



Χαρακτηρισμός της γενετικής δομής και καταγωγής των ελληνικών φυλών προβάτων με χρήση της μικροσυστοιχίας OvineSNP50 GenotypingBeadChip

ΤΣΑΡΤΣΙΑΝΙΔΟΥ Βαλεντίνα^{1,2}, ΓΚΑΓΚΑΒΟΥΖΗΣ Κωνσταντίνος^{1,2}, ΤΣΑΛΚΙΤΖΙΔΟΥ Μαρία¹, ΜΟΥΛΙΣΤΑΝΟΣ Αριστοτέλης^{1,2}, ΚΑΡΑΪΣΚΟΥ Νικολέτα^{1,2}, ΒΟΥΡΑΚΗ Σωτηρία¹, ΑΡΓΥΡΙΑΔΟΥ Αγγελική¹, ΜΠΑΝΟΣ Γεώργιος^{1,3}, ΧΑΤΖΗΠΛΗΣ Δημήτρης⁴, ΑΡΣΕΝΟΣ Γεώργιος¹, ΤΡΙΑΝΤΑΦΥΛΛΙΔΗΣ Αλέξανδρος^{1,2}



Θεσσαλονίκη
9-11 Δεκεμβρίου 2022



Σκοπός της μελέτης

Η Ελλάδα αποτελεί πλούσια δεξαμενή γενετικών πόρων στα παραγωγικά είδη ζώων και ειδικότερα τα μικρά μηρυκαστικά (Mason 1967)

Πολλές φυλές προβάτων έχουν μελετηθεί σε παγκόσμια κλίμακα (Kijas et al. 2012, Cianni et al. 2020)

Οι ελληνικές αυτόχθονες φυλές δεν έχουν χαρακτηριστεί ευρέως σε γενετικό επίπεδο

Σκοπός
5 ελληνικές φυλές
Γενετικές σχέσεις σε παγκόσμιο επίπεδο - Ευρώπη, Ασία
Γενετικές σχέσεις σε τοπικό επίπεδο



Μεθοδολογία

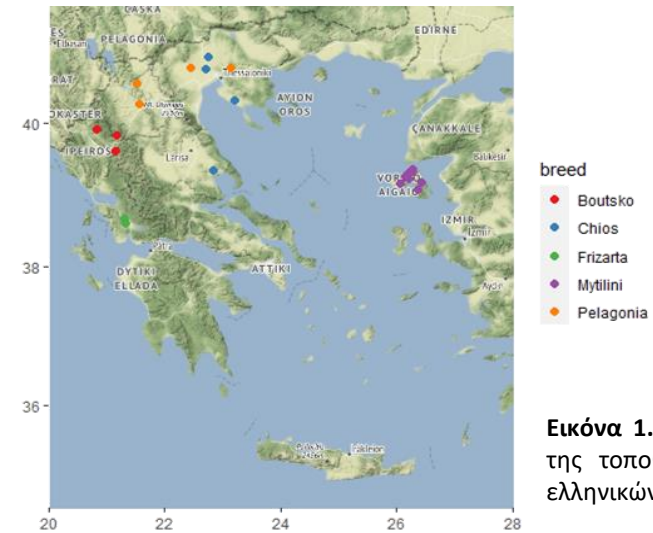
1.008 δείγματα προβάτου από 5 ελληνικές φυλές: Χίου=173, Φριζάρτα=367, Μπούτσσκο=300, Μυτιλήνης=108, Πελαγονίας=60 (Εικόνα 1)

Γονοτύπηση 52.152 SNP δεικτών με την DNA μικροσυστοιχία OvineSNP50 Genotyping BeadChip v2 (Illumina, Inc., U.S.)

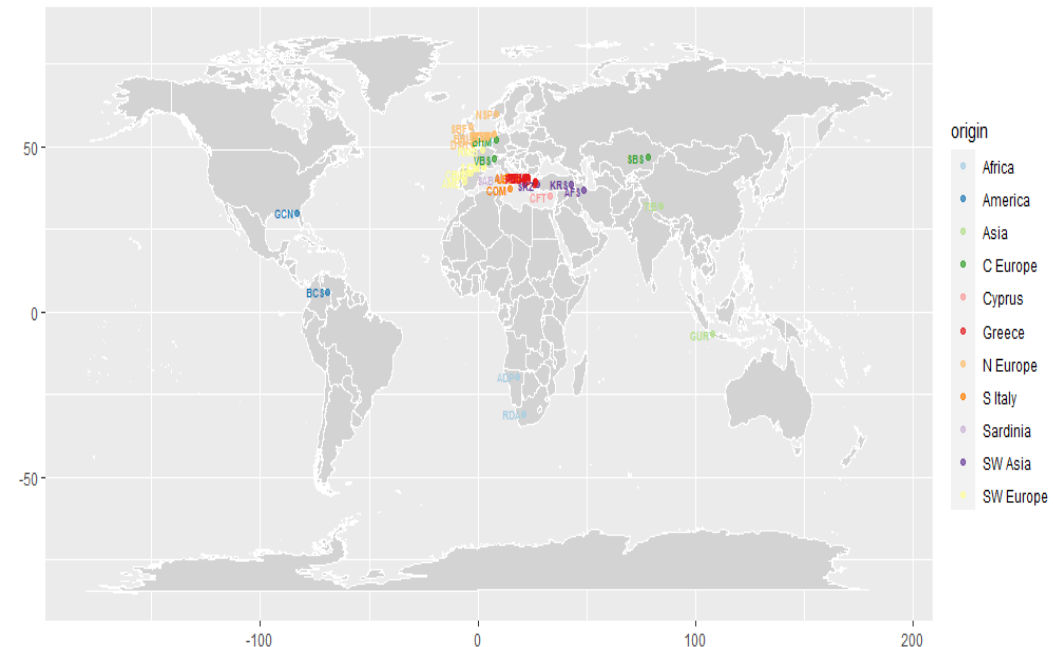
Ενιαία γενετική βάση δεδομένων με 2.036 γονοτύπους από 38 φυλές προβάτων παγκόσμιας εξάπλωσης - Sheep HarMap Project (Εικόνα 2)

Ποιοτικός έλεγχος και επιλογή αντιπροσωπευτικού δείγματος (46.275 SNPs, 30 άτομα/φυλή) (plink v1.9, RStudio)

Ανάλυση κύριων συνιστωσών - PCA και Ανάλυση προσμίξεων - model-based ancestry (Gemma, Admixture v1.3.0)



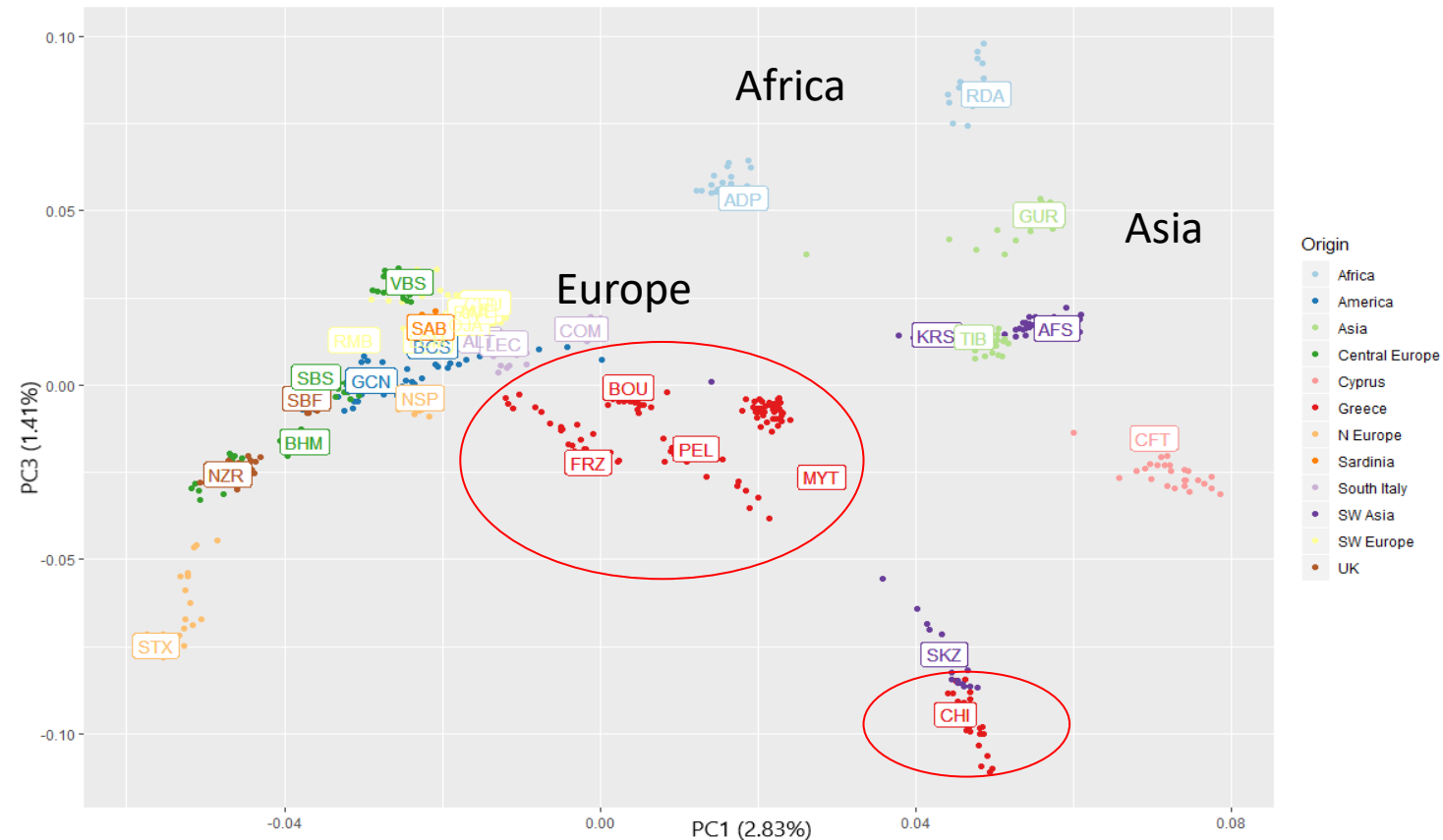
Εικόνα 1. Γεωγραφικές συντεταγμένες της τοποθεσίας δειγματοληψίας των ελληνικών φυλών προβάτου.



Εικόνα 2. Γεωγραφικές συντεταγμένες της τοποθεσίας δειγματοληψίας των μελετώμενων παγκόσμιων και ελληνικών φυλών προβάτου.

Γενετική δομή των παγκόσμιων φυλών προβάτου

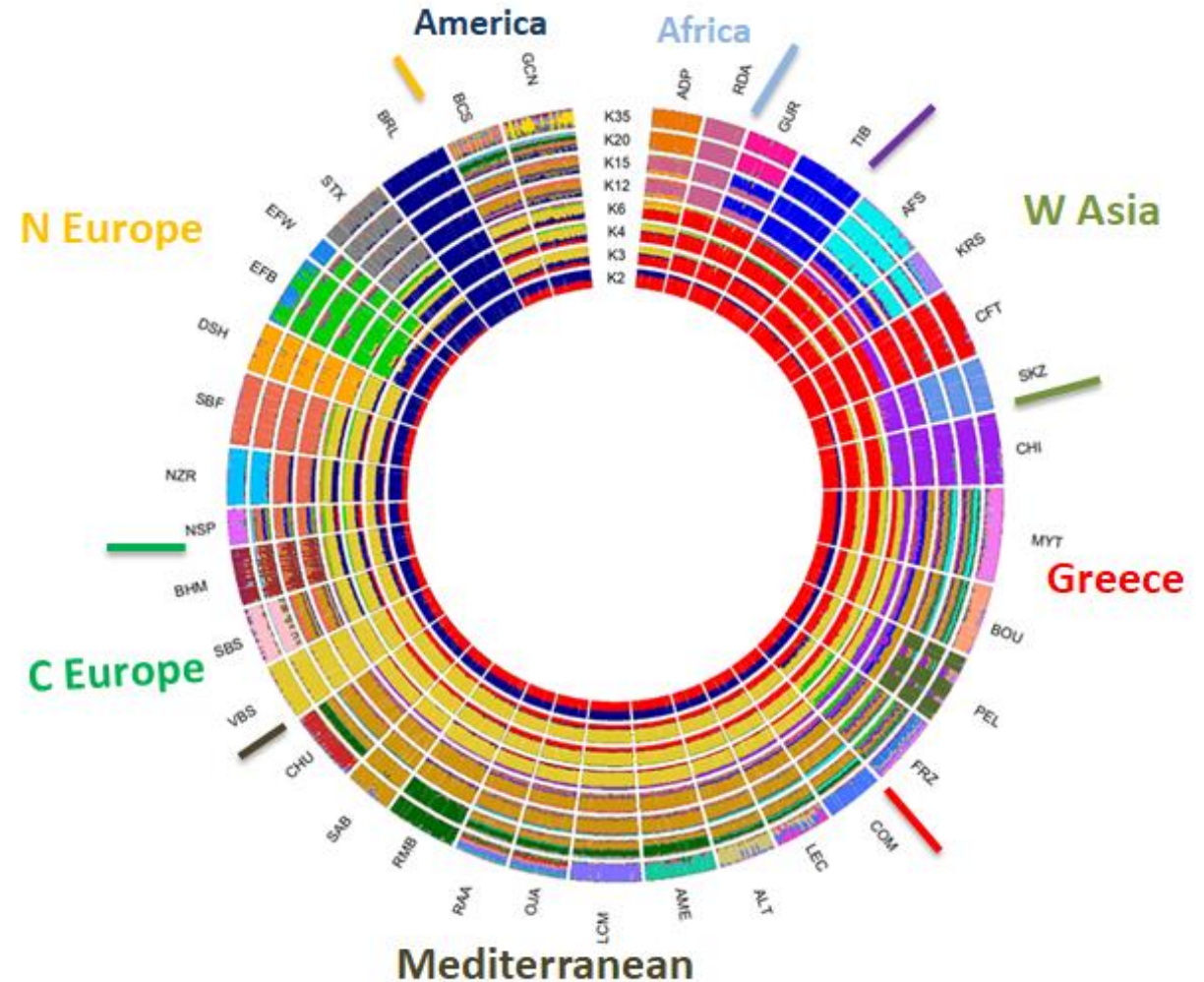
- Ομαδοποίηση των φυλών με βάση την γεωγραφική προέλευσή τους (Εικόνα 3), όπως έχει διαπιστωθεί και σε προηγούμενες μελέτες (Kijas et al. 2012, Naval-Sanchez et al. 2018).
- Η πρώτη κύρια συνιστώσα (PC1) υποδεικνύει μία γεωγραφική διαβάθμιση με κατεύθυνση από την Ανατολή (Ασία) προς τη Δύση (Ευρώπη).
- Η τρίτη κύρια συνιστώσα (PC3) διαχωρίζει τις Αφρικανικές από τις Ευρωπαϊκές και Ασιατικές φυλές καθώς και την Νότια Ευρώπη από την Βόρεια Ευρώπη.
- Οι ελληνικές φυλές (BOU, MYT, FRZ, PEL) καταλαμβάνουν μία κεντρική, διακριτή θέση ανάμεσα στις Ασιατικές, Ευρωπαϊκές και Αφρικανικές φυλές με εξαίρεση της φυλή της Χίου (CHI).
- Η θέση αυτή υποδεικνύει πως οι ελληνικές φυλές αποτελούν τον γεωγραφικό κρίκο ο οποίος συνδέει γενετικά την Ασία με την Ευρώπη μέσω των διαδοχικών κυμάτων διασποράς που έχουν συμβεί στο παρελθόν (Chessa et al. 2009, Deng et al. 2020).



Εικόνα 3. Ανάλυση κύριων συνιστωσών για τις παγκόσμιες φυλές προβάτων χρωματισμένες βάσει της γεωγραφικής προέλευσης. Απεικονίζονται η πρώτη (άξονας χ) και η τρίτη κύρια συνιστώσα (άξονας ψ).

Ανάλυση προσμίξεων των παγκόσμιων φυλών προβάτου

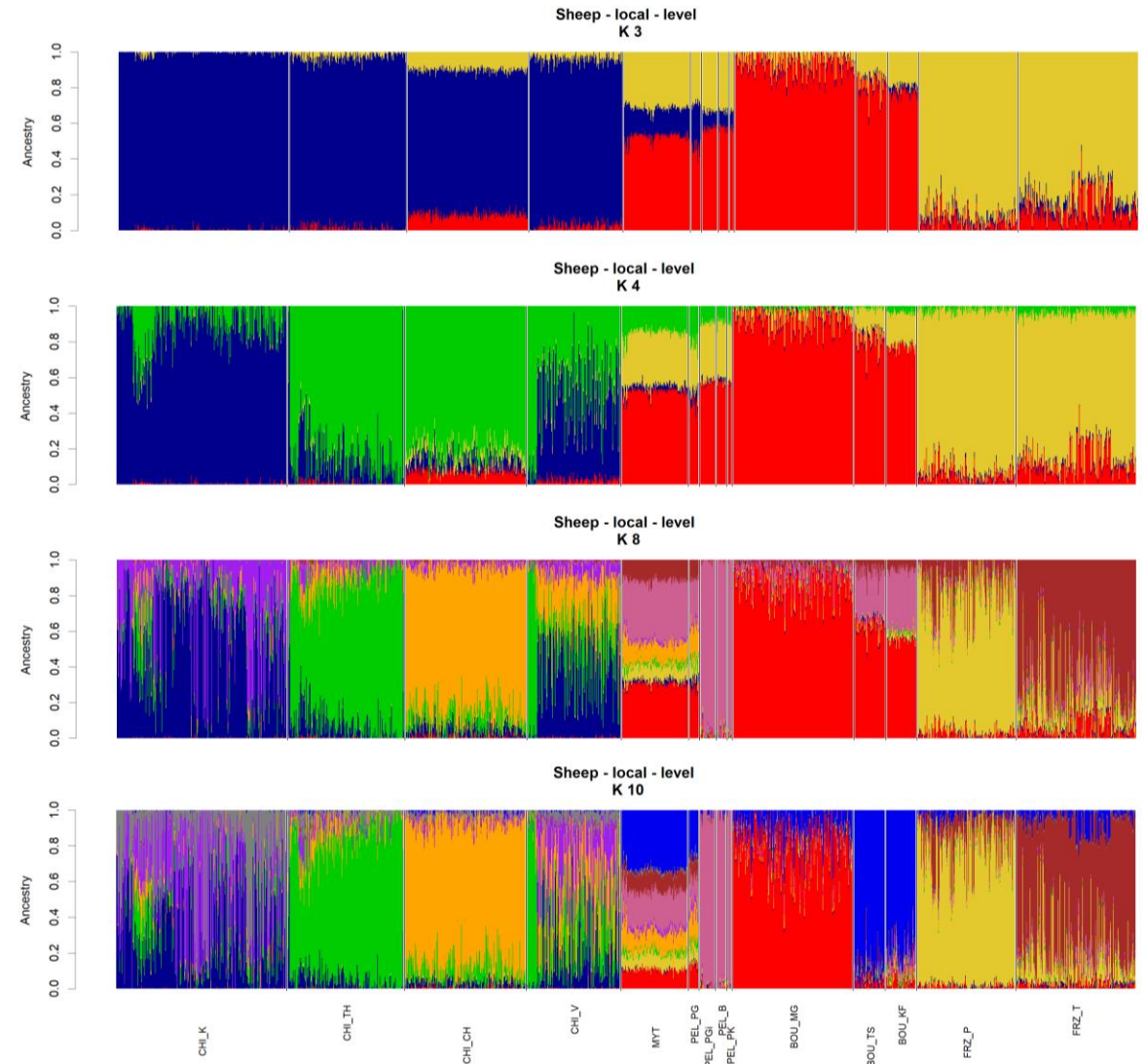
- Η Ασιατική και Ευρωπαϊκή γενετική καταγωγή είναι ευδιάκριτη για υποθετικό αριθμό προγονικών πληθυσμών $K=2$ (Εικόνα 4).
- Η γενετική διαφοροποίηση εντός ηπείρου γίνεται εμφανής σε μεγαλύτερους αριθμούς προγονικών πληθυσμών με αντιπροσωπευτικό παράδειγμα την περιοχή της Μεσογείου ($K=12$).
- Ο βέλτιστος αριθμός προγονικών πληθυσμών αντιστοιχεί σε $K=35$ όπου οι φυλές χαρακτηρίζονται από μοναδική γενετική δομή με εξαίρεση δύο ισπανικές φυλές (OJA, RAA).
- Σχετικά με τις ελληνικές φυλές:
 - η καταγωγή του προβάτου Φριζάρτα (FRZ) από την γερμανική φυλή Friesian (EFB) επιβεβαιώνεται σε γενετικό επίπεδο ($K=4$), όπως έχει δειχθεί και στο παρελθόν (Kominakis et al. 2017)
 - η φυλή της Χίου παρεκκλίνει γενετικά ($K=6-35$), υποδεικνύοντας διαφορετική καταγωγή, απουσία πρόσφατων διασταυρώσεων και έντονη επιλογή για βελτίωση παραγωγικών χαρακτήρων
 - Το πρόβατο Μυτιλήνης έχει διασταυρωθεί στο παρελθόν με τις φυλές Μπούτσκο, Πελαγονία και Φριζάρτα ($K=12$).



Εικόνα 4. Κυκλική αναπαράσταση της ανάλυσης προσμίξεων των παγκόσμιων φυλών προβάτων για 2, 3, 4, 6, 12, 15, 20 και 35 (χαμηλότερη τιμή σφάλματος) προγονικούς πληθυσμούς. Οι χρωματισμοί αντιστοιχούν στον εκάστοτε υποθετικό αριθμό προγονικών πληθυσμών.

Ανάλυση προσμίξεων των ελληνικών φυλών προβάτου

- Γενετική διαφοροποίηση εντός φυλής σε **επίπεδο φάρμας** (Εικόνα 5):
 - Οι 4 πληθυσμοί-φάρμες που αντιπροσωπεύουν την φυλή Χίου διαφέρουν γενετικά μεταξύ τους
 - Ομοίως για τις 2 φάρμες της φυλής Φριζάρτα
 - 2 εκ των 3 πληθυσμών της φυλής Μπούτσκο έχουν πανομοιότυπη γενετική δομή
 - Έντονη γονιδιακή ροή παρατηρείται μεταξύ των 10 πληθυσμών της φυλής Μυτιλήνης



Εικόνα 5. Αναπαράσταση της ανάλυσης προσμίξεων των ελληνικών φυλών προβάτων για 3, 4, 8 και 10 προγονικούς πληθυσμούς. Οι χρωματισμοί αντιστοιχούν στον εκάστοτε υποθετικό αριθμό προγονικών πληθυσμών.

Συμπεράσματα

- Το γενετικό προφίλ των Ελληνικών φυλών προβάτου υποδεικνύει πως:
 - οι Ευρωπαϊκές αλλά και Ασιατικές επιρροές έχουν συμβάλει από κοινού κατά την διάρκεια δημιουργίας των φυλών αλλά και σε μεταγενέστερες διασταυρώσεις
 - οι Ελληνικές φυλές προβάτων φαίνεται να αποτελούν τον γενετικό κρίκο μεταξύ Ασίας Ευρώπης
 - Η εντατικοποίηση για βελτίωση χαρακτήρων, η προσαρμογή σε τοπικά περιβάλλοντα και οι διασταυρώσεις αποτυπώνονται σε γενετικό επίπεδο
- Η δημιουργία γενετικής ταυτότητας σε επίπεδο φυλής, φάρμας (και ατόμου σε κάποιες περιπτώσεις) καθίσταται δυνατή με την χρήση των DNA μικροσυστοιχιών
- Μελλοντικά, νέες μελέτες με την συμπερίληψη βαλκανικών φυλών καθώς και πρώιμων εξημερωμένων ατόμων που εισήχθησαν στην Ελλάδα θα διαλευκάνει περαιτέρω την εξελικτική ιστορία των Ελληνικών φυλών προβάτων

Ευχαριστίες

Σας ευχαριστώ για την προσοχή σας!

Η μελέτη πραγματοποιήθηκε στα πλαίσια του προγράμματος SMARTER Horizon 2020 (772787, <https://www.smarterproject.eu/>)

