

Research Paper

Identification of Selection Signatures in Ducks Using Whole Genome Sequence Data

Hossein Mohammadi¹ , Amir Hossein Khaltabadi Farahani², and Mahdiah Mehdipour³

1- Assistant Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran, (Corresponding author: H-mohammadi64@araku.ac.ir)

2- Associate Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran

3- Assistant Professor, Department of Agriculture, Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST), Tehran, Iran

Received: 02 September, 2025

Revised: 17 November, 2025

Accepted: 29 December, 2025

Extended Abstract

Background: Compared to other poultry, ducks are more resistant to adverse environmental factors, thus they are less likely to become ill. Ducks are fast-growing poultry, and they are easy to raise. According to the need in industrial duck breeding, meat, egg, and even dual-purpose strains should be created so that they will cover the breeding costs and create the necessary productivity for the industry, depending on the purpose of breeding. Identification of selection-targeted genomic regions is one of the main aims of biological research. Domestication and selection have significantly changed the behavioral and phenotypic traits in modern domestic poultry. The selection of ducks by humans left detectable signatures on the genome of modern ducks. The identification of these signals can help us to improve the genetic characteristics of economically important traits in ducks. Interest in the detection of genes or genomic regions that are targeted by selection has been growing over the last decade. Identifying the signatures of selection can provide valuable insights into the genes or genomic regions that are or have been under selection pressure, which in turn leads to a better understanding of genotype-phenotype relationships. Poultry meat, particularly Pekin ducks, holds a significant global market share, prized for their high meat yield and fat content. However, the understanding of molecular genetic mechanisms influencing carcass yield in ducks is limited. This study aimed to identify effective genes related to important economic traits and genomic regions on positive signatures of selection in Pekin ducks using the selection signature method. For this purpose, iHS analyses-based linkage disequilibrium was conducted using genome-wide single-nucleotide polymorphisms (SNPs).

Methods: In this study, data from 643 Pekin ducks genotyped using the whole-genome re-sequencing data were generated on the Illumina HiSeq 4000 platform using 150- bp paired-end reads. They were used to identify genomic regions under selection associated with important economic traits in Pekin ducks. Quality control measures were performed in Plink by setting an animal call rate of 0.90, a SNP call rate of 0.90, and SNPs with minor allele frequencies (MAF) lower than 0.01 or that do not conform to the indep-pairwise 25 5 0.2 parameter and unknown position. After quality control of the initial data using Plink software (v1.90; <http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink>), 67,856 SNP markers in 643 ducks were finally entered for further analysis. To identify the signatures of selection, the statistical method of iHS was used under Selscan v.2.0 software. Candidate genes were identified by SNPs located at 1% upper range of iHS using Plink v1.9 software. Additionally, a gene enrichment analysis was performed with the DAVID software for the assignment of the genes to functional categories. Finally, GeneCards (<http://www.genecards.org>) and UniProtKB (<http://www.uniprot.org>) databases were also used to interpret the function of the obtained genes.

Results: Using the iHS approach, different genomic regions were identified on chromosomes related to economic traits. In this research, different sets of candidate genes related to production traits: *CSMD1*, *THYN1*, *ACAD8*, *CALCR*, *FOXO1*, *TMEM161A*, and *FRMPD3*, were identified in ducks. According to pathway analysis, 14 pathways from gene ontology and biological pathways were associated with the egg production trait.



Some of the found genes are consistent with some previous studies and are involved in biological pathways related to skeletal muscle growth and development, positive regulation of skeletal muscle fiber development, negative regulation of negative chemotaxis, release of sequestered calcium ion into cytosol, and cellular response to hormone stimulus. Considering that the economic coefficient of egg production in ducks is of great importance and is more important than the increase in the weight of breeding ducks, the economic activities of the station are more in line with increasing the number of chicks produced per breeding duck.

Conclusion: As global demand for duck meat rises, it drives researchers to concentrate on duck carcass traits to enhance meat yields, reflecting the industry's growth potential. Additionally, various genes that were found within these regions can be regarded as candidates under selection based on function. Most of the genes found under selection are consistent with some previous studies and are involved in reproductive traits. However, it will be necessary to carry out more association and functional studies to demonstrate the implications of these genes. Using these findings can accelerate the genetic progress in the breeding programs and can be used to understand the genetic mechanism controlling this trait. The results of our research can be used to understand the genetic mechanism controlling growth and egg production traits. Since this study supported previous results from a genome scan of production traits and revealed additional regions, using these findings could potentially be useful for genetic selection in ducks for better body weight. Finally, this study identifies candidate genes influencing egg production and carcass traits in Pekin ducks, offering genetic insights into optimizing breeding programs and economic potential.

Keywords: Body weight, Candidate gene, Egg production, GO analysis, Linkage disequilibrium

How to Cite This Article: Mohammadi, H., Khaltabadi Farahani, A. H., & Mehdipour, M. (2026). Identification of Selection Signatures in Ducks Using Whole Genome Sequence Data. *Res Anim Prod*, 17(2), 125-135. DOI: 10.61882/rap.2026.1516



مقاله پژوهشی

ردیابی نشانه‌های انتخاب در اردک با استفاده از داده‌های توالی‌یابی کل ژنوم

حسین محمدی^۱، امیر حسین خلت‌آبادی فراهانی^۲ و مهدیه مهدی‌پور^۳

۱- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط‌زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران، (نویسنده مسوول: H-mohammadi64@araku.ac.ir)

۲- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط‌زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران

۳- استادیار، پژوهشکده کشاورزی، سازمان پژوهش‌های علمی و صنعتی ایران، تهران، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۰/۰۸

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۸/۲۶
صفحه: ۱۲۵ تا ۱۳۵

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۶/۱۱

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: در مقایسه با سایر طیور، اردک در برابر عوامل نامساعد محیطی مقاوم‌تر است و دارای سرعت رشد نسبتاً بالایی است. همچنین، نسبت به پرورش مرغ نیاز به تأسیسات و تجهیزات کمتری برای دوره پرورشی دارد. از طرف دیگر، دسترسی به داده‌های توالی‌یابی کل ژنوم در گونه‌های مختلف، شناسایی مناطق ژنومی که هدف انتخاب بوده‌اند، اطلاعاتی در مورد مراحل تکامل گونه‌های مختلف از جمله اردک را فراهم می‌کند. به عبارت دیگر، اهلی‌سازی و انتخاب به شدت در خصوصیات ظاهری و رفتاری پرندگان اهلی امروز تغییر ایجاد کرده‌اند. در این مسیر، انتخاب‌های انجام شده توسط انسان نشانه‌های قابل شناسایی را در ژنوم اردک‌های امروزی به جا گذاشته‌اند که شناسایی این نشانه‌ها می‌تواند به اصلاح و بهبود ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در این پرندگان کمک کند. طی دهه‌های اخیر، تمایل به شناسایی مناطق ژنومی که حاوی ژن‌های کاندیدایی که هدف انتخاب بوده‌اند، با توجه به دسترسی و هزینه پایین تعیین ژنوتیپ رو به افزایش بوده است. شناسایی نشانه‌های انتخاب می‌تواند دیدگاه‌های ارزشمندی را در مورد ژن‌ها و یا مناطق ژنومی که تحت انتخاب مثبت بوده‌اند و یا هستند فراهم کند که به نوبه خود منجر به درک بهتر ارتباط ژنوتیپ با فنوتیپ می‌شود. هدف از این مطالعه، شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب مثبت و ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات مهم اقتصادی در اردک‌های نژاد پیکین از طریق روش آماری مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی است.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، اطلاعات ژنوتیپی مربوط به ۶۴۳ قطعه اردک با حداقل روابط خویشاوندی مربوط به نژاد پیکین که به وسیله پلت‌فرم Hiseq 4000 شرکت ایلومینا به صورت paired-end و طول خوانش ۱۵۰ جفت‌باز توالی‌یابی کل ژنوم شده بودند، استفاده گردید. ابتدا، جهت اطمینان از کیفیت داده‌های تعیین ژنوتیپ، مراحل مختلف کنترل کیفیت روی داده‌های اولیه تعیین ژنوتیپ شده قبل از آنالیزهای ژنومی انجام شدند. برای فیلتراسیون داده‌های ژنوتیپ شده، ابتدا نمونه‌هایی که فراوانی نرخ تعیین ژنوتیپ آن‌ها کمتر از ۹۰ درصد بود شناسایی و حذف شدند. در مرحله بعد، نشانگرهایی که حداقل فراوانی آلی در آن‌ها کمتر از ۱ درصد بود، حذف شدند. سپس، نشانگرهایی که نرخ تعیین ژنوتیپ آن‌ها در نمونه‌ها کمتر از ۹۰ درصد بود شناسایی و حذف شدند. در گام بعدی، برای شناسایی SNP‌های مستقل از نرم‌افزار PLINK استفاده شد. برای این منظور، با حذف SNP‌هایی که در حالت عدم تعادل پیوستگی بالایی با یکدیگر قرار داشتند، در پنجره‌هایی شامل SNP ۲۵ و با حرکت SNP ۵ رو به جلو در هر مرحله، SNP‌های دارای r^2 (معیار عدم تعادل پیوستگی) بیش از ۰/۲ با یکدیگر از مجموعه داده‌ها حذف شدند. پس از کنترل کیفیت داده‌های اولیه تعیین ژنوتیپ شده در برنامه PLINK (<http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink>؛ v1.90)، نهایتاً ۶۷۵۸۶ نشانگر SNP و ۶۴۳ قطعه پرده وارد آنالیزهای بعدی شدند. در مرحله بعدی، به منظور شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات مهم اقتصادی توسط آزمون iHS که مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی است، نرم‌افزار Selscan (نسخه ۲/۰) مورد استفاده قرار گرفت. ژن‌های کاندیدا با استفاده از SNP‌هایی که در بازه ۱ درصد ارزش بالای این آزمون واقع شده بودند، با استفاده از برنامه BioMart در پایگاه آنالیز Ensemble شناسایی شدند. همچنین، برای آنالیز غنی‌سازی مجموعه‌های ژنی با استفاده از برنامه آنالیز DAVID (DAVID 6.8; <https://david.ncicrf.gov/summary.jsp>) با هدف شناسایی مسیرهای هستی‌شناسی و مسیرهای بیوشیمیایی KEGG معنی‌دار مرتبط با صفات مهم اقتصادی انجام شد. در نهایت، برای تفسیر بهتر عملکرد ژن‌های به دست آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنالیز GeneCards (<http://www.genecards.org>) و UniProtKB (<http://www.uniprot.org>) استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج این پژوهش منجر به شناسایی مناطق ژنومی مختلفی کاندیدا با بالاترین ارزش آزمون iHS شدند. در تفسیر مجموعه‌های ژنی، تعداد ۱۴ مسیر هستی‌شناسی ژنی و بیوشیمیایی شناسایی شدند ($P < 0.05$). از این بین، مسیرهای تنظیم مثبت رشد و توسعه فیبرهای عضلات اسکلتی، آزادسازی یون کلسیم به درون سیتوزول، تنظیم منفی کموتاکسین‌های منفی، پاسخ سلولی به محرک‌های هورمونی، تنظیم مثبت رونویسی از الگوی DNA و پاسخ به محرک هورمون‌های پپتیدی بیشترین ضریب غنی‌سازی را داشتند. بررسی ژن‌های گزارش شده در این مناطق نشان داد که ژن‌های *FOXO1*, *THY1*, *CSMD1*, *FRMPD3* و *TMEM161A* در این مناطق حضور داشتند که عملکردهای مهمی را در ارتباط با رشد و توسعه عضلات بدن، فرایند تخم‌اندازی، تشکیل پوسته تخم، فسفریله کردن گلیکوپروتئین‌ها، کیفیت گوشت و تفرق سلول‌های استئوبلاست انجام می‌دهند.

نتیجه‌گیری: برخی از ژن‌های کاندیدای شناسایی شده در مناطق تحت انتخاب مثبت با مطالعات قبلی پوشش ژنومی در نژادهای مختلف گونه اردک و مرغ گزارش شده بودند. ژن‌ها نقش مؤثری در رشد و توسعه عضلات اسکلتی، رشد استخوان و غضروف و فرایند میوزن داشتند. با توجه به نقش کلیدی و مؤثر ژن‌های کاندیدای شناسایی شده بر صفات مهم اقتصادی شامل رشد بدن و تعداد تخم تولیدی در این تحقیق، در صورت تأیید به وسیله مطالعات تکمیلی، آن‌ها می‌توانند در انتخاب ژنتیکی گله‌های تجاری اردک از طریق پرندگان برتر باعث تسریع در پیشرفت ژنتیکی برنامه‌های اصلاح‌نژادی شوند.

واژه‌های کلیدی: آنالیز هستی‌شناسی، تولید تخم، ژن کاندیدا، عدم تعادل پیوستگی، وزن بدن

مقدمه

با کیفیت آن، در بسیاری از کشورهای جهان به ویژه در ایالات متحده، به طور گسترده پرورش داده می‌شود (Zhu et al., 2024). اردک پیکین دارای بدنی بزرگ با پره‌های سفید خالص و پاها و نوک نارنجی است. این اردک‌ها به دلیل رشد سریع و تولید گوشت زیاد و قابلیت جوجه‌آوری مناسب، انتخابی ایده‌آل برای پرورش‌دهندگان هستند.

در سال‌های اخیر، اردک به عنوان دومین پرنده اقتصادی گونه ماکیان بعد از مرغ در کشورهای مختلف پرورش داده می‌شود (Sun et al., 2024). اردک‌های نژاد پیکین یکی از نژادهای تجاری معروف دومانظوره و با تولید بالای تخم و کارایی خوراک مصرفی است (Liu et al., 2021). این نژاد در اصل از کشور چین سرچشمه می‌گیرد و به دلیل گوشت لذیذ و

علاوه بر این، اردک‌های پیکین به دلیل طبیعت آرام و سازگار خود، در میان پرورش‌دهندگان نیز محبوبیت بالایی دارند (Yu et al., 2024). با پیشرفت‌های اخیر در تهیه تراشه‌های

شناسایی نشانه‌های انتخاب از سه دیدگاه مهم است، اول این که این نشانه‌ها اطلاعات ارزشمندی در خصوص تکامل و مکانیسم‌های مؤثر بر تکامل را فراهم می‌کنند. دوم این که جایگاه‌های ژنی شناخته می‌شوند و تنوع ژنتیکی صفات کمی آشکار می‌شود. سوم این که اهلی‌سازی و انتخاب به شدت در ویژگی‌های ظاهری و رفتاری پرندگان اهلی امروزی تغییر ایجاد کرده‌اند. در این مسیر، انتخاب‌های انجام شده توسط انسان نشانه‌های قابل شناسایی را در ژنوم پرندگان امروزی به جا گذاشته‌اند که آشکار نمودن این نشانه‌ها می‌تواند به اصلاح و بهبود ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در این پرندگان کمک کند (Fleming et al., 2017; Mohammadi, 2024).

بر اساس مکانیسم عملکرد شناسایی نشانه‌های انتخاب، دسته‌بندی‌های مختلفی برای روش شناسایی وجود دارند. در حالت کلی، می‌توان این روش‌ها را در پنج دسته مجزا شامل آزمون‌های آماری بر پایه تمایز ژنومی جمعیت‌ها مانند FLK، F_{ST} و hapFLK (Fariello et al., 2013)، آزمون‌های آماری مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوتیپی مانند XP-EHH، iHS و R_{sb} (Tang et al., 2007)، آزمون‌های آماری مبتنی بر توزیع فراوانی آللی، مانند آزمون‌های Tajima's D و Fay & Wu's (Fay & Wu, 2000)، آزمون‌های آماری مبتنی بر کاهش مکانی تنوع ژنتیکی مانند آزمون ZHp و آزمون‌های آماری مبتنی بر جهش‌های تغییر دهنده عملکرد مانند $\omega = Dn/Ds$ (Nielsen et al., 2005) قرار داد.

آزمون آماری iHS یک روش جابه‌جایی انتخاب مبتنی بر هاپلوتیپ است که بر اساس تخمین هموزیگوسیتی هاپلوتیپ توسعه یافته (EHH) از هر SNP دو آللی که می‌تواند مشتق شده یا اجدادی باشد، محاسبه می‌شود. مجموع EHH بر روی مناطق مجاور از هسته SNP محاسبه شده به عنوان EHH یکپارچه نامیده می‌شود (Qanbari et al., 2014). بنا بر این، آن را به عنوان یک مقدار درون جمعیت توصیف می‌کند که از نسبت $iHHA$ و $iHHD$ که توسط (Voight et al., 2006) گزارش شده است، به دست می‌آید. با بررسی مطالعات انجام شده، منابع مرتبط با شناسایی نشانه‌های انتخاب برپایه آزمون iHS در گونه اردک بسیار محدود هستند. ولی برای روش iHS برای شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با صفات تولیدی و تولیدمثلی در نژادهای مختلف مرغ مطالعات زیادی انجام شده‌اند (Tian et al., 2023; Mastrangelo et al., 2023). در مطالعه‌ای که با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب و ژن‌های کاندیدا مرتبط با صفات مهم اقتصادی در اردک‌های نژاد Zhongshan انجام شد، ژن‌های کاندیدی *SEMA5B*، *MIB1*، *EDEM3*، *XYLB* و *BGLAP* و *MGP* را گزارش کردند.

شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب یکی از اهداف اساسی ژنتیک مولکولی است. حیوان‌های اهلی به دلیل این که افزون بر انتخاب طبیعی هدف انتخاب‌های مصنوعی قرار گرفته‌اند، نمونه‌های مناسب‌تری برای شناسایی نشانه‌های انتخاب^۱ در سطح ژنوم و شناسایی ژن‌های کاندیدی عملکردی به شمار می‌آیند (Toro-Ospina et al., 2022). البته با توجه به انتخاب‌های مصنوعی صورت گرفته بر روی ژنوم پرندگان اهلی در کنار انتخاب طبیعی و نیز عوامل مؤثری از قبیل اندازه‌ی مؤثر کوچک‌تر دام‌های اهلی و عدم تعادل پیوستگی ژنی بالاتر این گونه‌ها در مقایسه با انسان، این گونه‌ها نمونه مناسب‌تری برای شناسایی سیگنال‌های انتخاب در سطح ژنوم هستند (Voight et al., 2006).

مطالعات مختلف پوشش ژنومی با هدف شناسایی مناطق ژنومی و برآورد پارامترهای ژنتیکی مرتبط با کمیت و کیفیت تخم تولیدی و رشد بدن با اهداف بهبود برنامه‌های اصلاح‌نژادی در اردک‌های نژاد پیکین انجام شده‌اند (Oluwagbenga et al., 2022; Kroger et al., 2024; Zhou et al., 2024). علاوه بر این، نتایج تحقیقات گسترده در طی چند سال اخیر نشان داده‌اند که اهلی‌کردن و به دنبال آن شکل‌گیری نژادها و انتخاب طبیعی یا مصنوعی باعث ایجاد نشانه‌های انتخاب مثبت در مناطق ژنومی شده است (Cheruiyot et al., 2018). انتخاب می‌تواند منجر به تغییر فراوانی یک آلل در جمعیت شود در حالی که 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. بنا بر این، تفاوت به نسبت زیاد در فراوانی آللی بین جمعیت‌ها نیز می‌تواند به عنوان نشانه‌ای از انتخاب مثبت در جایگاه‌های ژنی مربوط به شمار آید (Chen et al., 2019).

اگر جهش به وجود آمده در سطح ژنوم باعث افزایش شایستگی افراد در جامعه شود، انتخاب باعث می‌شود تا افراد با شایستگی بالاتر هدف انتخاب مثبت قرار گیرند و سهم بالاتری در تشکیل نسل بعد داشته باشند. انتخاب‌های مثبت انجام شده روی یک آلل سودمند در طول ژنوم، باعث ایجاد نشانه‌هایی در سطح ژنوم می‌گردند. این نشانه‌ها عبارتند از ایجاد ساختارهای هاپلوتیپی، افزایش عدم تعادل پیوستگی ژنی، کاهش مکانی تنوع ژنتیکی و انحراف از توزیع فراوانی آللی (Qanbari et al., 2024).

^۱ Signature of Selection (SOS)

بیش از ۰/۲ دستور (indep-pairwise 25 5 0.2) با یکدیگر از مجموعه داده‌ها حذف شدند. در نهایت، بعد از کنترل کیفیت تعداد ۶۷۵۸۶ SNP برای آنالیزهای پویش کل ژنومی بر پایه نشانه‌های انتخاب باقی ماندند که توزیع نشانگرها روی کروموزوم‌های مختلف، متفاوت بود به‌طوری‌که بیشترین و کمترین تعداد SNP به‌ترتیب روی کروموزوم‌های ۱ و ۳۴ قرار داشتند.

ردیابی نشانه‌های انتخاب

در این پژوهش، برای شناسایی نشانه‌های انتخاب مرتبط با صفات مهم اقتصادی در سطح ژنوم از آماره iHS استفاده شد. آماره iHS یک آماره مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوتیپ است و مناطقی از ژنوم را که تحت انتخاب بوده‌اند از طریق آل‌های با هموزیگوسیتی هاپلوتیپی بسط داده شده یا EHH با فراوانی بالا در داخل یک جمعیت تشخیص می‌دهند و در شناسایی سیگنال‌هایی از انتخاب که هنوز تثبیت نشده‌اند مناسب هستند (Saravanan *et al.*, 2021; Toro-Ospina *et al.*, 2022).

آزمون iHS

EHH بر پایه ارتباط بین فراوانی یک آل و LD اطراف آن استوار است. انتخاب در یک جایگاه ژنومی از طریق آل‌هایی با فراوانی بالا و EHH بالا قابل تمایز است و به‌صورت (رابطه ۱) محاسبه می‌شود:

$$EHH = \frac{\sum_{i=1}^G \binom{n_i}{2}}{\binom{N}{2}} \quad (\text{رابطه ۱})$$

که در این معادله، G تعداد گروه‌های حامل یک هاپلوتیپ مرکزی بسط داده شده منحصر به فرد، n_i تعداد افراد داخل هر زیرگروه و N تعداد کل نمونه‌های حامل هاپلوتیپ مرکزی خاص هستند.

آماره iHS نیز بر پایه روش EHH توسعه یافته است. روش iHS در شناسایی سیگنال‌هایی از انتخاب که هنوز تثبیت نشده‌اند مناسب هستند. این آماره مناطقی از ژنوم را شناسایی می‌کند که در مقایسه با کل ژنوم به‌صورت غیر طبیعی دارای عدم تعادل پیوستگی بالاتری هستند. از مزایای دیگر آزمون آماری iHS زمانی که نمی‌توان به یک جمعیت مرجع مناسبی دسترسی داشت، این است که نتایج به‌دست آمده از این آماره قابل اعتمادتر خواهند بود (Waaineina *et al.*, 2022; Guan *et al.*, 2021).

در این روش، انتگرال زیرمنحنی EHH در تمام جایگاه‌های اطراف SNP مرکزی تا زمانی که EHH به ۰/۰۵ می‌رسد محاسبه و ارزش‌های به‌دست آمده برای آل‌های اجدادی و مشتق شده (غیر اجدادی) با هم مقایسه می‌شوند. این EHH انتگرال‌گیری شده در دو طرف آل مرکزی با هم جمع می‌شوند و بسته به این که مربوط به آل اجدادی یا مشتق شده باشند به‌ترتیب تحت عنوان iHH_A و iHH_D نامیده می‌شوند. سپس، ارزش‌های iHS با استفاده از (رابطه ۲) استاندارد می‌شوند.

$$iHS = \frac{\ln\left(\frac{iHH_A}{iHH_D}\right) - E_{ps}[\ln\left(\frac{iHH_A}{iHH_D}\right)]}{SD_{ps}[\ln\left(\frac{iHH_A}{iHH_D}\right)]} \quad (\text{رابطه ۲})$$

بررسی بیولوژیکی ژن‌های موجود در این مناطق با رشد و توسعه عضلات اسکلتی، رشد، اندازه بدن و تولید تخم مرتبط بود (Chen *et al.*, 2023). به تازگی، پژوهشی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب روی نژادهای اردک ChaoHu و Ji'an red کشور چین انجام شده است. این محققین ژن‌های *ELOVL1*, *PTCH1*, *MYLK*, *TGA8*, *BMP2*، *ASIP*، *HACD2* و *LOC101797494* را گزارش کرده‌اند که مرتبط با رشد بدن، ذخیره چربی و رنگدانه‌های بدن هستند (Lin *et al.*, 2024).

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، قبلاً با هدف آنالیز پویش کل ژنومی براساس مدل خطی کلاسیک (رگرسیون تک نشانگری) با در نظر گرفتن تصحیح بنفرونی برای تعیین آستانه معنی‌داری و جلوگیری از خطای نوع اول مرتبط با صفات بازده لاشه استفاده شدند. در مجموع، ۳۵ نشانگر تک‌نوکلئوتیدی معنی‌دار مرتبط با صفت مورد مطالعه گزارش شده‌اند. در نهایت، ژن‌های *MRO*، *SGSM1*، *AGBL5*، *KIF20B*، *TGS1* و *XKR4*، *PLAG1* ارتباط معنی‌داری با صفات چربی محوطه بطنی، ضخامت عضله سینه و وزن عضله سینه داشتند (Yu *et al.*, 2024).

تاکنون، تحقیقی در زمینه بررسی نشانه‌های انتخاب مرتبط با صفات مهم اقتصادی در نژاد پیکین انجام نشده است. بنا بر این، هدف از پژوهش حاضر شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدی مرتبط با صفات مهم اقتصادی در اردک‌های نژاد پیکین با استفاده از آماره iHS برای پویش نشانه‌های انتخاب مثبت است. این مطالعه می‌تواند مبنای انجام تحقیقات تکمیلی پویش کل ژنوم اردک پیکین به‌منظور شناسایی نواحی ژنومی مؤثر، جهت بهبود راندمان برنامه‌های انتخاب و استراتژی‌های اصلاح نژادی آن باشد.

مواد و روش‌ها

در پژوهش حاضر، از داده‌های توالی‌یابی شده کل ژنوم ۶۴۳ قطعه اردک خالص نژاد پیکین استفاده شد. توالی‌یابی کل ژنوم به‌صورت paired-end یا دو سویه توسط شرکت ایلومینا Hiseq 4000 انجام شد. داده‌های تعیین ژنوتیپ شده مورد استفاده در این پژوهش در پایگاه برخط NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/) با کد دسترسی (PRJNA1150340) در دسترس هستند. ابتدا، نشانگرهای SNP شناسایی شده از حذف و اضافه جدا و با استفاده از برنامه GATK (McKenna *et al.*, 2010) فیلتر شدند. سپس، با استفاده از برنامه PLINK (Purcell *et al.*, 2007)، SNP‌های دوآلی با حداقل فراوانی آلی بزرگ‌تر یا مساوی ۰/۰۱ که حداقل در ۹۵ درصد افراد دارای ژنوتیپ مشخص بودند، حفظ و مابقی حذف شدند. در نهایت، ۱۱۸۶۹۱۹ نشانگر SNP بعد از مراحل مختلف کنترل کیفیت باقی ماندند. سپس، برای شناسایی SNP‌های مستقل از نرم‌افزار PLINK استفاده شد. برای این منظور، با حذف SNP‌هایی که در حالت عدم تعادل پیوستگی بالایی با یکدیگر قرار داشتند، در پنجره‌هایی شامل SNP ۲۵ و با حرکت SNP ۵ گام به گام در هر مرحله، SNP‌های دارای r^2 (معیار عدم تعادل پیوستگی)

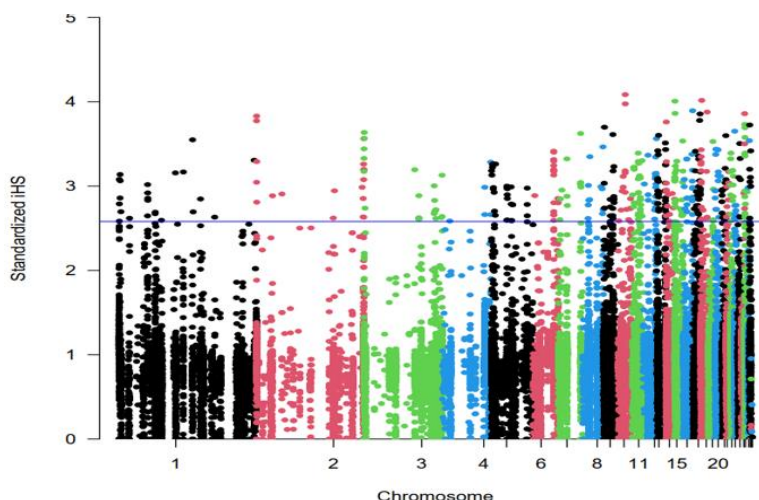
بهتر عملکرد ژن‌های به‌دست آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنالین GeneCards (<http://www.genecards.org>) و UniProtKB (<http://www.uniprot.org>) استفاده شد.

با توجه به این‌که تفسیر عملکردی (Annotation) ژنوم اردک هنوز تکمیل نشده است، پایگاه‌هایی که برای توصیف مکانیسم‌های بیوشیمیایی و شبکه ژنی موجود هستند، گونه اردک را قبول نمی‌کنند. لذا، از ژنوم مرغ جهت بررسی این‌که مناطق ژنومی شناسایی شده حاوی ژن خاصی هستند، در مناطق ارتولوگوس ژنوم مرغ به‌وسیله BioMart مورد بررسی قرار گرفت. به‌منظور شناسایی این‌که ژن‌های شناسایی شده در مرحله قبل در چه مراحل بیولوژیکی درگیر هستند، از برنامه آنالین DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/summary.jsp>) استفاده شد. تنها مسیرهای هستی‌شناسی که براساس ارزش P تصحیح شده در سطح 0.05 معنی‌دار بودند در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

جهت شناسایی بهتر سیگنال‌های انتخاب در سطح ژنوم به‌جای در نظر گرفتن ارزش عددی هر SNP، میانگین‌گیری ارزش‌های عددی SNP‌های مجاور به روش CW با طول ۱۰ SNP صورت گرفت و تنها یک درصد مناطقی از ژنوم که در آن تمام نشانگرهای مجاور دارای ارزش بالایی بودند، به‌عنوان نشانه‌های انتخاب شناسایی و تعیین شدند (شکل ۱).

در این فرمول، $iHHA = \text{هموزیگوسیتی هاپلوتیپ یکپارچه}$ اجدادی، $iHHD = \text{هموزیگوسیتی هاپلوتیپ یکپارچه مشتق شده}$ ، $ps = \text{فراوانی SNP مرکزی}$ ، $SD = \text{انحراف استاندارد}$ ، و $E = \text{امید ریاضی هستند}$. برای محاسبه آماره iHS و تعیین جایگاه‌های مورد انتخاب از بسته نرم‌افزاری Selscan (نسخه ۲/۰) در محیط لینوکس استفاده شد. جهت شناسایی بهتر نشانه‌های انتخاب، ارزش‌های عددی SNP‌ها به‌روش (Creeping Window, CW) تا حداکثر طول ۱۰ SNP‌های مجاور از میانگین‌گیری شدند (Qanbari *et al.*, 2014) و تنها ۱ درصد مناطقی از ژنوم که در آن تمام نشانگرهای مجاور دارای ارزش بالایی بودند، به‌عنوان نشانه‌های انتخاب شناسایی و تعیین شدند. آستانه‌ی تعیین شده سخت‌گیرانه است و فقط مناطقی از ژنوم که بیشترین تمایز جمعیتی را نشان می‌دهند، انتخاب شدند. این آستانه در مطالعات مختلف از یک درصد (Chen *et al.*, 2023) تا پنج درصد (Hu *et al.*, 2023) متغیر است. در این تحقیق، برای ترسیم گراف منتهن از بسته نرم‌افزاری ggplot2 در برنامه R (نسخه ۴/۲/۰) استفاده گردید. برای بررسی ژن‌های گزارش شده در این مناطق و ۵۰۰ کیلو جفت‌باز اطراف آن‌ها، پایگاه اطلاعاتی برخط Genes 113 Database Ensemble (www.ensembl.org/biomart) بر اساس نسخه ژنوم مرجع اردک (*CAU_duck1.0*) مورد استفاده قرار گرفت. برای تفسیر



شکل ۱- توزیع ارزش‌های آماره iHS در سطح ژنومی جمعیت اردک‌های نژاد پیکین: با موقعیت کروموزومی SNP‌ها بر روی محور X و ارزش‌های iHS استاندارد شده آن‌ها بر روی محور Y نمایش داده شده است. خط ترسیم شده نشان دهنده ۹۹ صدک کروموزوم‌های اوتوزومی است.

Figure 1. Distribution of iHS statistic values in the Pekin breed population: the SNP positions on different chromosomes are shown on the X-axis, and iHS values are plotted on the Y-axis. The values above the line are in the 99 percentiles of autosomal chromosomes.

مثبت مرتبط با تولید تخم، وزن بدن و رشد بوده‌اند مورد بحث و تحلیل قرار می‌گیرند.

طبقات عملکردی مختلف هستی‌شناسی و مسیرهای KEGG مرتبط با صفات مهم اقتصادی در جدول ۱ ارائه شده‌اند.

پس از شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب، ژن‌های موجود در این مناطق شناسایی و عملکرد بیوشیمیایی آن‌ها بررسی شدند (جدول ۱). ژن‌های مشخص شده در جدول ۱ عملکردهای متفاوتی در رشد و توسعه عضلات اسکلتی، رشد استخوان و غضروف، فرآیند میوز و توسعه بافت داشتند که می‌توانند به‌طور مستقیم و غیر مستقیم با صفت مهم اقتصادی مرتبط باشند. در این بخش، برخی از ژن‌ها که احتمالاً تحت انتخاب

گزارش شد (Li et al., 2023). همچنین، ارتباط معنی‌داری بین ژن *CALCR* با صفات میزان خوراک مصرفی و وزن بدن گزارش شد (Adams et al., 2018).

مسیر *response to a peptide hormone stimulus* از دیگر مسیرهای معنی‌دار در این پژوهش است. از میان پنج ژن کاندیدا معنی‌دار، ژن *TMEM161A* با تعداد تخم تولیدی مرتبط است. در مطالعه پویش ژنومی با هدف شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با تعداد تولید تخم در غازهای نژاد Sichuan، ژن کاندیدای *TMEM161A* مرتبط با تعداد تولید تخم در سنین ۴۸ و ۶۰ هفتگی گزارش شد (Gao et al., 2021). شاید بتوان مسیر *cellular response to hormone stimulus* را یکی از مهم‌ترین مسیرهای مؤثر بر فرآیند تولید تخم غاز دانست. در این مسیر، پروتئین‌های هدف فسفریله می‌شوند. فسفریلاسیون پروتئین نقش مهمی در بسیاری از فرایندهای سلولی دارد. از بین ژن‌های معنی‌دار در این مسیر مرتبط با وزن تخم‌مرغ می‌توان ژن *FRMPD3* را نام برد. ژن کاندیدای *FRMPD3* از جمله ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات تولید تخم است (Zhu & Jiang, 2014). به‌طوری‌که افزایش بیان ژن کلیدی *FRMPD3* در توسعه فولیکول تخمدانی و تخمک‌اندازی گزارش شده است. در مطالعه قبلی پویش ژنومی مرتبط با تعداد تخم تولیدی در کل دوره تولید که براساس مدل خطی مختلط تک متغیره انجام شد، ژن کاندیدای *FRMPD3* گزارش شد (Zhao et al., 2020) که با پژوهش حاضر هم‌خوانی دارد.

با توجه به عملکرد بیولوژیکی ژن‌های کاندیدا و مسیرهای مهمی هستی‌شناسی شناسایی شده مرتبط با صفات مهم اقتصادی در این پژوهش، به‌نظر می‌رسد که این ژن‌ها در بروز فنوتیپی صفات رشد بدن و تولید تخم نقش ایفاء می‌کنند. در نتیجه، می‌توان کارایی آزمون آماری iHS برای شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب مثبت صفات مهم اقتصادی را نیز مورد تأیید قرار داد. همچنین، با بررسی چندشکلی موجود در ژن‌های کاندیدای شناسایی‌شده مرتبط با صفات رشد بدن و تولید تخم از طریق مطالعات آزمایشگاهی در نژادهای مختلف اردک، نتایج به‌دست‌آمده را می‌توان برای مطالعات اصلاحی (انتخاب در جهت کاهش یا افزایش بیان و فراوانی ژن‌های مهم) به‌کار برد. البته، به‌دلیل اطلاعات ناقص مربوط به عملکرد ژن‌ها در گونه اردک و همچنین در دسترس بودن تنها اطلاعات ژنومی یک نژاد در این مطالعه، مطالعات گسترده‌تر با تعداد نمونه‌های بیشتر و تجزیه و تحلیل چند جمعیت جداگانه، ادغام داده‌های تحقیقات مشابه جدید و استفاده از آنالیزهای آماری جامع‌تر درک بهتری از ژن‌های کاندید برای صفات رشد و تولید تخم در جمعیت اردک ایجاد خواهد کرد. با توجه به اهمیت پرورش اردک، افزایش اطلاعات در این زمینه تأثیر مناسبی بر طراحی برنامه‌های اصلاح‌نژادی و افزایش بهره‌وری گله‌های اردک خواهد داشت.

از مسیرهای هستی‌شناسی معنی‌دار مرتبط با تولید و وزن تخم در اردک، مسیرهای *positive regulation of peptide hormone secretion* و *transmembrane transporter activity* به‌دست آمدند که جزء فرایندهای زیستی هستند. از میان ژن‌های کاندیدای موجود در این مسیرها، ژن‌های *CSMD1* و *THYNI* بیشترین ارتباط را با تولید نشان دادند. در مطالعه‌ای که با هدف آنالیز ترانسکریپتوم در تخمدان و بخش‌هایی از اویدوکت (مگنوم، ایستوموس و رحم) در طول زمان تشکیل تخم‌مرغ انجام شد، ژن *CSMD1* جزء ژن‌های کاندیدا معنی‌دار مرتبط با تشکیل آلبومین دارای $3/2$ fold change بود (Chen et al., 2021). همچنین، ژن کاندیدای *THYNI* در بین ژن‌های این مجموعه ژنی قرار داشت و محصول این ژن، پروتئینی مرتبط با کانال پتاسیمی است. این کانال با تغییر پتانسیل الکتریکی غشاء و یا با افزایش غلظت درون‌سلولی کلسیم باز شده، پتاسیم به درون سلول وارد و سبب برقراری تعادل الکتریکی در دو طرف غشاء می‌شود (www.uniprot.org). در مطالعه‌ای با هدف شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با وزن تخم‌مرغ طی یک دوره تولید در مرغان تخم‌گذار، ارتباط معنی‌داری بین ژن *THYNI* و وزن تخم‌مرغ گزارش شد (Yuan et al., 2015).

از مسیرهای دیگر فرایندهای زیستی معنی‌دار مرتبط با تولید می‌توان به مسیرهای *positive regulation of skeletal muscle fiber development* و *negative regulation of negative chemotaxis* اشاره کرد. از بین ژن‌های معنی‌دار در این مسیر، ژن‌های کاندیدای *MPP5* و *ACAD8* در مطالعات قبلی در ارتباط با تولید گزارش شده‌اند. ژن‌های خانواده MPP از جمله *MPP5* در هموستازی فیبرهای ماهیچه‌ای و ماتریکس خارج سلولی نقش مهمی ایفاء می‌نمایند. همچنین، گزارش شده است که ژن‌های خانواده MPP می‌توانند با تخریب بافت‌های همبند و کلاژنی اطراف فیبرهای ماهیچه‌ای موجب بازسازی ماتریکس خارج سلولی فیبرهای ماهیچه‌ای شوند (www.genecards.org). جایگاه ژنی *MPP5* جزء مکان‌های تحت انتخاب نژادهای مرغ مصری گزارش شده است (Walugembe et al., 2019). همچنین، در مطالعه پویش ژنومی با هدف شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با تولید در اردک‌های نژاد Shaoxing، ژن کاندیدای *ACAD8* مرتبط با تعداد تولید تخم و وزن در سن ۲۴ هفتگی گزارش شد (Xu et al., 2022).

از مسیرهای معنی‌دار دیگر مرتبط با صفات تولیدی، مسیرهای *Positive regulation of transcription, DNA-templated* و *release of sequestered calcium ion into cytosol* شامل ژن‌های کاندیدای *FOXO1* و *CALCR* بودند. ژن نقش مؤثری در تنظیم متابولیسم گلوکز در بدن دارد و ژن *CALCR* در فسفریله کردن گلیکوپروتئین‌ها و تشکیل استخوان در انسان و موش از طریق تفرق سلول‌های استئوبلاست نقش کلیدی دارد (Davis et al., 2019). در مطالعه پویش ژنومی با هدف شناسایی نشانه‌های انتخاب مثبت در اردک‌های نژاد Shaoxing، Jinding و Fujian Shanma، ارتباط معنی‌دار ژن *CALCR* با کمیت و کیفیت گوشت تولیدی

در مجموع، نتایج این تحقیق می‌توانند منابع اطلاعاتی با ارزشی را در جهت شناسایی ژن‌های متمایز کننده و شناسایی نواحی ژنومی کاندید برای بسیاری از صفات مهم اقتصادی فراهم آورند. همچنین، از اطلاعات این تحقیق می‌توان در تحقیقات مرتبط با انتخاب ژنومی، طراحی سیستم‌های آمیزشی و مطالعات تکمیلی استفاده نمود.

جدول ۱- تجزیه و تحلیل غنی‌سازی مجموعه‌های ژنی به‌طور معنی‌دار ($P < 0.05$) مرتبط با صفات تولیدی در اردک

Table 1. Gene set enrichment analysis significantly ($P < 0.05$) associated with production traits in ducks

GO ID	Term GO	No. of genes in the GO term	Candidate genes ¹	P-adjust
فرآیندهای بیولوژیکی Biological process				
GO:0090277	Positive regulation of peptide hormone secretion	14	LAMA2, LAMC2, ITGB3, ITGA2B, LAMB4, GP1BA, ITGB8, LAMA1, LAMB2, CSMD1	0.039
GO:1901019	Regulation of calcium ion transmembrane transporter activity	16	LOC101803633, AKR1D1, SRD5A3, HSD11B2, HSD17B2, FCHSD2, SRD5A1, LOC101795569, LOC101803865, LOC101790812, THYN1	0.048
GO:0007472	Release of sequestered calcium ion into cytosol	30	HEXA, CALCR, GNPDA1, TSTA3, PGM3, FPGT, UGDH, NANS, GALK1, GMPPB, GNPNTA1, UAP1, GNPDA2, NANP	0.005
GO:0030241	Negative regulation of negative chemotaxis	26	EHHADH, ACOX3, SCD, ACSBG1, ACAD8, OXSM, ACSBG2, ACSL1, ACOX1, TECR, ACSL5, ACAT2, HACD1, FADS1, FADS2, SCD5, ELOVL2, ACADL	0.017
GO:0051592	Positive regulation of skeletal muscle fiber development	36	LOC101790524, ALDOB, ALDH7A1, ALDH18A1, ASL, MAT2B, ASS1, MPP5, CTH, PFKM, PFKL, AADAT, GAPDH, CPS1, TMEM161A, PRKAB2, G6PC2, PRKAR2A, PDE3B, SH2B2, GYS2, SOCS4, TSC1, IKBKB, GSK3B, SORBS1, INSR, SOS1, PYGL, SHC4, MAP2K1	0.021
GO: 0043434	Response to a peptide hormone stimulus	18	MPI, FRMPD3, SORD, TSTA3, FPGT, PFKL, FUK, GMPPB, TIGAR	0.023
GO:0032870	Cellular response to hormone stimulus	42	MAPK11, CACNA1S, PDGFB, MAP3K14, DUSP3, IL1R2, FGF9, RRS2, RAPGEF2, DUSP8, PLA2G4B, DUSP10, DDIT3, ARRB1, EGFR, SOS1, FGF19, EGF, NFATC1, ARID1B, OTX2, FOXO1, ETS1, TOX3, FOXL2, MYC, SUPT3H	0.029
GO: 0042058	Regulation of the epidermal growth factor receptor signaling pathway	29	YTHDF1, FTO	0.035
GO:0045893	Positive regulation of transcription, DNA-template	14	PLA2G3, ENPP2, LA2G1B, PLB1, ENPP6, PLA2G4F, PLD4, PLA2G4B	0.013
GO:0044381	Glucose import in response to insulin stimulus	37		0.0209
اجزای سلولی Cellular component				
GO:0030054	Cell junction	15	SRC, MYH9, JAM2, TJPI, SHROOM2, MYH10, CLDN2	0.045
GO:0034703	Cation channel complex	36	EPB41, MAGI2, MPDZ, MAGI1, EPB41L2, PRKCD, RRAS2	0.040
مسیرهای KEGG KEGG Pathways				
apla04080	Neuroactive ligand-receptor interaction	72	ITPR2, ATP2A3, ADRB3, SLC25A6, ADCY8, ADCY2, ITPR1, PLCD1, SLC8A3, ERBB4, PLCG1, PLCE1, PDGFRB, PLCB4, ADRB1	0.023
apla00500	Starch and sucrose metabolism	49	TGIF2, BMPRIA, BAMBI	0.049

تحقیق که منطبق با گزارشات پویش ژنومی پیشین مخصوصاً در گونه مرغ است، می‌توان بروز فنوتیپی صفات مهم اقتصادی را توجیه کرد. در مجموع، نتایج این تحقیق می‌توانند منابع اطلاعاتی با ارزشی را در جهت شناسایی ژن‌های مرتبط با افزایش وزن بدن و تخم‌تولیدی ارائه دهند و آغازی برای بررسی‌های بیشتر در این زمینه و استفاده از اطلاعات به‌دست آمده در شناسایی ویژگی‌های ژنتیکی این صفات مهم اقتصادی در صنعت پرورش اردک باشند.

نتیجه‌گیری کلی

در این مطالعه، برای شناسایی نشانه‌های انتخاب مثبت از آماره iHS استفاده شد و نشانه‌های انتخاب در بخش‌هایی از ژنوم شناسایی شدند که برخی از این مناطق در بررسی‌های پیشین نیز تأیید شده بودند. در این پژوهش، اغلب ژن‌ها و جایگاه‌های ژنومی یافت شده در اردک جدید هستند و هیچ‌گونه تحقیقی بر روی این ژن‌ها در اردک انجام نشده است. با توجه به عملکرد بیولوژیکی ژن‌های کاندیدای شناسایی شده در این

References

- Adams, J. M., Pei, H., Sandoval, D. A., Seeley, R. J., Chang, R. B., & Liberles, S. D. (2018). Liraglutide modulates appetite and body weight through glucagon-like peptide 1 receptor-expressing glutamatergic neurons. *Diabetes*, 67, 1538–1548. doi: 10.2337/db17-1385. Epub 2018 May 18
- Chen, L., Wang, X., Cheng, D., Chen, K., Fan, Y., Wu, G., You, J., Liu, S., & Ren J. (2019). Population genetic analyses of seven Chinese indigenous chicken breeds in a context of global breeds. *Animal Genetics*, 50, 82–86. doi: 10.1111/age.12732. Epub 2018 Nov 13
- Chen, X., Sun, X., Chimbaka, I. M., Qin, N., Xu, X., Liswaniso, S., Xu, R., & Gonzalez J. M. (2021). Transcriptome analysis of ovarian follicles reveals potential pivotal genes associated with increased and decreased rates of chicken egg production. *Frontiers in Genetics*, 12, 622751. doi:10.3389/fgene.2021.622751
- Chen, H., Luo, K., Wang, C., Xuan, R., Zheng, S., Tang, H., Li, Y., Xiong, Y., Wu, Y., Wang, L., Ouyang, J., & Yan, X. (2023). Genomic characteristics and selection signals of Zhongshan ducks. *Animal*, 17(5), 100797. doi: 10.1016/j.animal.2023.100797
- Cheruiyot, E. K., Bett, R. C., Amimo, J. O., Zhang, Y., Mrode, R., & Mujibi, F. D. N. (2018). Signatures of Selection in Admixed Dairy Cattle in Tanzania. *Frontiers in Genetics*, 9, 607. doi:10.3389/fgene.2018.00607
- Davis, R. B., Ding, S., Nielsen, N. R., Pawlak, J. B., Blakeney, E. S., & Caron, K. M. J. (2019). Calcitonin-receptor-like receptor signaling governs intestinal lymphatic innervation and lipid uptake. *ACS Pharmacology & Translational Science*, 2, 114–121. doi:10.1021/acsptsci.8b00061
- Fariello, M. I., Servin, B., Tosser-Klopp, G., Rupp, R., Moreno, C., International Sheep Genomics Consortium. (2014). Selection Signatures in Worldwide Sheep Populations. *PLoS ONE*, 9(8), e103813. doi: 10.1371/journal.pone.0103813
- Fay, J. C., & Wu, C. I. (2000). Hitchhiking under positive Darwinian selection. *Genetics*, 155, 1405–1413. doi: 10.1093/genetics/155.3.1405
- Fleming, D. S., Weigend, H., Simianer, A., Weigend, M., Rothschild, C., Schmidt, C., Ashwell, M., Persia, J., & Lamont, S. (2017). Genomic comparison of indigenous African and Northern European chickens reveals putative mechanisms of stress tolerance related to environmental selection pressure. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7(5), 1525–1537. doi: 10.1534/g3.117.041228
- Gao, G., Gao, D., Zhao, X., Xu, S., Zhang, K., Wu, R., Yin, C., Li, J., Xie, Y., Hu, S., & Wang, Q. (2021). Genome-wide association study-based identification of SNPS and haplotypes associated with goose reproductive performance and egg quality. *Frontiers in Genetics*, 12, 602583. doi: 10.3389/fgene.2021.602583
- Guan, D., Martínez, A., Luigi-Sierra, M. G., Delgado, J. V., Landi, V., Castelló, A., Fernández Álvarez, J., Such, X., Jordana, J., & Amills, M. (2021). Detecting the footprint of selection on the genomes of Murciano-Granadina goats. *Animal Genetics*, 52(5), 683–693. doi: 10.1111/age.13113
- 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. doi: 10.3390/ani13101717
- Huang, C., Zhao, Q., Chen, Q., Su, Y., Ma, Y., Ye, S., & Zhao, Q. (2024). Runs of Homozygosity Detection and Selection Signature Analysis for Local Goat Breeds in Yunnan, China. *Genes*, 15, 31. doi: 10.3390/genes15030313
- Kroger, C. A., Lee, W., Fraley, G. S., Brito, L. F., & Karcher, D. (2024). Genetic parameters for egg quality traits in Pekin ducks. *Poultry Science*, 103(12), 104264. doi:10.1016/j.psj.2024.104264
- Li, T., Wang, Y., Zhang, Z., Ji, C., Zheng, N., & Huang Y. (2024). A comparative analysis reveals the genomic diversity among 8 Muscovy duck populations. *G3 (Bethesda)*, 14(7), jkae112. doi: 10.1093/g3journal/jkae112
- Lin, R., Li, H., Lin, W., Yang, F., Bao, X., Pan, C., Lai, L., & Lin W. (2024). Whole-genome selection signature differences between Chaohu and Ji'an red ducks. *BMC Genomics*, 25(1), 522. doi:10.1186/s12864-024-10339-6
- Liu, H., Wang, L., Guo, Z., Xu, Q., Fan, W., Xu, Y., Hu, J., Zhang, Y., Tang, J., Xie, M., Zhou, Z., & Hou, S. (2021). Genome-wide association and selective sweep analyses reveal genetic loci for FCR of egg production traits in ducks. *Genetic Selection Evolution*, 53(1), 98. doi: 10.1186/s12711-021-00684-5.
- 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. *Genetic Selection Evolution*, 55(1), 20. doi:10.1186/s12711-023-00790-6
- Mohammadi, H. (2024). A Genome-wide Association Study based on Pathway Analysis Related to the Angle Wing in Pekin Ducks using Whole-Genome Sequencing Data. *Research on Animal Production*. 15(2), 32–43. doi:10.61186/rap.15.2.32 [In Persian]

- McKenna, A., Hanna, M., Banks, E., Sivachenko, A., Cibulskis, K., Kernysky, 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. doi:10.1101/gr.107524.110
- 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]
- Nielsen, R., Williamson, S., Kim, Y., Hubisz, M.J., Clark, A.G., & Bustament, C. (2005). Genomic scans for selective sweeps using SNP data. *Genome Research*, 15, 1566-1575. doi:10.1101/gr.4252305
- Oluwabenga, E. M., Tetel, V., Schober, J., & Fraley, G. S. (2022). Chronic heat stress part 1: Decrease in egg quality, increase in cortisol levels in egg albumen, and reduction in fertility of breeder Pekin ducks. *Frontiers in Physiology*, 13, 1019741. doi:10.3389/fphys.2022.1019741
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P. I., Daly, M. J., & Sham, P. C. (2007). PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 81(3), 559-75. doi:10.1086/519795
- Qanbari, S., Pausch, H., Jansen, S., Somel, M., & Strom, T. M. (2014). Classic Selective Sweeps Revealed by Massive Sequencing in Cattle. *PLoS Genetics*, 10(2), e1004148. doi:10.1371/journal.pgen.1004148
- Rahimadad, S., Ghaffari, M., Mokhbe, R. M., & Williams, J. L. (2021). Linkage disequilibrium and effective population size of buffalo populations of Iran, Turkey, Pakistan, and Egypt using a medium density SNP array. *Frontiers in Genetics*, 12, 608186. doi:10.3389/fgene.2021.608186
- Saravanan, K. A., Panigrahi, M., Kumar, H., Parida, S., Bhushan, B., Gaur, G. K., Dutt, T., Mishra, B. P., & Singh, R. K. (2021). Genomic scans for selection signatures revealed candidate genes for adaptation and production traits in a variety of cattle breeds. *Genomics*, 113(3), 955-963. doi:10.1016/j.ygeno.2021.02.009
- Sun, Y., Li, Y., Jiang, X., Wu, Q., Lin, R., Chen, H., Zhang, M., Zeng, T., Tian, Y., Xu, E., Zhang, Y., & Lu, L. (2024). Genome-wide association study identified candidate genes for egg production traits in the Longyan Shan-ma duck. *Poultry Science*, 103(9), 104032. doi:10.1016/j.psj.2024.104032
- Tang, K., Thornton, K.R., & Stoneking, M. (2007). A new approach for using genome scans to detect recent positive selection in the human genome. *PLoS Biology*, 5, e171. doi:10.1371/journal.pbio.0050171
- Toro-Ospina, A. M., Herrera Rios, A. C., Bizarria Santos, W., Pimenta Schettini, G., & Vallejo Aristizabal, V. H. (2022). Genetic Architecture and Signatures of Selection in the Caqueteño Creole (Colombian Native Cattle). *Diversity*, 14, 828.
- Tian, S., Tang, W., Zhong, Z., Wang, Z., Xie, X., Liu, H., Chen, F., Liu, J., Han, Y., Qin, Y., Tan, Z., & Xiao, Q. (2023). Identification of Runs of Homozygosity Islands and Functional Variants in Wenchang Chicken. *Animals (Basel)*, 13(10), 1645. doi:10.3390/ani13101645
- Waaineina, 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. doi:10.3389/fgene.2022.858923
- Walugembe, M., Bertolini, F., & Dematawewa, C.M.B. (2019). Detection of selection signatures among Brazilian, Sri Lankan, and Egyptian chicken populations under different environmental conditions. *Frontiers in Genetics*, 9, 737. doi:10.3389/fgene.2018.00737
- Voight, B. F., Kudravalli, S., Wen, X., & Pritchard J. K. (2006). A map of recent positive selection in the human genome. *PLoS Biology*, 4, e72. doi:10.1371/journal.pbio.0040072
- Xu, W., Wang, Z., Qu, Y., Li, Q., Tian, Y., Chen, L., Tang, J., Li, C., Li, G., Shen, J., Tao, Z., Cao, Y., Zeng, T., & Lu, L. (2022). Genome-Wide Association Studies and Haplotype-Sharing Analysis Targeting the Egg Production Traits in Shaoxing Duck. *Frontiers in Genetics*, 13, 828884. doi:10.3389/fgene.2022.828884
- Yuan, J., Sun, C., Dou, T., Yi, G., Qu, L., & Quan, L. (2015). Identification of Promising Mutants Associated with Egg Production Traits Revealed by Genome-wide Association Study. *PLoS One*, 10(10), e0140615. doi:10.1371/journal.pone.0140615
- Yu, J. Z., Zhou, J., Yang, F. X., Hao, J. P., Hou, Z. C., & Zhu, F. (2024). Genome-wide association analysis identifies candidate genes for carcass yields in Peking ducks. *Animal Genetics*, 55(6), 833-837. doi:10.1111/age.13480
- Zhao, Q., Chen, J., Zhang, X., Xu, Z., Lin, Z., Li, H., Lin, W., & Xie, Q. (2020). Genome-Wide Association Analysis Reveals Key Genes Responsible for Egg Production of Lion Head Goose. *Frontiers in Genetics*, 10, 1391. doi:10.3389/fgene.2019.01391
- Zhou, Z., Li, M., Cheng, H., Fan, W., Yuan, Z., & Gao, Q. (2018). An intercross population study reveals genes associated with body size and plumage color in ducks. *Nature Communications*, 9, 2648. doi:10.1038/s41467-018-04868-4

- Zhou, J., Yu, J. Z., Zhu, M. Y., Yang, F. X., Hao, J. P., He, Y., Zhu, X. L., Hou, Z. C., & Zhu, F. (2024). Genome-Wide Association Analysis and Genetic Parameters for Egg Production Traits in Peking Ducks. *Animals (Basel)*, 14(13), 1891. doi: 10.3390/ani14131891
- Zhu, G., & Jiang, Y. (2014). Polymorphism, genetic effect and association with egg production traits of chicken matrix metalloproteinases 9 promoter. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, 27, 1526-1531. doi: 10.5713/ajas.2014.14209