



Identification of genomic regions under positive selection in broiler chickens using a linkage disequilibrium-based method

Hossein Mohammadi¹✉ | Amir Hossein Khaltabadi Farahani² | Mahdiah Mehdipour³

1. Corresponding Author, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran. E-mail: H-mohammadi64@araku.ac.ir
2. Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran. Email: a-farahanikh@araku.ac.ir
3. Department of Agriculture, Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST), Tehran, Iran. Email: mehdipourm@tabrizu.ac.ir

Article Info	ABSTRACT
Article type: Research Article Article history: Received 4 November 2024 Received in revised form 16 March 2025 Accepted 26 March 2025 Published online 4 May 2025 Keywords: <i>Abdominal fat</i> <i>Candidate gene</i> <i>Chicken</i> <i>Linkage disequilibrium</i> <i>Signature of selection</i>	Objective: Identifying selection signatures can provide valuable insights into genomic regions that are under positive selection, which in turn leads to a better understanding of genotype-phenotype relationships. Over the past few decades, selection programs in broiler chicken have been based on fast growing and increased feed efficiency. On the other hand, this selection for rapid growth has resulted in an accumulation of fatty tissue and decrease of chicken meat quality, it has been new challenges in poultry breeding due to genetic correlation between rapid growing and fat deposition. The aim of the present study was to identify genomic regions under positive selection associated with body fat deposition in seven-week-old broiler chickens using a statistical method based on linkage disequilibrium. Materials and Methods: In the present study, a total 475 chickens from two chicken lines divergently selected were obtained using the Illumina chicken 60 K SNP chip. The broilers used in this study were from two Chinese broiler lines. In the first step, for the detected regions of the genome were evaluated using the XP-EHH method based on linkage disequilibrium using Selscan software v.2.0. Candidate genomic regions and genes were identified by SNPs located at 1% upper range of XP-EHH values in ten creeping windows. Finally, GeneCards and DAVID databases were also used to interpret the function of the obtained genes. Additionally, the latest published version of Animal genome database was used for defining QTLs associated with fat deposition traits in identified locations. Results: Candidate genes <i>STAB2</i>, <i>TAPT1</i>, <i>JDP2</i>, <i>FNDC3B</i>, <i>PTPN11</i>, <i>ADIPOR1</i> and <i>SLC44A3</i> obtained these regions. Further investigation using bioinformatics tools showed these genomic regions overlapped with lipid metabolism, fatty acid transport, lipoprotein receptors, glucose metabolism and homeostasis. Various genes that were founded within these regions can be considered as candidates under selection based on function. Also, a survey on extracted QTLs showed that these QTLs involved in some economically important traits in chicken such as abdominal fat weight and carcass fat weight traits. Conclusion: However, will be necessary to carry out more association and functional studies to demonstrate the implication of genes obtained from association analyses. Identifying important economic traits and locating parts of the genome that have changed as a result of selection could be used in poultry breeding programs. The results of our research can be used to understand the genetic mechanism controlling fat deposition trait and using these findings could potentially be useful for genetic selection in chicken for increasing body weight while reducing body fat deposition during a broiler breeding.

Cite this article: Mohammadi, H., Khaltabadi Farahani, A. H., & Mehdipour, M. (2025). Identification of genomic regions under positive selection in broiler chickens using a linkage disequilibrium-based method. *Journal of Animal Production*, 27 (1), 1-14. DOI: <https://doi.org/10.22059/jap.2025.384854.623812>





شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب مثبت در جوجه‌های گوشتی با استفاده از روش مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی ژنی

حسین محمدی^۱ | امیر حسین خلت‌آبادی فراهانی^۲ | مهدیه مهدی‌پور^۳

۱. نویسنده مسئول، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران. رایانامه: H-mohammadi64@araku.ac.ir

۲. گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران. رایانامه: a-farahani@araku.ac.ir

۳. پژوهشکده کشاورزی، سازمان پژوهش‌های علمی و صنعتی ایران، تهران، ایران. رایانامه: mehdipour@tabrizu.ac.ir

اطلاعات مقاله

چکیده

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۸/۱۴

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۳/۱۲/۲۶

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۱/۰۷

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۰۲/۱۴

هدف: شناسایی نشانه‌های انتخاب می‌تواند دیدگاه‌های ارزشمندی در مورد مناطق ژنومی که تحت انتخاب مثبت هستند فراهم کرده و درک بهتری از روابط بین فنوتیپ و ژنوتیپ ارائه کند. در طول چند دهه گذشته، برنامه انتخاب در جوجه‌های گوشتی براساس رشد سریع و افزایش بازده غذایی انجام گرفته است. از طرفی این سرعت رشد بالا به علت همبستگی ژنتیکی با افزایش ذخیره چربی بدن، باعث کاهش کیفیت گوشت شده است که متخصصین اصلاح نژاد طیور را با چالش‌های جدیدی مواجه کرده است. هدف پژوهش حاضر شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب مثبت مرتبط با ذخیره چربی بدن در سن هفت هفته‌ای جوجه‌های گوشتی با استفاده از روش آماری مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی بود.

روش پژوهش: بدین منظور تعداد ۴۷۵ قطعه پرند دو لاین جوجه گوشتی کشور چین در نسل یازدهم که به‌صورت واگرا هدف انتخاب بودند، با استفاده از یک تراشه 60K تعیین ژنوتیپ شده بودند، استفاده گردید. در مرحله اول شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدای مرتبط با ذخیره چربی توسط آزمون XP-EHH که مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی است به‌وسیله نرم‌افزار SelScan (نسخه ۲/۰) مورد استفاده قرار گرفت. برای تعیین مناطق ژنومی کاندیدای مرتبط با صفت ذخیره چربی بدن یک درصد ارزش بالایی آماره XP-EHH به‌صورت پنجره‌های ژنومی ۱۰ نشانگری انتخاب شدند. در نهایت جهت شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفت مورد پژوهش و نقش عملکردی آن‌ها به‌ترتیب از برنامه BioMart و DAVID استفاده شد. همچنین برای بررسی وجود QTL‌های مرتبط با صفت ذخیره چربی در مناطق ژنومی شناسایی شده از آخرین نسخه منتشرشده پایگاه برخط Animal genome استفاده شد.

یافته‌ها: بررسی ژن‌های گزارش شده در مناطق کاندیدا نشان داد که در داخل یا مجاورت این نواحی، ژن‌های *SLC44A3* و *ADIPOR1* *PTPN11* *FNDC3B* *JDP2* *TAPT1* *STAB2* قرار داشتند. بررسی بیوانفورماتیکی این مناطق نشان داد، ژن‌های موجود در این مناطق با متابولیسم لیپید، انتقال اسیدهای چرب، گیرنده‌های لیپوپروتئین، متابولیسم و هومئوستازی گلوکز مرتبط بودند. با بررسی مناطق ژنومی کاندیدا در پایگاه Animal genome، QTL‌های مرتبط با وزن چربی محوطه بطنی و وزن چربی لاشه گزارش شده بود.

نتیجه‌گیری کلی: به‌طور کلی ژن‌های متعددی که در نواحی ژنومی شناسایی شده براساس عملکرد می‌توانند به‌عنوان کاندیداهای تحت انتخاب مطرح باشند. به هر حال، بررسی بیش‌تر ژن‌های مرتبط با مناطق ژنومی به‌دست‌آمده از مطالعات جستجوی پویش ژنومی ضروری است. نتایج این پژوهش می‌تواند در درک ساز و کار ژنتیکی کنترل‌کننده صفت ذخیره چربی بدن با هدف افزایش وزن همراه با کاهش ذخیره چربی بدنی در طی دوره پرورش جوجه گوشتی مورد استفاده قرار گیرد.

کلیدواژه‌ها:

چربی بطنی

ژن کاندیدا

عدم تعادل پیوستگی

مرغ

نشانه‌های انتخاب

استناد: محمدی، حسین؛ خلت‌آبادی فراهانی، امیر حسین و مهدی‌پور، مهدیه (۱۴۰۴). شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب مثبت در جوجه‌های گوشتی با استفاده از روش مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی ژنی. *نشریه تولیدات دامی*، ۲۷ (۱)، ۱-۱۴.

DOI: <https://doi.org/10.22059/jap.2025.384854.623812>



۱. مقدمه

صفات ترکیبات لاشه و کیفیت گوشت جزو مهم‌ترین صفات اقتصادی در جوجه‌های گوشتی می‌باشند. امروزه کیفیت لاشه و بازارپسند بودن آن موردتوجه تولیدکنندگان و مصرف‌کنندگان می‌باشد و روز به روز بر اهمیت آن در بازارهای جهانی افزوده می‌شود. صفت چربی لاشه یکی از فاکتورهای مهم در تعیین کیفیت لاشه در جوجه‌های گوشتی است که همواره موردتوجه تولیدکنندگان و مصرف‌کنندگان بوده است، زیرا مقدار زیادی از انرژی خوراک صرف تولید آن شده و در کشتارگاه به‌همراه بقیه ضایعات دفع می‌گردد که این امر باعث افزایش هزینه و کاهش سود می‌گردد (Zhu et al., 2022).

انتخاب براساس ارزش‌های فنوتیپی برای ترکیبات لاشه و کیفیت گوشت قبل از کشتار امکان‌پذیر نمی‌باشد و لذا انتخاب به‌کمک نشانگرهای ژنتیکی برای افزایش بازده انتخاب و بهبود عملکرد تولیدی مدنظر می‌باشد و تلفیقی از روش‌های مرسوم انتخاب و روش‌های جدید مولکولی در آینده اصلاح نژاد طیور ترجیح داده خواهد شد. شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب یکی از اهداف اساسی ژنتیک مولکولی است. حیوان‌های اهلی به‌دلیل این‌که افزون بر انتخاب طبیعی هدف انتخاب‌های مصنوعی شدیدی قرار گرفته‌اند، نمونه‌های مناسب‌تری برای شناسایی نشانه‌های انتخاب در سطح ژنوم و شناسایی ژن‌های کاندیدای عملکردی به‌شمار می‌آیند (Tan et al., 2022).

علاوه بر این نتایج پژوهش‌های گسترده طی چند سال اخیر نشان داده است که اهلی کردن و به‌دنبال آن شکل‌گیری نژادها و انتخاب طبیعی یا مصنوعی باعث ایجاد نشان‌های انتخاب مثبت در مناطق ژنومی شده است. انتخاب می‌تواند منجر به تغییر فراوانی یک آلل در جمعیت شود، در حالی‌که فراوانی آن در جمعیت‌هایی که تحت انتخاب نبوده‌اند بدون تغییر باقی می‌ماند. نتیجه این حالت ایجاد تفرق در بین جمعیت‌ها در این مناطق ژنومی است. بنابراین تفاوت به نسبت زیاد در فراوانی آللی بین جمعیت‌ها نیز می‌تواند به‌عنوان نشانه‌ای از انتخاب مثبت در جایگاه‌های ژنی مربوط به‌شمار آید (Chen et al., 2019).

شناسایی نشانه‌های انتخاب از دو دیدگاه مهم می‌باشند، اول این‌که این نشانه‌ها حاوی اطلاعات ارزشمندی در خصوص تکامل و مکانیسم‌های مؤثر بر تکامل را فراهم می‌کنند. دوم این‌که جایگاه‌های ژنی شناخته شده و تنوع ژنتیکی صفات کمی آشکار می‌شود. از طرفی دیگر اهلی‌سازی و انتخاب به شدت در ویژگی‌های ظاهری و رفتاری حیوانات اهلی امروزی تغییر ایجاد کرده است. در این مسیر، انتخاب‌های انجام شده توسط انسان نشانه‌های قابل شناسایی را در ژنوم گوسفندان امروزی به جا گذاشته که آشکارنمودن این نشانه‌ها می‌تواند به اصلاح و بهبود ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در این دام‌ها کمک کند.

از گذشته تا به امروز روش‌های آماری مختلفی برای شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب مثبت به‌کار گرفته شده است که هر یک مزایا و معایبی نسبت به یکدیگر دارند. توانایی آزمون‌های مختلف در شناسایی سیگنال‌های تحت انتخاب به اهداف، فراوانی و سن گونه مورد نظر بستگی دارد (Mastrangelo et al., 2023). در این پژوهش برای شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب مثبت برای ذخیره چربی از آزمون آماری هموزایگوسیتی هاپلوتیپ‌های بسط یافته جمعیت تلاقی (XP-EHH) براساس عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوتیپ می‌باشد.

مطالعات پویش ژنومی مختلفی در نژادهای مختلف مرغ با استفاده آماره‌های نشانه‌های انتخاب براساس آماره XP-EHH انجام شده است و موفق به شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب مثبت مرتبط با صفات تولیدی و تولیدمثلی شده است. پژوهشی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب در دو اکوتیپ مرغان بومی نیجریه‌ای با استفاده از آماره XP-EHH انجام شده بود. نواحی ژنومی روی کروموزوم‌های یک، دو، سه، چهار، پنج، هشت و ۲۲ براساس این آماره شناسایی گردید که حاوی ژن‌های *ELOVVL2* و *MAOA* مرتبط با متابولیسم اسیدهای چرب، ژن‌های *CDC37*، *HSF1*، *TSHR* و

HIFA3 مرتبط با سیستم ایمنی و ژن‌های *DCN*، *MEOX2* و *CACNB1* مرتبط با صفات رشد و وزن بدن بودند (Rachman et al., 2024). در مطالعه پویش ژنومی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مرتبط با ذخیره چربی بدن در مرغان بومی چین با مرغان تجاری با استفاده از آماره XP-EHH منجر به شناسایی مناطق ژنومی روی کروموزوم‌های مختلف اتوزومی شده بود و حاوی ژن‌های کاندیدای *SAMSN1*، *HYLS1*، *ROBO3*، *GSPM2*، *FGF14*، *PRSS23* و *DNER* شده بود (Qi et al., 2024).

در پژوهشی دیگر که با استفاده از رویکرد پویش ژنومی و شناسایی نشانه‌های انتخاب جهت شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با درصد چربی داخل بطنی در مرغ‌های نژاد Jingxing yellow انجام شده است. در این پژوهش تعداد ۵۲۰ پرنده و در دو لاین با چربی ذخیره بطنی بالا و پایین رکوردبرداری شده بود. نواحی ژنومی روی کروموزوم‌های یک، ۱۴ و ۲۷ شناسایی شدند که ژن‌های کاندیدا *ZNF652*، *IGF2BP1*، *ETV4*، *SNF8* و *AB13* در این ناحیه قرار داشتند که به‌طور معنی‌داری با درصد چربی لاشه ارتباط داشتند (Zhu et al., 2022).

طی پژوهشی روی جوجه‌های گوشتی لاین پدری با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مرتبط با صفات عملکردی انجام شده بود. نتایج این پژوهش چهارده منطقه ژنومی روی کروموزوم‌های مختلف را گزارش کردند که بر روی کروموزوم‌های یک، پنج، نه، ده، ۱۳، ۱۵ و ۲۷ ژن‌های کاندیدا شامل *POB*، *APOB*، *IGF1*، *IGFBP2*، *POMC*، *PPARG* و *ZNF423* با رشد عضلات اسکلتی، بافت چربی و مقاومت به آلودگی‌های سالمونلا مرتبط بودند (Tan et al., 2022). در دسترس بودن اطلاعات توالی ژنوم افراد داخل یک گونه امکان بررسی تنوع ژنتیکی را با وضوح بالا فراهم کرده است. منابع اصلی تنوع ژنتیکی در ژنوم شامل چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی (SNP)، درج یا حذف کوچک (Indels) و تغییرات بزرگ مقیاس به‌صورت تفاوت در تعداد کپی یا تغییرات خنثی تعداد کپی هستند که به شکل اضافه و یا حذف شدن بخش‌های ژنومی با قطعاتی از DNA با طول یک کیلو جفت‌باز تا چند مگاباز تعریف می‌شوند که در تعداد کپی در مقایسه با ژنوم مرجع متفاوت هستند. تعداد و پراکنش تنوع تعداد کپی در ژنوم در مقایسه با SNP‌ها و ایندل‌ها کم‌تر است، در نتیجه امکان شناسایی بهتر و دقیق‌تر مناطق ژنومی با استفاده از نشانگرهای SNP خواهد بود (Letaief et al., 2017).

به‌طور کلی مناطقی از ژنوم که تحت انتخاب هستند بایستی اهمیت شایستگی و عملکردی داشته باشند، در غیر این صورت انتخاب آن‌ها را تحت تأثیر قرار نمی‌دهد. با توجه به مطالب بیان شده، این مناطق ژنومی عمدتاً با ژن‌های عمده اثر و صفات مهم اقتصادی همراه هستند و دارای اهمیت زیادی می‌باشند. هدف از این پژوهش، شناسایی مناطقی از ژنوم بود که در دو لاین جوجه گوشتی با انتخاب واگرا طی سالیان متمادی به‌صورت طبیعی و مصنوعی هدف انتخاب قرار گرفته‌اند. این مطالعه می‌تواند مبنای انجام پژوهش‌های تکمیلی پویش کل ژنوم گله مذکور به‌منظور شناسایی نواحی تحت انتخاب جهت بهبود راندمان برنامه‌های انتخاب و استراتژی‌های اصلاح نژادی آن باشد.

۲. روش پژوهش

در پژوهش حاضر از یک جمعیت نسل یازدهم لاین‌های جوجه گوشتی دانشگاه علوم کشاورزی شمال‌شرقی کشور چین به تعداد ۴۷۵ پرنده (۲۰۳ پرنده انتخابی در لاین با ذخیره چربی پایین و ۲۷۲ پرنده انتخابی از لاین با ذخیره چربی بالا) استفاده شد. معیار انتخاب واگرا براساس مقدار چربی محوطه بطنی در لاین‌های با ذخیره چربی محوطه بطنی بالا به میزان ۳/۵ برابر بیش‌تر در مقایسه با لاین با ذخیره چربی محوطه بطنی پایین در سن هفت هفتگی طی ۱۰ نسل قبلی بود. لازم به ذکر است که مدیریت استخراج DNA و تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها نیز توسط دانشگاه علوم کشاورزی شمال‌شرقی چین انجام شده بود. پس از اطمینان از کمیت و کیفیت بالای DNA استخراج شده، نمونه‌ها با استفاده از

آرایه‌های شرکت ایلومینا با آرایه‌های Illumina chicken 60k SNP chip تعیین ژنوتیپ شده بودند (Zhang et al., 2014). داده‌های تعیین ژنوتیپ شده در پایگاه برخط ذخیره ژنومی GEONCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo>) در دسترس می‌باشند. جهت اطمینان از کیفیت داده‌های حاصل از تعیین ژنوتیپ در تجزیه نهایی، ویرایش داده‌ها و مراحل مختلف کنترل کیفیت انجام شده بود. از دو عامل فراوانی آللی نادر (MAF) و نرخ تعیین ژنوتیپ (Call rate) برای هر نشانگر SNP محاسبه شده و SNP‌هایی که در مجموع پرندگان دارای MAF و Call rate به ترتیب کمتر از پنج درصد و ۹۵ درصد بودند از مراحل بعدی تجزیه‌ها کنار گذاشته شدند. سپس نشانگرهای باقیمانده که با موقعیت نامشخص و نشانگرهای روی گروه‌های لینکاژی (LGE22 و LGE64) از تجزیه نهایی کنار گذاشته شدند.

یکی از شیوه‌های آماری برای آزمون ارتباط بین جوامع و اختصاص افراد به آن‌ها با استفاده از ماتریس فاصله، استفاده از تجزیه مؤلفه‌های اصلی (PCA) است. در این تحقیق به منظور بررسی ساختار جمعیتی پرندگان مورد مطالعه و شناسایی نحوه قرار گرفتن آن‌ها در دو گروه مجزا و تقسیم‌بندی آن‌ها از تجزیه PCA استفاده شد. این تجزیه، با استفاده از تابع prcomp در محیط نرم‌افزار R (نسخه ۴/۲/۰) انجام شد. سپس، براساس نتایج به دست آمده و اطلاعات فنوتیپی مرتبط با ذخیره چربی بدنی در لاین‌های مورد مطالعه به دو گروه مجزا تقسیم‌بندی شدند.

۱.۲. تجزیه آماری شناسایی نشانه‌های انتخاب

در پژوهش حاضر برای شناسایی نشانه‌های انتخاب از آزمون پر کاربرد XP-EHH استفاده شد. این آماره یکی از مهم‌ترین آزمون‌های مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلویتی است. آماره XP-EHH دارای توان بالایی برای شناسایی مناطق تثبیت شده دارد. در این روش، مناطق ژنومی تحت تأثیر انتخاب مثبت به وسیله آل‌هایی با EHH و فراوانی بالا قابل شناسایی هستند. در آزمون XP-EHH به منظور در نظرگیری تنوع در میزان نوترکیبی مناطق مختلف ژنوم، هاپلویت‌ها در دو جمعیت با یکدیگر مقایسه می‌شوند. برای شناسایی نشانه‌های انتخاب در این پژوهش از بسته نرم‌افزاری Selscan (نسخه ۲/۰) استفاده شد. برای محاسبه آماره XP-EHH ابتدا ارزش EHH از رابطه (۱) برآورد شد:

$$EEH = \frac{\sum_{i=1}^{h_x} \binom{ni}{2}}{\binom{na}{2} \binom{nA}{2}} \quad \text{رابطه (۱)}$$

که در این رابطه، na و nA به ترتیب نشان‌دهنده تعداد هاپلویت‌هایی که در آن‌ها a و A وجود دارند، h_x نشان‌دهنده تعداد هاپلویت‌های مجزا در یک منطقه ژنومی تا فاصله x است. بعد از برآورد EHH آماره XP-EHH از رابطه (۲) برآورد گردید:

$$XP - EHH_{scores} = \ln \left(\frac{I_A}{I_B} \right) \quad \text{رابطه (۲)}$$

که در این رابطه، I_A و I_B به ترتیب نشان‌دهنده میزان انتگرال EHH با توجه به فاصله ژنتیکی در دو جمعیت A و B می‌باشند (Waaineina et al., 2022).

با توجه به پدیده انتقال همراه و جهت شناسایی بهتر سیگنال‌های انتخاب در سطح ژنوم به جای در نظر گرفتن ارزش عددی هر SNP از میانگین‌گیری ارزش‌های عددی آماره و هر ۱۰ نشانگر مجاور به روش Creeping Window (CW) با استفاده از نرم‌افزار Excel محاسبه شد و با عنوان ارزش Win10 هر نشانگر گزارش شده و توزیع آن در سطح ژنوم بررسی گردید و همچنین پس از مرتب‌نمودن نشانگرها براساس ارزش‌های XP-EHH محاسبه شده، با استفاده از نرم‌افزار Excel صدک ۹۹ (یک درصد) محاسبه و مناطقی که برای تمام نشانگرهای مجاور دارای ارزش بالا بودند، به عنوان نشانه‌های انتخاب شناسایی و تعیین شدند (Liu et al., 2021; Hu et al., 2023). در این پژوهش برای ترسیم گراف ارزش‌های Win10 در مقابل موقعیت ژنومی از بسته نرم‌افزاری ggplot2 در برنامه R (نسخه ۴/۱/۳) استفاده گردید.

۲.۲. بررسی ژن‌های گزارش شده در مناطق ژنومی حاوی نشانه‌های انتخاب

پس از مرتب کردن نشانگرها برپایه ارزش محاسبه شده و مناطقی که برای همه نشانگرهای مجاور ارزش بالایی داشتند به عنوان نشانه انتخاب در نظر گرفته شدند. مناطق دارای ارزش‌های بالا می‌توانند نشان‌دهنده مناطقی از ژنوم باشند که در گروه‌های با ذخیره چربی بطنی بالا و پایین به صورت متمایز هدف انتخاب قرار گرفته باشند. برای بررسی ژن‌های گزارش شده در این مناطق و ۵۰ کیلو جفت‌باز اطراف آن‌ها از پایگاه اطلاعاتی برخط Ensemble Genes 113 Database به وسیله BioMart (www.ensembl.org/biomart) مورد بررسی قرار گرفت. برای تفسیر بهتر عملکرد ژن‌های به دست آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنالین GeneCards (<http://www.genecards.org>) و UniProtKB (<http://www.uniprot.org>) استفاده شد. در نهایت برای بررسی این‌که آیا مناطق مورد نظر با QTL‌های شناسایی شده همپوشانی دارد یا خیر، از مرکز اطلاعاتی آنالین QTL (<http://i.animalgenome.org/jbrowse/>) براساس آخرین نسخه ژنومی مرغ (GG_5.0) مورد بررسی قرار گرفت.

۳. یافته‌های پژوهش

نتایج حاصل از مراحل مختلف کنترل کیفیت در جدول (۱) ارائه شده است. در پایان پس از اجرای مراحل کنترل کیفیت داده‌ها، ۴۸۰۳۴ نشانگر بر روی ۲۸ کروموزوم بدنی و یک کروموزوم جنسی Z توانستند مراحل مختلف فیلتراسیون را بگذرانند و برای تجزیه و تحلیل‌های بعدی باقی بمانند. توزیع نشانگرهای SNP به تفکیک کروموزوم‌های مختلف قبل و بعد از کنترل کیفیت و همچنین میانگین فاصله بین دو نشانگر مجاور در جدول (۲) ارائه شده است. بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد نشانگر بعد از کنترل کیفیت به ترتیب روی کروموزوم شماره یک و ۱۶ قرار داشت (۷۵۳۸ در مقابل ۱۶). همچنین بیش‌ترین و کم‌ترین فاصله دو نشانگر SNP به ترتیب مربوط به کروموزوم‌های شماره ۱۶ و ۲۸ بودند (جدول ۲).

جدول ۱. توصیف مراحل کنترل کیفیت داده‌های تعیین ژنوتیپ شده مربوط به پژوهش حاضر

تعداد	مراحل مختلف کنترل کیفی
۴۷۵	تعداد پرند
۰	حذف پرندگانی در آنالیز PCA
۰	حذف نمونه‌هایی با بیش از ۵ درصد ژنوتیپ از دست‌رفته
۵۷۶۳۶	تعداد کل نشانگرهای مورد بررسی
۸۲۱۹	حذف نشانگرها با حداقل فراوانی آلی و ژنوتیپ شده کم‌تر از پنج درصد
۱۳۸۳	حذف نشانگرهای با موقعیت نامشخص و گروه لینکاژی
۴۸۰۳۴	تعداد کل نشانگرهای باقیمانده

به منظور بررسی نحوه قرارگرفتن پرندگان در گروه‌های مجزا، تجزیه و تحلیل PCA با به کارگیری اطلاعات تعیین ژنوتیپی بین دو لاین مختلف به عنوان راهی متمایز به منظور توصیف واگرایی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. نتایج تجزیه PCA نشان داد که با PC1 لاین با ذخیره چربی پایین و PC2 لاین با ذخیره چربی بالا به خوبی از یکدیگر تفکیک و جدا شدند و در هیچ نقطه‌ای با هم همپوشانی ندارند (شکل ۱).

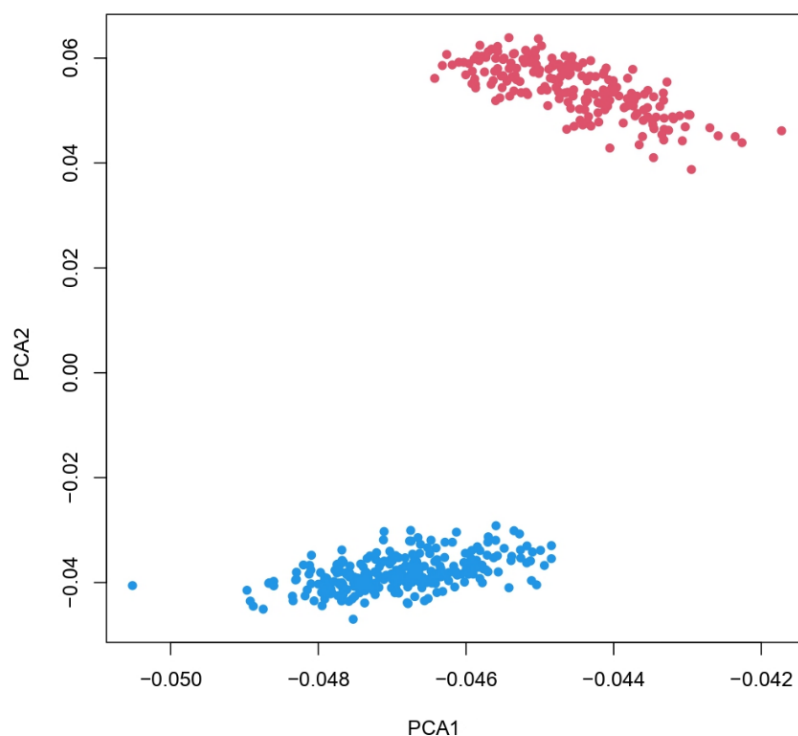
حد آستانه در نظر گرفته شده برای شناسایی مناطق ژنومی کاندیدا در پژوهش حاضر سخت گیرانه بود و فقط مناطقی که بیش‌ترین تمایز جمعیتی را در این نژادها را نشان می‌دهند (شکل ۲) و مشابه با مطالعه‌ای شناسایی

نشانه‌های انتخاب روی لاین‌های پدری جوجه‌های گوشتی کورنیش و پلیموت‌راک بود (Almeida et al., 2019). مناطقی که دارای ارزش بالا هستند، می‌توانند نشان‌دهنده مناطقی از ژنوم باشند که در گروه‌های با ذخیره چربی بطنی پایین و بالا به‌صورت متمایز هدف انتخاب قرار گرفته و به‌عنوان کاندیدا برای این صفت مهم اقتصادی در جمعیت‌های مورد مطالعه باشند.

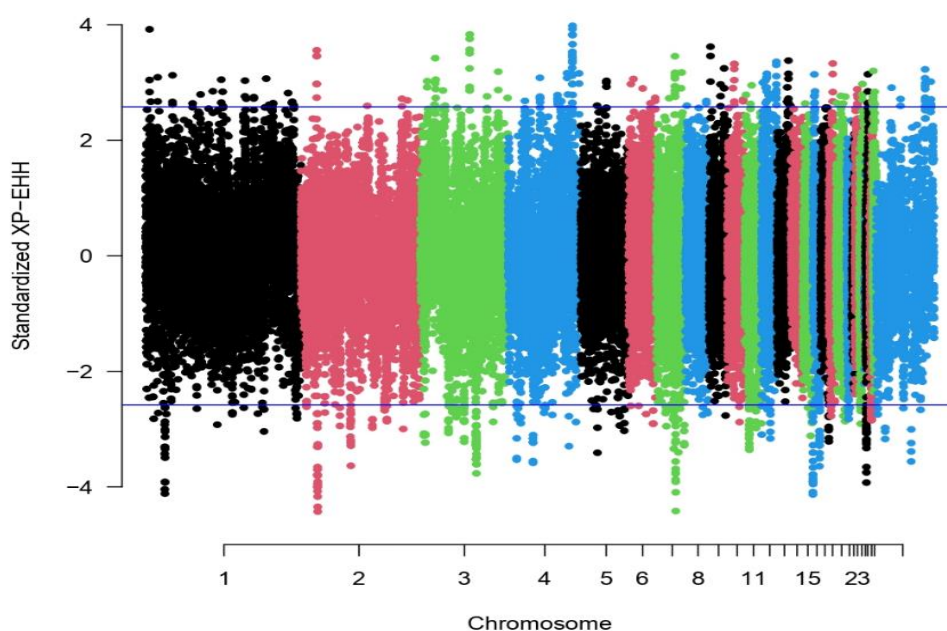
پس از شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب، ژن‌های موجود در این مناطق شناسایی و عملکرد بیولوژیکی آن‌ها بررسی شدند. ژن‌های مشخص شده در جدول (۳) عملکردهای متفاوتی در متابولیسم لیپید، انتقال اسیدهای چرب، گیرنده‌های لیپوپروتئین و متابولیسم گلوکز بوده که می‌توانند به‌طور مستقیم و غیرمستقیم با صفت ذخیره چربی در بدن مرتبط باشند. در این بخش برخی از ژن‌ها که احتمالاً تحت انتخاب مثبت مرتبط با متابولیسم اسیدهای چرب بوده‌اند، مورد بحث و تحلیل قرار می‌گیرند. شماری از ژن‌ها در این بررسی به‌عنوان نشانه‌های انتخاب گزارش شده‌اند، با بررسی‌های پیشین همخوانی داشت.

جدول ۲. تعداد نشانگرهای SNP قبل و بعد از کنترل کیفی و میانگین فاصله دو نشانگر مجاور به تفکیک کروموزومی

شماره کروموزوم	تعداد نشانگرها قبل از کنترل کیفیت	تعداد نشانگرها بعد از کنترل کیفیت	طول کروموزوم (جفت‌باز)	میانگین فاصله دو نشانگر مجاور بعد از کنترل کیفیت (جفت‌باز)
۱	۹۰۹۵	۷۵۳۸	۱۹۷۶۰۸۳۸۶	۲۶۲۱۴
۲	۶۹۵۸	۵۶۵۲	۱۴۹۶۸۲۰۴۹	۲۶۴۸۳
۳	۵۱۷۱	۴۳۲۲	۱۱۰۸۳۸۴۱۸	۲۵۶۴۵
۴	۴۲۵۶	۳۵۱۸	۹۱۳۱۵۳۴۵	۲۵۹۵۶
۵	۳۷۶۶	۲۲۹۵	۵۹۸۰۹۰۹۸	۲۶۰۶۰
۶	۲۳۱۹	۱۸۱۴	۳۶۳۷۴۷۰۱	۲۰۰۵۲
۷	۲۲۸۰	۱۹۰۷	۳۶۷۴۲۳۰۸	۱۹۲۶۷
۸	۱۸۱۳	۱۴۸۶	۳۰۲۱۹۴۴۶	۲۰۳۳۶
۹	۱۵۰۴	۱۲۴۰	۲۴۱۵۳۰۸۶	۱۹۴۷۸
۱۰	۱۶۸۲	۱۳۷۹	۲۱۱۱۹۸۴۰	۱۵۳۱۵
۱۱	۱۶۴۷	۱۳۱۲	۲۰۲۰۰۰۴۲	۱۵۳۹۶
۱۲	۱۶۷۱	۱۴۲۴	۲۰۳۸۷۲۷۸	۱۴۳۱۶
۱۳	۱۴۹۲	۱۲۰۴	۱۹۱۶۶۷۱۴	۱۵۹۱۹
۱۴	۱۲۸۴	۱۰۶۲	۱۶۲۱۹۳۰۸	۱۵۲۷۲
۱۵	۱۳۳۷	۱۰۸۱	۱۳۰۶۲۱۸۴	۱۲۰۸۳
۱۶	۳۱	۱۶	۲۸۴۴۶۰۱	۱۷۷۷۸۷
۱۷	۱۱۰۴	۹۲۲	۱۰۷۶۲۵۱۲	۱۱۶۷۳
۱۸	۱۱۶۰	۹۱۷	۱۱۳۷۳۱۴۰	۱۲۴۰۲
۱۹	۱۰۵۳	۸۸۰	۱۰۳۲۳۲۱۲	۱۱۷۳۰
۲۰	۱۹۹۱	۱۵۷۴	۱۳۸۹۷۲۸۷	۸۸۲۹
۲۱	۹۷۰	۷۹۶	۶۸۴۴۹۷۹	۸۵۹۹
۲۲	۴۷۶	۳۲۷	۵۴۵۹۴۶۲	۱۶۶۹۵
۲۳	۷۹۴	۶۴۳	۶۱۴۹۵۸۰	۹۵۶۳
۲۴	۹۳۷	۷۵۸	۶۴۹۱۲۲۲	۸۵۶۳
۲۵	۳۴۱	۱۸۱	۳۹۸۰۶۱۰	۲۱۹۹۳
۲۶	۸۵۲	۶۷۰	۶۰۵۵۷۱۰	۹۰۳۸
۲۷	۶۶۵	۵۰۶	۸۰۸۰۴۳۲	۱۵۹۶۹
۲۸	۷۹۳	۶۰۷	۵۱۱۶۸۸۲	۸۴۲۹
Z	۳۱۹۵	۲۰۰۱	۸۲۵۲۹۹۲۱	۴۱۲۴۴



شکل ۱. خوشه‌بندی پرندگان براساس تجزیه PCA با استفاده از اطلاعات ژنوتیپی تمام پرندگان



شکل ۲. توزیع ارزش‌های win10 آماره XP-EHH استاندارد شده در سطح ژنوم پرندگان با ذخیره چربی پایین و بالا در دو لاین جوجه گوشتی. موقعیت ژنومی SNPها بر روی محور X و ارزش‌های آنها بر روی محور Y نشان داده شده است. خط ترسیم‌شده نشان‌دهنده ۹۹ صدک کروموزوم‌هاست.

ژن *STAB2* که بر روی کروموزوم یک (GGA1) در ناحیه ۵۴/۸۱ مگا جفت‌بازی گونه مرغ واقع شده است، نقش‌های کلیدی در ارتباط با تنظیم میزان خوراک مصرفی، متابولیسم لیپید و همچنین جذب و هضم ویتامین‌ها در بدن دارد (GeneCards). ژن *STAB2* در متابولیسم لیپید از طریق جذب و ترشح لیپیدها شامل کلسترول و تری‌گلیسریدها دخالت داشته و نقش کلیدی در فعالیت گیرنده‌های لیپوپروتئین با چگالی پایین دارد. در مطالعه ژنومی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مثبت مرتبط با ذخیره چربی لاشه در گوسفندان نژادهای افشاری، مغانی و قزل، ژن کاندیدای *STAB2* گزارش شده است (Pouraskari et al., 2019). ژن *STAB2* یک ژن کاندیدای مکانی به‌شمار می‌رود، زیرا در ناحیه‌ای از کروموزوم یک قرار گرفته است که قبلاً QTL‌های مرتبط با صفات چربی بدن شامل میزان چربی لاشه و ضخامت چربی زیر پوستی در مرغ گزارش شده است (Nones et al., 2012).

ژن کاندیدای *TAPT1* روی کروموزوم شماره چهار (GGA4) در ناحیه ژنومی ۷۶/۴۴ مگا جفت‌بازی گونه مرغ قرار دارد. این ژن نقش کلیدی در بیوسنتز پلی‌آمین دارد. پلی‌آمین‌ها نقش مؤثر در رشد و توسعه بافت چربی دارند و همچنین افزایش سطح پلی‌آمین‌ها علت چاقی در کودکان گزارش شده است (UniProtKB). در مطالعه پویش ژنومی در لاین‌های جوجه گوشتی با هدف شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با صفات رشد انجام شده بود. نتایج این پژوهش نشان داد مناطق ژنومی روی کروموزوم‌های یک، سه، چهار، هشت، ۱۲، ۱۶ و ۱۸ ارتباط معنی‌داری با صفات رشد داشتند. از میان ژن‌های موجود در این نواحی ژنومی، ژن کاندیدای *TAPT1* با صفات وزن لاشه و میزان چربی داخل ماهیچه‌ای ارتباط داشت (Hu et al., 2022). ژن *TAPT1* در ناحیه‌ای از کروموزوم چهار مرغ قرار گرفته است که قبلاً QTL‌های مرتبط با کیفیت گوشت شامل درصد چربی داخل بطنی گزارش شده است (Nadaf et al., 2009).

جدول ۳. نواحی ژنومی تحت انتخاب و ژن‌های شناسایی‌شده در این مناطق ژنومی مرتبط با ذخیره چربی بدنی

شماره کروموزوم	موقعیت بر روی ژنوم (جفت‌باز)	ژن‌های موجود در این مناطق	ژن‌های QTL گزارش‌شده در این مناطق	کد دسترسی به مقاله (ID PubMed)
۱	۵۴۴۶۱۱۵:۵۵۰۶۶۱۱۵	<i>HSP90B1, NT5DC3, STAB2, SOX5</i>	حجم چربی لاشه	۲۳۴۹۷۳۳۷
۲	۹۰۲۱۷۹۰۵:۹۰۷۱۷۹۰۵	<i>ZNF236, ZNF516</i>	ضخامت چربی زیر پوستی	۱۷۸۹۷۵۹۷
۴	۷۶۱۹۳۴۹۲:۷۶۶۹۳۴۹۲	<i>FBXL5, CC2D2A, CPEB2, TAPT1</i>	وزن لاشه	۲۳۴۹۷۴۳۶
۵	۸۲۰۳۳۹۰۰:۳۸۷۰۳۳۹۰	<i>EHD4, JDP2, VPS39, PLA2G4F, CAPN3, ZNF106, LRRC57, HAUS2</i>	درصد چربی محوطه بطنی	۱۹۵۳۱۵۷۶
۸	۱۳۱۹۵۴۱۸:۱۳۴۷۰۴۱۸	<i>SLC44A3, ABCD3, ARHGAP29</i>	وزن چربی محوطه بطنی	۱۶۶۲۵۴۵۱
۹	۱۳۱۹۵۴۱۸:۱۳۴۷۰۴۱۸	<i>PLD1, TNK1, SLC2A2, EIF5A2, PRKCI, FNDC3B</i>	وزن بدن	۱۲۸۷۳۲۱۴
۱۵	۶۴۳۲۷۴۲:۶۴۳۲۷۴۲	<i>WSCD2, CMKLRL1, SART3, CORO1C, TMEM119, ALKBH2, MYO1H, FAM222A, PTPN11</i>	وزن چربی محوطه بطنی	۱۲۴۴۴۰۱۷
۲۶	۸۹۳۹۸۶:۱۳۹۲۹۸۶	<i>PKP1, TMEM9, TMEM183A, MYBPHL, DENND2D, DRAM2, ADIPOR1, TIMM17B, SLC6A17</i>	درصد چربی محوطه بطنی	۱۵۰۴۹۴۷۷
			وزن کل چربی سفید	۲۲۶۰۷۴۵۲

ژن کاندیدای *JDP2* در ناحیه بین ۳۸/۴۵۳ و ۳۸/۴۸۰ مگا جفت باز روی کروموزوم پنج (GGA5) گونه مرغ قرار گرفته است. ژن *JDP2* در متابولیسم لیپید از طریق جذب و ترشح لیپیدها شامل کلسترول و تری‌گلیسریدها دخالت دارد (UniProtKB). در مطالعه پویش ژنومی در جوجه‌های گوشتی نژادهای پلی‌موت‌راک و کورنیش سویه سفید با هدف شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدای ناحیه‌ای مرتبط با ذخیره چربی بدن انجام شده بود. ژن کاندیدای *JDP2* ارتباط معنی‌داری با ذخیره چربی بدن را گزارش کردند (Moreira et al., 2018). علاوه بر این ژن *JDP2* در داخل نواحی از کروموزومی پنج مرغ قرار داشت که قبلاً QTL‌های مرتبط با وزن چربی محوطه بطنی در مرغ گزارش شده بود.

ژن‌های *SLC44A3* و *SLC2A2* به‌ترتیب بر روی کروموزوم‌های هشت و نه در ناحیه ۱۳/۲۶ و ۱۹/۸۱ مگاجفت بازی واقع شده‌اند، جزئی از خانواده ژنی *SLC* با ۲۳ عضو می‌باشد که دارای نقش انتقالی هستند. خانواده ژنی *SLC* که بیش‌تر در جمعیت‌های انسانی مورد تمایز و انتخاب قرار گرفته‌اند، نقش‌های متنوعی در مکانیسم‌های زیستی دارند. فرآیندهای از قبیل بالابردن (*SLC27A4*) و اکسیداسیون (*SLC25A20*) اسیدهای چرب نشان داده شده است (Voight et al., 2006). این خانواده ژنی نقش‌های بیولوژیکی بسیار گسترده‌ای از قبیل سیگنال‌دهی پرولاکتین، ترشح انسولین، جذب طیف وسیعی از مواد مغذی، سنتز هورمون تیروئید و مسیرهای متابولیکی مختلف دیگر دارند (GeneCards). به‌علاوه در مطالعات دیگری ارتباط این خانواده ژنی با صفات تولید و ترکیبات شیر از قبیل چربی و پروتئین گزارش شده است. هم‌چنین ژن کاندیدای *SLC16A7* ارتباط آن با پارامتر کیفیت گوشت شامل مساحت ناحیه عضله چشمی بین دنده ۱۲ و ۱۳ و چربی داخل ماهیچه‌ای در جمعیت گاو گوشتی لیموزین به‌عنوان نشانه‌های انتخاب گزارش کردند (Gurgul et al., 2015).

ژن *FND3B* روی کروموزوم شماره نه (GGA9) در ناحیه ۱۹/۴۷ گونه مرغ قرار دارد. ژن *FND3B* نقش تنظیمی مثبت در تکثیر فیبروبلاست‌ها و تشکیل بافت چربی داشته و در تمایز سلول‌های استخوانی نقش کلیدی دارد. مطالعه پویش کل ژنومی با هدف شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با صفات ترکیبات لاشه در جمعیت F2 حاصل از تلاقی مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آرین انجام شده بود. ژن کاندیدای *FND3B* مرتبط با صفات وزن لاشه و ترکیب لاشه گزارش شده است (Javanrouh et al., 2017).

ژن *PTPN11* روی کروموزوم شماره ۱۵ (GGA15) در ناحیه ۶/۶۸ مگا جفت‌بازی گونه مرغ قرار دارد. ژن کاندیدای *PTPN11* نقش کلیدی در متابولیسم گلوکز و لیپید داشته و ارتباط معنی‌داری با چاقی گزارش شده است (Coulombe & Rivard, 2016). در مطالعه پویش کل ژنومی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مثبت و ژن‌های کاندیدای مرتبط با ترکیبات لاشه در جوجه‌های گوشتی، ژن *PTPN11* کاندیدای مرتبط با اندام‌های داخلی (وزن و درصد کبد) گزارش شده است (Moreira et al., 2019). ژن *PTPN11* در داخل ناحیه کروموزومی ۱۵ مرغ قرار گرفته است که قبلاً QTL مرتبط با درصد چربی داخل احشایی گزارش شده بود.

هم‌چنین ژن کاندیدای *ADIPOR1* روی کروموزوم ۲۶ (GGA26) و در ناحیه ژنومی ۱/۱۴ مگا جفت‌بازی گونه مرغ قرار دارد. ژن *ADIPOR1* یک آدیپوکاین زیستی فعال و مؤثر در تنظیم هومئوستاز گلوکز خون و کنترل شرایط مرتبط با ذخیره چربی داشته و در افزایش حساسیت به انسولین تأثیرگذار می‌باشد. ژن *ADIPOR1* در بافت‌های چربی، کبد و عضله بیان شده و در تفرق سلول‌های چربی نقش کلیدی دارد (Genecards). ارتباط معنی‌داری بین چندشکلی در ژن با ذخیره چربی در بدن جوجه‌های گوشتی گزارش شده است (et al., 2019 da Cruz).

داده‌های مورداستفاده در پژوهش حاضر، برای اولین بار با هدف شناسایی تنوع در تعداد کپی (CNV) استفاده شده بود (Zhou et al., 2014). CNV‌ها نوعی دیگری از تنوع ساختاری در ژنوم هستند، به‌عبارت دیگر، CNV نشان‌دهنده چندشکلی‌های موجود در تعداد کپی قطعه‌ای از ژنوم در بین افراد مختلف است که دارای حداقل یک کیلو جفت‌باز طول و بیش از ۹۰ درصد شباهت می‌باشند. در آن پژوهش تعداد ۴۳۸ و ۲۹۱ تنوع در تعداد کپی به‌ترتیب در لاین‌های با ذخیره چربی پایین و بالا گزارش شده بود که در این مناطق ژنومی ژن‌های کاندیدای *GNAL*، *SLC9A3*، *SPOCK3*، *ANXA10*، *HELIOS*، *MYLK*، *CCDC14*، *SPAG9*، *SOX5*، *VSNL1*، *SMC6*، *GEN1*، *MSGN1* و *ZPAX* قرار داشتند و نقش کلیدی در سنتز و ذخیره چربی دارند، شناسایی شده بودند. در پژوهش حاضر ژن کاندیدای شناسایی شده *SLC44A3* جزوی از خانواده ژنی *SLC*‌هاست که در پژوهش قبلی ژن *SLC9A3* جزوی از همین خانواده ژنی گزارش شده بود (Zhou et al., 2014).

۴. بحث

تجزیه PCA در مجموع حدود ۳۶/۸۲ درصد واریانس (۲۶/۱۷ درصد برای ویژه بردار یک و ۱۰/۶۵ درصد برای ویژه بردار دو) را توجیه می‌کنند. در مطالعات مختلف دیگر، پرندگان فقط برپایه ویژه بردارهای یک و دو براساس نژاد و منطقه جغرافیایی دسته‌بندی شده‌اند. در مطالعه‌ای که روی مرغان نژاد روسی انجام شده بود، PC1 و PC2 به ترتیب ۲۷/۴۶ درصد و ۱۴/۱۶ درصد واریانس را توجیه می‌کردند (Romanov et al., 2024). در مطالعه پویش ژنومی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مرتبط با صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی چینی، پرندگان برپایه PC1 و PC2 کاملاً از یکدیگر تفکیک شده و هرکدام از ویژه بردارهای یک و دو به ترتیب ۲۳/۶۹ درصد و ۱۱/۱۱ درصد از واریانس را توجیه می‌کردند (et al., 2024 Xie).

یکی از آزمون‌های پر کاربرد آماری شناسایی نشانه‌های انتخاب، آماره تمایز جمعیتی یا شاخص تثبیت (F_{ST}) می‌باشد. از مشکلات اصلی این روش لحاظ نکردن خطای نمونه‌گیری است که این مورد با استفاده از روش XP-EHH تصحیح شده است. آماره XP-EHH که مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوپیتی است، در این روش مناطق ژنومی تحت انتخاب به وسیله فازهای هاپلوپیتی تشخیص داده می‌شوند. در مطالعات ژنومی که با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مثبت از آرایه‌های ژنومی عمومی توسط شرکت ایلومینا استفاده می‌شوند، در معرض ارزیابی‌هایی مانند خطاهای تعیین ژنوتیپ و نمونه‌گیری هستند که می‌تواند منجر به نتایج مثبت کاذب شود یکی از راه‌حل‌های توصیه شده برای جلوگیری از خطاهای ذکر شده جهت شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب استفاده از آستانه‌های سخت‌گیرانه برای مناطق ژنومی کاندیدا می‌باشد. در پژوهش حاضر برای شناسایی دقیق‌تر مناطق تحت انتخاب مثبت از آستانه یک درصد ارزش‌های XP-EHH بالای جمعیت استفاده گردید که دامنه سخت‌گیرانه‌ای بود و دامنه آن از یک درصد (Waineina et al., 2022) تا پنج درصد (Hu et al., 2023) در مطالعات مختلف گزارش شده است. از روش نشانه‌های انتخاب و آماره XP-EHH تاکنون جهت شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با صفات تولیدی و رشد بدن در نژادهای مختلف مرغان بومی و تجاری استفاده شده است. در پژوهشی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مرتبط با صفات رشد و آدپتاسیون در نژادهای مختلف مرغ با استفاده از آماره XP-EHH انجام شده بود. نتایج این پژوهش نشان داد، نواحی ژنومی روی کروموزوم‌های یک، دو، چهار، هفت، هشت، ۱۸ و ۲۵ دارای نشانه‌های انتخاب هستند. این مناطق ژنومی شامل ژن‌های کاندیدای *BEND6*، *SCPEP1*، *BMP5*، *AFF1*، *HSP90AB1*، *HSPA9*، *HSP70* و *PCDH19* مرتبط با رشد عضلات اسکلتی و ذخیره چربی بدن و ژن‌های *PLCB4* که نقش کلیدی در آدپتاسیون، سیستم ایمنی و مقاومت به تنش حرارتی داشتند (Mastrangelo et al., 2023). هم‌چنین از دلایل دیگر متفاوت بودن مناطق ژنومی شناسایی شده در پژوهش حاضر با سایر پژوهش‌ها می‌توان به اندازه مختلف نمونه، تعداد و نوع نژادهای موردبررسی و روش‌های آماری متفاوت برای شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب مثبت اشاره کرد.

در این پژوهش برخی از ژن‌ها و جایگاه‌های ژنومی یافت شده در مرغ جدید می‌باشند. با توجه به عملکرد بیولوژیکی ژن‌های کاندیدای شناسایی شده در این پژوهش که منطبق با گزارشات پویش ژنومی پیشین در گونه‌های دیگر می‌باشد، می‌توان بروز فنوتیپی صفت مورد مطالعه را توجیه کرد. می‌توان با ادغام داده‌های پژوهش‌های مشابه جدید و استفاده از تجزیه‌های آماری جامع‌تر برای تأیید نتایج پژوهش حاضر استفاده کرد. از طرفی در این پژوهش به دلیل عدم دسترسی به رکوردهای فنوتیپی و اطلاعات ژنوتیپی مرتبط با صفت مورد مطالعه پژوهش حاضر در مرغان بومی کشور، از اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی مرغان کشور چین استفاده شد. لذا استفاده از نتایج این مطالعه در جمعیت‌های مرغان بومی کشور نیاز

به مطالعات بیشتر دارد تا در این جمعیت‌ها نیز تأیید شوند. بررسی بیش‌تر نواحی مهم ژنومی شناسایی‌شده، به‌ویژه مناطقی که شامل ژن‌های کاندیدا با اثر مستقیم بر ذخیره چربی بدن هستند، با استفاده از آزمون‌های آزمایشگاهی مختلف (بررسی چندشکلی در ژن‌های کاندیدا و یا بیان ژن) می‌تواند در تأیید نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش مؤثر باشند. به‌عبارت دیگر، با بررسی چند شکلی موجود در ژن‌های کاندیدی شناسایی‌شده مرتبط با صفت ذخیره چربی بدن از طریق مطالعات آزمایشگاهی مانند PCR-RFLP و PCR-SSCP در نژادهای مرغ بومی و در صورت تأیید نتایج به‌دست‌آمده را برای مطالعات اصلاحی به‌کار برد.

۵. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

در این مطالعه برای شناسایی نشانه‌های انتخاب از آماره مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی استفاده شد. بررسی ژن‌ها در نواحی تحت انتخاب مثبت نشان داد، ژن‌های موجود در این مناطق با متابولیسم چربی مرتبط هستند. هم‌چنین بررسی مناطق ژنومی شناسایی‌شده در این پژوهش با QTL‌های شناسایی‌شده در گونه مرغ نشان داد که در این مناطق ژنومی چندین QTL مرتبط با صفات چربی بدن گزارش شده است. با توجه به اهمیت اقتصادی صفات رشد در صنعت پرورش طیور، نتایج حاصل از این مطالعه می‌تواند منابع اطلاعاتی ارزشمندی در جهت شناسایی ژن‌های کاندیدی تولیدکننده چربی و مکانیسم مولکولی ذخیره چربی ارائه دهد. البته با توجه به این‌که در مطالعه حاضر دو لاین جوجه گوشتی بالا و پایین با یکدیگر مقایسه شدند، نیاز است ژن‌های کاندیدی شناسایی‌شده در مطالعات مستقل در جوجه‌های با وزن چربی بدنی موردآزمون قرار بگیرند و در صورت تأیید می‌توان آن‌ها را در برنامه‌های اصلاح نژادی و سیستم‌های تلاقی‌گری با هدف بهبود کیفیت لاشه استفاده کرد.

۶. ملاحظات اخلاقی

نویسندگان اصول اخلاقی را در انجام و انتشار این پژوهش علمی رعایت نموده‌اند و این موضوع مورد تأیید همه آنهاست.

۷. مشارکت نویسندگان

حسین محمدی: تهیه و آماده‌سازی نمونه‌ها، تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیکی و بازبینی و نهایی‌سازی مقاله؛
امیر حسین خلت‌آبادی فراهانی: تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها و مطالعه، بازبینی و نهایی‌سازی مقاله؛
مهديه مهدی‌پور: تهیه پیش‌نویس مقاله و بازبینی.

۸. تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

۹. تشکر و قدردانی

بدین‌وسیله از دانشگاه اراک به‌دلیل در اختیار گذاشتن سرورهای محاسبات سریع و از ژانگ و همکاران در دانشگاه علوم کشاورزی شمال شرقی چین به‌علت در دسترس قراردادن داده‌های تعیین ژنوتیپ شده، کمال تشکر را دارند.

۱۰. منابع

- Almeida, O.A.C., Moreira, G.C.M., Rezende, F.M., Boschiero C., de Oliveira, Peixoto J., Ibelli, A.M.G., Ledur, M.C., de Novais, F.J., & Coutinho, L.L. (2019). Identification of selection signatures involved in performance traits in a paternal broiler line. *BMC Genomics*, 20(1), 449.
- Coulombe, G., & Rivard, N. (2016). New and Unexpected Biological Functions for the Src-Homology 2 Domain-Containing Phosphatase SHP-2 in the Gastrointestinal Tract. *Cell Molecular Gastroenterology Hepatology*, 2, 11-21.
- Chen, L., X. Wang, D. Cheng, K. Chen, Y. Fan, G. Wu, J. You, S. Liu, H. Mao, and J. Ren. 2019. Population genetic analyses of seven Chinese indigenous chicken breeds in a context of global breeds. *Animal Genetics*, 50, 82-86.
- da Cruz, V.A., Schenkel, F.S., Savegnago, R.P., Grupioni, N.V., Stafuzza, N.B., Sargolzaei, M., Ibelli, A.M., Peixoto, Jde, O., Ledur, M.C., & Munari, D.P. (2015). Association of Apolipoprotein B and Adiponectin Receptor 1 Genes with Carcass, Bone Integrity and Performance Traits in a Paternal Broiler Line. *PLoS One*, 10(8), e0136824.
- Dou, D., Shen, L., Zhou, J., Cao, Z., Luan, P., Li, Y., Xiao, F., Guo, H., Li, H., & Zhang, H. (2022). Genome-wide association studies for growth traits in broilers. *BMC Genom Data*, 23(1), 11.
- Gurgul, A., Szmatoła, T., Ropka-Molik, K., Jasielczuk, I., Pawlina, K., Semik, E., & Bugno-Poniewierska, M. (2015). Identification of genome-wide selection signatures in the Limousin beef cattle breed. *Journal of Animal & Breeding Genetics*, 3, 1-13.
- Hu, M., Jiang, H., Lai, W., Shi, L., Yi, W., Sun, H., Chen, C., Yuan, B., Yan, S., & Zhang, J. (2023). Assessing Genomic Diversity and Signatures of Selection in Chinese Red Steppe Cattle Using High-Density SNP Array. *Animals*, 13, 1717.
- Letaief, R., Rebours, E., Grohs, C., Meersseman, C., Fritz, S., Trouilh, L., Esquerré, D., Barbieri, J., Klopp, C., Philippe, R., & Blanquet, V. (2017). Identification of copy number variation in French dairy and beef breeds using next-generation sequencing. *Genetics Selection Evolution*, 49(1), 77.
- Liu, D., Chen, Z., Zhao, W., Guo, L., Sun, H., Zhu, K., Liu, G., Shen, X., Zhao, X., Wang, Q., Ma, P., & Pan Y. (2021). Genome-wide selection signatures detection in Shanghai Holstein cattle population identified genes related to adaption, health and reproduction traits. *BMC Genomics*, 22(1), 747.
- Mastrangelo, S., Ben-Jemaa, S., Perini, F., Cendron, F., Biscarini, F., Lasagna, E., Penasa, M., & Cassandro, M. (2023). Genome-wide mapping of signatures of selection using a high-density array identified candidate genes for growth traits and local adaptation in chickens. *Genetics Selection Evolution*, 55(1), 20.
- Moreira, G.C.M., Boschiero, C., Cesar, A.S.M., Reecy, J.M., Godoy, T.F., Trevisoli, P.A., Cantão, M.E., Ledur, M.C., Ibelli, A.M.G., Peixoto, J.O., Moura, A.S.A.M.T., Garrick, D., & Coutinho, L.L. (2018). A genome-wide association study reveals novel genomic regions and positional candidate genes for fat deposition in broiler chickens. *BMC Genomics*, 19(1), 374.
- Moreira, G.C.M., Salvian, M., Boschiero, C., Cesar, A.S.M., Reecy, J.M., Godoy, T.F., Ledur, M.C., Garrick, D., Mourão, G.B., & Coutinho, L.L. (2019). Genome-wide association scan for QTL and their positional candidate genes associated with internal organ traits in chickens. *BMC Genomics*, 20(1), 669.
- Nadaf, J., Pitel, F., Gilbert, H., Duclos, M.J., Vignoles, F., Beaumont, C., Vignal, A., Simon, J., & Le Bihan-Duval, E. (2009). QTL for several metabolic traits map to loci controlling growth and body composition in an F2 intercross between high- and low-growth chicken lines. *Physiological Genomics*, 38(3), 241-9.
- Nones, K.M., Ledur, M.C., Zanella, E.L., Klein, C., Pinto, L.F., Moura, A.S., Burt, D.W., & Coutinho, L.L. (2012). Quantitative trait loci associated with chemical composition of the chicken carcass. *Animal Genetics*, 43(5), 570-576.
- Javanrouh, A., Vaez Torshizi, R., Masoudi, A. A., & Ehsani, A. (2017). Genome wide association study (GWAS) for body composition traits in a F2 population crosses of Arian broiler line and Azerbaijan native chicken. *Animal Sciences Journal*, 30(116), 231-246. (In Persian)
- Pouraskari, M., Harakinezhad, T., & Zandi, M. B. (2019). Study of SNPs associated with carcass fat in Afshari, Moghani and Qezel sheep breeds. *Animal Sciences Journal*, 32(123), 247-258. (In Persian).
- Qi, L., Xiao, L., Fu, R., Nie, Q., Zhang, X., & Luo, W. (2024). Genetic characteristics and selection signatures between Southern Chinese local and commercial chickens. *Poultry Science*, 103(7), 103863.

- Rachman, M.P., Bamidele, O., & Dessie, T. (2024). Genomic analysis of Nigerian indigenous chickens reveals their genetic diversity and adaptation to heat-stress. *Scientific Reports*, 14, 2209.
- Romanov, M.N., Shakhin, A.V., Abdelmanova, A.S., Volkova, N.A., Efimov, D.N., Fisinin, V.I., Korshunova, L.G., Anshakov, D.V., Dotsev, A.V., & Griffin, D.K. (2024). Dissecting Selective Signatures and Candidate Genes in Grandparent Lines Subject to High Selection Pressure for Broiler Production and in a Local Russian Chicken Breed of Ushanka. *Genes*, 15, 524.
- Tan, X., Liu, R., Li, W., Zheng, M., Zhu, D., Liu, D., Feng, F., Li, Q., Liu, L., Wen, J., & Zhao, G. (2022). Assessment the effect of genomic selection and detection of selective signature in broilers. *Poultry Science*, 101(6), 101856.
- Voight, B.F., Kudaravalli, S., Wen, X., & Pritchard, J.K. (2006). A map of recent positive selection in the human genome. *PLoS Biology*, 4, e72.
- Waineina, R.W., Okeno, T.O., Ilatsia, E.D., & Ngeno, K. (2022). Selection Signature Analyses Revealed Genes Associated with Adaptation, Production, and Reproduction in Selected Goat Breeds in Kenya. *Frontiers in Genetics*, 13, 858923.
- Xie, X.F., Wang, Z.Y., Zhong, Z.Q., Pan, D.Y., Hou, G.Y., & Xiao, Q. (2024). Genome-wide scans for selection signatures in indigenous chickens reveal candidate genes associated with local adaptation. *Animal*, 18(5), 101151.
- Zhang, H., Du, Z.Q., Dong, J.Q., & Wang, H.X. (2014). Detection of genome-wide copy number variations in two chicken lines divergently selected for abdominal fat content. *BMC Genomics*, 15, e517.
- Zhu, Y., Liu, X., Wang, Y., Liu, L., Wang, Y., Zhao, G., Wen, J., & Cui, H. (2022). Genome-Wide Association Study Revealed the Effect of rs312715211 in ZNF652 Gene on Abdominal Fat Percentage of Chickens. *Biology*, 11, 1849.