12,910	4,525	8,385	1,128	481	647	NA	NA	NA
NONSENSE		73	15	58	6	2	4	NA	NA	NA
SILENT	7,041	18,337	5,166	13,171	1,729	743	986	NA	NA	NA
Impact										
HIGH		361	177	184	28	11	17	4,741	3,814	927
LOW		18,562	5,236	13,326	1,748	749	999	NA	NA	NA
MODERATE		12,881	4,507	8,374	1,123	478	645	314	69	245
MODIFIER		2,040,360	629,970	1,410,390	215,935	117,505	98,430	355,032	174,638	180,394



شکل ۲- واریانتهای ساختاری در اسب کاسپین.

Figure 2- Structural variants in the Caspian horse genome.

نامعنی در اسب کاسپین با FDR^{13} کمتر از ۱ درصد در ژنهای مسیرهای بیولوژیک مرتبط با فرآیندهای سیستم عصبی، تنظیم و رارسانی سیگنال مرتبط با GTP، مورفوژنز سلولی، سازمانبندی اسکلت سلولی، توسعه رگی، جنبایی سلولی، سگنالینگ سلول-سلول، انتقال غشایی، فرآیندهای متابولیک RNAهای غیررمزگردان، تنظیم حرکت سلولی، تنظیم تولید سایتوکاینها، تشخیص محرکها، تنظیم ترشح، کاتابولیسم لیپیدها، تنظیم مثبت پاسخ به محرکها، فرآیندهای هومیوستاتیک و تکامل مغز پیشین نقش دارند (جدول ۳). فزون بر این، چند شکلیهای حذف و اضافه با FDR کمتر از ۱ درصد، بیشتر در مسیرهای بیولوژیک مرتبط با

آنالیز کلاسترینگ عملکردی و Gene Ontology آنالیز عملکردی و کلاسترینگ ژنهای دارای واریانتهای با اثر مخرب مسیرهای بیولوژیک مرتبط با واریانتهای ژنتیکی را نشان می‌دهد. هرچند اطلاعات مسیرهای بیولوژیک و Gene Ontology برای ژنهای اسب هنوز تکمیل نشده‌اند. از این رو، با استفاده از اورتولوگهای انسانی مرتبط با ژنهای اسب، آنالیزهای عملکردی مرتبط با چندشکلیهای تک‌نوکلئوتیدی بررسی شدند. از میان ۵۵۷۸ ژن دارای چند شکلی نامعنی، شمار ۵۶۶۵ ژن دارای اورتولوگ انسانی بودند و از این میان ۵۰۷۳ ژن دارای رکورد DAVID بودند. آنالیز کلاسترینگ نشان داد که چند شکلیهای

^۱-False Discovery Rate

تنظیم فرآیند رونویسی، متابولیسم فسفر، چسبندگی سلولی، حرکت سلولی، تمایز نرون‌ها، سازمان‌بندی اسکلت سلولی، تکامل جنینی، چرخه سلولی، متابولیسم ماکرومولکول‌ها، تمایز رگی، تمایز اندام جنینی، فرآیندهای مرتبط با فیلامنت‌های حدواسط، اندوسیتوز، تنظیم حرکت و مهاجرت سلول درگیر هستند. فزون بر چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی نامعنی و حذف و اضافه‌های کوچک، آنالیز Gene Ontology برای ژن‌های دارای واریانت‌های با آثار بالا بر کنش و ساختار ژن نشان داد که این ژن‌ها در مسیرهای بیولوژیک مرتبط با پاسخ ایمنی و انتقال یونی نقش دارند (شکل ۳).

بحث

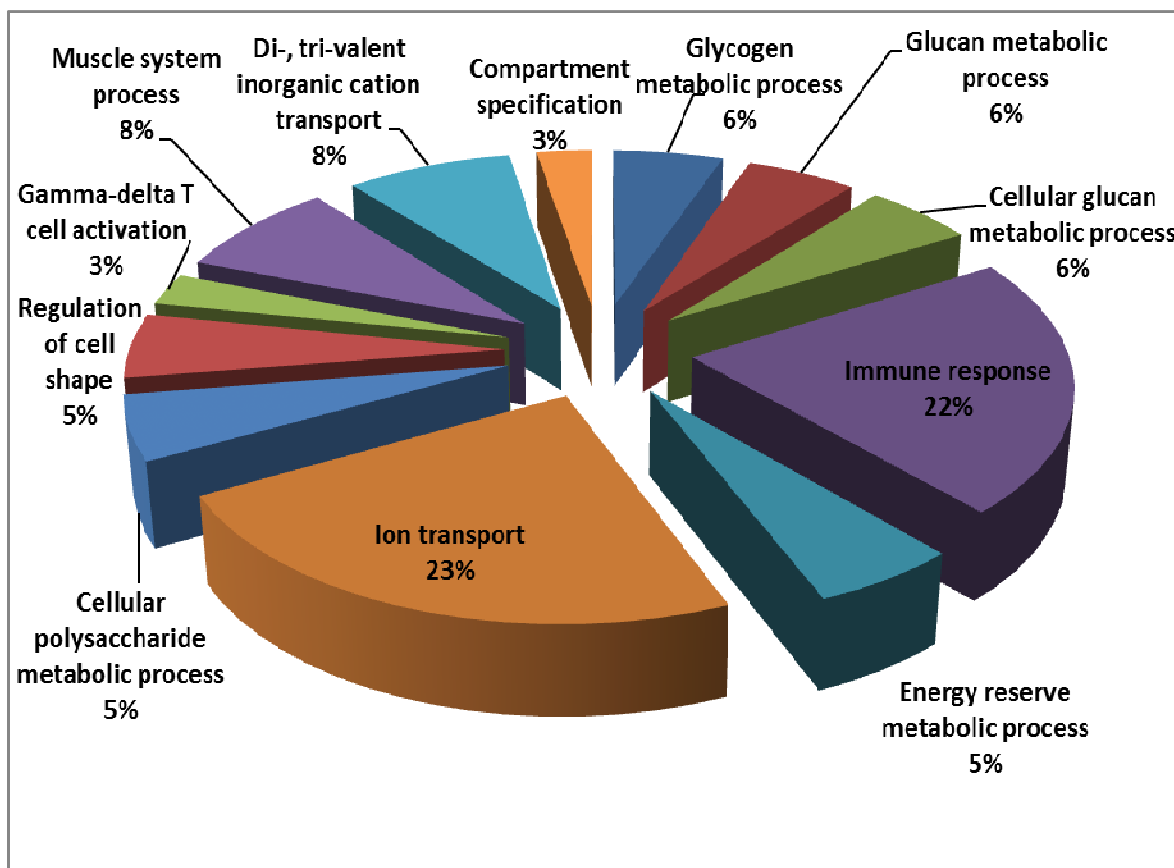
توالی‌یابی و مونتاژ ژنوم اسب یکی از دستاوردهای مهم است که کاربرد گسترده‌ای در بهبود عملکرد و سلامت حیوان و نیز درک بیشتر تفاوت‌های تکاملی و مولکولی با دیگر پستانداران دارد. تاکنون ژنوم اسب نژادهای Thoroughbred (Doan et al., Quarter و Wade et al., 2009) (2013) عرب (Orlando et al., 2013)، Icelandic Standardbred (Orlando et al., 2013) (Orlando et al., 2013) Przewalskii (Orlando et al., 2013) و Norwegian Fjord (Orlando et al., 2013) (et al., 2013) توالی‌یابی شده و در دسترس‌اند. شمار

کل واریاسیون‌های ژنتیکی که تاکنون در اسب شناسایی شده‌اند نزدیک ۳ میلیون SNP است؛ که از میان بیشتر واریاسیون‌های شناخته شده اسب (۶۴ درصد) از نریان Thoroughbred توالی‌یابی و مونتاژ شده به دست آمده است (Doan et al., 2012). با وجود اینکه گفته می‌شود اسب کاسپین از کهن‌ترین اسب‌های اهلی دنیاست و جد اسب‌های اورینتال خاورمیانه است ولی پژوهشی برای شناخت ساختار ژنوم و نیز واریانت‌های ژنومیک این اسب‌ها انجام نگرفته بود. پژوهش حاضر نخستین تلاش برای شناسایی ژنومیک اسب کاسپین با استفاده از تکنیک‌های نوین توالی‌یابی با کارایی بالا است که توانسته است نزدیک ۷۲ درصد از ژنوم اسب کاسپین و واریانت‌های آن را رونمایی کند. در ابتدای امر، با وجود عمق توالی‌یابی و شمار زیادی توالی کوتاه که در فرآیند توالی‌یابی اسب کاسپین به دست آمد پیش‌بینی می‌شد که بخش قابل توجهی از ژنوم اسب کاسپین پوشش داده شود ولی پس از نقشه‌یابی توالی‌های کوتاه با ژنوم فرانس اسب دیده شد که ۵۵۸۵۰۷۷۸۹ نوکلئوتید از ۲۳۶۷۰۵۳۴۴۷ نوکلئوتید ژنوم هیچ هم‌پوشانی با توالی‌های کوتاه ندارند. از این رو، بررسی بیشتر ساختار ژنوم اسب کاسپین با استفاده از *De novo* Assembly توالی‌های کوتاه نقشه‌یابی نشده با ژنوم فرانس بایسته می‌نماید.

جدول ۳- آنالیز کلاسترینگ عملکردی ژن‌های دارای واریانت‌های تک نوکلئوتیدی و واریانت‌های حذف و اضافه در اسب کاسپین.

Table 3- Functional Clustering Analysis of the genes containing SNPs and INDEL variants.

	کلاستر Cluster	اسکورد Enrichment Score	عبارت فرآیند بیولوژیک Enrichment Term	تعداد Count	درصد %	Ease Source p-Value	FDR
جندگلی تک نوکلئوتیدی نامترادف Missense SNPs	1	45.1	neurological system process	363	22.00	2.67E-68	5.01E-65
	2	17.88	regulation of small GTPase mediated signal transduction	95	5.76	3.65E-25	6.84E-22
	3	15.33	cell morphogenesis	115	6.97	9.53E-24	1.79E-20
	4	14.89	cytoskeleton organization	145	8.79	2.21E-31	4.14E-28
	5	11.95	vasculature development	78	4.73	3.71E-15	6.87E-12
	6	10.95	cell motion	123	7.45	2.32E-16	4.22E-13
	7	10.13	cell-cell signaling	136	8.24	3.55E-13	6.65E-10
	8	8.76	transmembrane transport	176	10.67	1.28E-33	2.39E-30
	9	7.82	ncRNA metabolic process	73	4.42	9.24E-15	1.73E-11
	10	7.78	steroid metabolic process	53	3.21	8.79E-08	1.65E-04
	11	7.32	defense response	118	7.15	4.11E-07	7.70E-04
	12	5.19	tRNA metabolic process	44	2.67	8.96E-12	1.68E-08
	13	4.81	regulation of cell motion	52	3.15	4.70E-08	8.82E-05
	14	4.66	regulation of cytokine production	41	2.48	1.18E-04	0.221864
	15	4.38	detection of stimulus	43	2.61	3.76E-11	7.06E-08
حذف و افزاینده‌های کوتاه INDELs	1	33.23	regulation of transcription	523	32.26	4.23E-41	7.88E-38
	2	12.64	phosphorus metabolic process	195	12.03	9.34E-14	1.74E-10
	3	10.96	cell adhesion	156	9.62	4.91E-15	9.10E-12
	4	8.43	cell motion	109	6.72	1.59E-11	2.96E-08
	5	7.73	neuron differentiation	106	6.54	9.84E-13	1.83E-09
	6	7.51	cytoskeleton organization	105	6.48	1.76E-12	3.29E-09
	7	6.71	chordate embryonic development	76	4.69	2.50E-08	4.66E-05
	8	6.62	positive regulation of macromolecule metabolic process	157	9.69	2.86E-08	5.33E-05
	9	6.45	cell cycle process	125	7.71	6.08E-12	1.13E-08
	10	6.32	pattern specification process	66	4.07	1.18E-08	2.20E-05
	11	6.29	regulation of small GTPase mediated signal transduction	72	4.44	1.88E-12	3.50E-09
	12	6.18	negative regulation of macromolecule metabolic process	143	8.82	2.26E-09	4.21E-06
	13	6.12	macromolecule catabolic process	151	9.32	1.30E-09	2.41E-06
	14	5.3	blood vessel development	60	3.70	8.37E-08	1.56E-04
	15	5.08	embryonic organ development	45	2.78	6.26E-07	0.001167



شکل ۳- آنالیز Gene Ontology برای ژن‌های دارای واریانت‌های تک‌نوکلئوتیدی با اثر بالا بر کنش ژن.

Figure3- Gene ontology analysis of the genes containing single nucleotide polymorphisms with high impact on function of the genes.

در اسب کاسپین با دیگر ژنوم‌های اسب در پژوهش‌های پیشین موثر بوده، ساختار منحصر به فرد ژنوم اسب کاسپین است. بی‌شک، بررسی‌های بیشتر داده‌های این پژوهش با الگوریتم‌های فیلوژنتیک ژنومیک پرده از روابط فیلوژنتیک این اسب با دیگر نژادهای اسب ارایه خواهد کرد.

نتایج کلاسترینگ عملکردی غنی بودن واریانت‌ها در ژن‌های مربوط به توسعه نورولوژیک و نیز ادراک حسی در اسب کاسپین را به روشنی نشان داد. شاید بتوان خوی آرام و هوش این اسبان

هرچند در پژوهش‌های مستقل (Doan *et al.*, 2012) و (Orlando *et al.*, 2013) شمار چندشکلی‌های شناسایی شده در هر نژاد از اسب‌ها بیش از ۳ میلیون بوده است ولی در این پژوهش شمار چندشکلی‌های شناسایی شده در ژنوم اسب کاسپین روی هم رفته ۱۶۶۶۷۱۷ بود. مهمترین علت این امر استفاده از الگوریتم‌های با صحت بالاتر و فیلترینگ بسیار شدیدتر روی شناسایی واریانت‌ها بوده است. علت دیگری که احتمالاً در بروز تفاوت در شمار واریانت‌های شناسایی شده

حال انقراض توجهی ویژه (با رویکرد ژنتیکی نوین) پیدا کنند.

سپاسگزاری

این پژوهش با حمایت مالی آکادمی علوم چین انجام شده است. فزون بر این، آنالیزهای ژنومیک و دسترسی به منابع موردنیاز در اجرای این پژوهش با همکاری پژوهشگرده رویان صورت پذیرفته است. از این رو، مجریان و همکاران مراتب سپاس و قدردانی خود را از این دو پژوهشگاه اعلام می‌دارند.

را به تنوع ژنتیکی در این دسته از ژن‌ها ارتباط داد؛ هرچند که این بیان بیشتر پایه حدس و گمان دارد و برای روشن شدن نقش دقیق‌تر واریانت این ژن‌ها در فنوتیپ ذکر شده به بررسی‌های ژنتیک جمعیتی با استفاده از ریزآرایه‌های DNA در جمعیت اسبان کاسپین در آینده نیاز است.

از دیگر دست‌آوردهای این پژوهش، شناسایی واریانت‌های ساختاری ژنوم اسب کاسپین است که با توجه با اهمیتی که این واریانت‌ها در طراحی نشانگرهای ژنومیک در بررسی‌های ژنتیک و کارهای اصلاحی در این نژاد کهن اسب ایرانی دارد، امید است که پژوهش‌های آینده به این نژاد در

منابع

- Abyzov A, Urban AE, Snyder M, Gerstein M (2011). CNVnator: an approach to discover, genotype, and characterize typical and atypical CNVs from family and population genome sequencing. *Genome Research* 21: 974-984.
- Andrews S (2012). FASTQC. A quality control tool for high throughput sequence data. URL <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>.
- Chen K, Wallis JW, McLellan MD, Larson DE, Kalicki JM, Pohl CS, McGrath SD, Wendl MC, Zhang Q, Locke DP (2009). BreakDancer: an algorithm for high-resolution mapping of genomic structural variation. *Nature Methods* 6: 677-681.
- Cingolani P, Platts A, Coon M, Nguyen T, Wang L, Land SJ, Lu X, Ruden DM (2012). A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff: SNPs in the genome of *Drosophila melanogaster* strain w1118; iso-2; iso-3. *Fly* 6: 80-92.
- Craig DW, Pearson JV, Szelinger S, Sekar A, Redman M, Corneveaux JJ, Pawlowski TL, Laub T, Nunn G, Stephan DA (2008). Identification of genetic variants using bar-coded multiplexed sequencing. *Nature Methods* 5: 887-893.
- Cronn R, Liston A, Parks M, Gernandt DS, Shen R, Mockler T (2008). Multiplex sequencing of plant chloroplast genomes using Solexa sequencing-by-synthesis technology. *Nucleic Acids Research* 36: e122-e122.
- Dennis Jr G, Sherman BT, Hosack DA, Yang J, Gao W, Lane HC, Lempicki RA (2003). DAVID: database for annotation, visualization, and integrated discovery. *Genome Biology* 4: P3.
- Doan R, Cohen ND, Sawyer J, Ghaffari N, Johnson CD, Dindot SV (2012). Whole-Genome sequencing and genetic variant analysis of a quarter Horse mare. *BMC Genomics* 13: 78.
- Firouz L (1969). Conservation of a domestic breed. *Biological Conservation* 2: 53-54.

- Firouz L (1971). Osteological and historical implication of the Caspian pony to early domestication in Iran. Proc 3rd Int Congr Agricultural Museum, Budapest: 1-5.
- Firouz L (1972). The Caspian miniature horse of Iran. Field Research Projects, Florida, USA,
- Garrison E, Marth G (2012). Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. arXiv preprint arXiv:12073907.
- Hatami-Monazah H, Pandit RV (1979). A cytogenetic study of the Caspian pony. Journal of Reproduction and Fertility 57: 331-333.
- Huang X, Feng Q, Qian Q, Zhao Q, Wang L, Wang A, Guan J, Fan D, Weng Q, Huang T (2009). High-throughput genotyping by whole-genome resequencing. Genome Research 19: 1068-1076.
- Langmead B (2002). Aligning Short Sequencing Reads with Bowtie. Current Protocols in Bioinformatics: John Wiley & Sons, Inc.
- Lindgreen S (2012). AdapterRemoval: easy cleaning of next-generation sequencing reads. BMC Research Notes 5: 337.
- McKenna A, Hanna M, Banks E, Sivachenko A, Cibulskis K, Kernytsky A, Garimella K, Altshuler D, Gabriel S, Daly M (2010). The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. Genome Research 20: 1297-1303.
- Orlando L, Ginolhac A, Zhang G, Froese D, Albrechtsen A, Stiller M, Schubert M, Cappellini E, Petersen B, Moltke I (2013). Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. Nature 499: 74-81
- Shahsavarani H, Rahimi-Mianji G (2012). Analysis of genetic diversity and estimation of inbreeding coefficient within Caspian horse population using microsatellite markers. African Journal of Biotechnology 9: 293-299
- Shao H, Bellos E, Yin H, Liu X, Zou J, Li Y, Wang J, Coin LJM (2012). A population model for genotyping indels from next-generation sequence data. Nucleic acids research 41: e46-e46.
- Wade CM, Giulotto E, Sigurdsson S, Zoli M, Gnerre S, Imsland F, Lear TL, Adelson DL, Bailey E, Bellone RR, Blaxter H, Distl O, Edgar RC, Garber M, Leeb T, Mauceli E, MacLeod JN, Penedo MCT, Raison JM, Sharpe T, Vogel J, Andersson L, Antczak DF, Biagi T, Binns MM, Chowdhary BP, Coleman SJ, Della Valle G, Fryc S, Guérin G, Hasegawa T, Hill EW, Jurka J, Kiialainen A, Lindgren G, Liu J, Magnani E, Mickelson JR, Murray J, Nergadze SG, Onofrio R, Pedroni S, Piras MF, Raudsepp T, Rocchi M, Røed KH, Ryder OA, Searle S, Skow L, Swinburne JE, Syvänen AC, Tozaki T, Valberg SJ, Vaudin M, White JR, Zody MC, Broad Institute Genome Sequencing P, Broad Institute Whole Genome Assembly T, Lander ES, Lindblad-Toh K (2009). Genome Sequence, Comparative Analysis, and Population Genetics of the Domestic Horse. Science 326: 865-867.
- Wang K, Li M, Hakonarson H (2010). ANNOVAR: functional annotation of genetic variants from high-throughput sequencing data. Nucleic Acids Research 38: e164-e164.
- Winzeler EA, Richards DR, Conway AR, Goldstein AL, Kalman S, McCullough MJ, McCusker JH, Stevens DA, Wodicka L, Lockhart DJ (1998). Direct allelic variation scanning of the yeast genome. Science 281: 1194-1197.

Genic Variant Detection of Caspian Horse Using High-throughput Sequencing Technology

Arefnezhad B.¹, Kohram H.¹, Moradi Shahre-Babak M.¹, Shakeri M.¹, Dong Y.⁵, Zhang X.⁵, Wang W.⁵, Hoseini Salekdeh Gh.^{*4}

¹Department of Animal Science, University of Tehran, Karaj, Iran.

² State Key Laboratory of Genetic Resources and Evolution, Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming, China.

³Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.

Abstract

Recently, new advanced high-throughput sequencing technology as a novel tool has opened the way to study of genomic variants and functional information stored within farm animals. The Caspian horse is one of the valuable horses ever exist in the world. Hence, propose of this study was to investigate genetic variants of single nucleotide polymorphisms, insertion and deletions and copy number variations within the genome of Caspian horse and their involved biological pathways. Using high-throughput sequencing technology, we generated 108 Gb (Average depth of 45.8) of DNA sequence from three Caspian horse mares resulting in an average of 14.41X coverage and 76.4% covered with reference genome. Using a stringent filtering method, we identified 1666717 single nucleotide polymorphisms, 358020 insertion and deletions, and 3109 copy number variations. Functional clustering analysis of genic variants revealed that most of the genetic variants in the Caspian horse's genome were enriched in nervous system, GTP-related signal transduction, cellular morphogenesis, cytoskeleton organization, vascular development and cellular movement. Moreover, we have detected structural variations as like as inversion, intra- and inter-chromosomal translocations, large insertion and deletions which could be useful for marker based population genetic investigation.

Keywords, *High-throughput sequencing, Caspian horse, Genic variants, Biological pathways.*

*Corresponding Author: Kohram H, Hoseini Salekdeh Gh. Tel: 02632248082 Email: hamid.kohram@yahoo.com, hsalekdeh@yahoo.com