Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Research on Animal Production, Vol. 17, Issue 2, 2026 p: 125-135

OPEN ACCESS

Research Paper

Identification of Selection Signatures in Ducks Using Whole Genome Sequence Data

Hossein Mohammadi[1], Amir Hossein Khaltabadi Farahani[2], and Mahdieh Mehdipour[3]

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.

Copyright ©2026. Mohammadi et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

OPEN ACCESS

مقاله پژوهشی

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

حسین محمّدی[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 دریافت: ۱۴۰۴/۰۶/۱۱ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۸/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۰/۰۸
صفحه: ۱۲۵ تا ۱۳۵

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. به‌عبارت دیگر، اهلی‌سازی و انتخاب به‌شدت 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 به‌جا 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 منجربه 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 به‌وسیله پلت‌فرم Hiseq 4000 شرکت ایلومینا به‌صورت 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 آللی 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 ۲۵ SNP و با حرکت ۵ SNP 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 (v1.90; http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink)، نهایتاً ۶۷۵۸۶ نشانگر SNP و ۶۴۳ قطعه پرنده وارد آنالیزهای بعدی شدند. در مرحله بعدی، به‌منظور شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات مهم اقتصادی توسط آزمون iHS که مبتنی‌بر عدم تعادل پیوستگی است، نرم‌افزار Selscan (نسخه ۲/۰) مورد استفاده قرار گرفت. ژن‌های کاندیدا با استفاده از SNPهایی که در بازه‌ی ۱ درصد ارزش بالای این آزمون واقع شده بودند، با استفاده از برنامه BioMart در پایگاه آنلاین Ensemble شناسایی شدند. همچنین، برای آنالیز غنی‌سازی مجموعه‌های ژنی با استفاده از برنامه آنلاین DAVID (DAVID 6.8; https://david.ncifcrf.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 به‌دست آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنلاین GeneCards (http://www.genecards.org) و UniProtKB (http://www.uniprot.org) استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج این پژوهش منجربه شناسایی مناطق ژنومی مختلفی کاندیدا با بالاترین ارزش آزمون آماره 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 عضات 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 گزارش‌شده در این مناطق نشان داد که ژن‌های *CSMD1*، *THYN1*، *FOXO1*، *ACAD8*، *CALCR*، *TMEM161A* و *FRMPD3* در این مناطق حضور داشتند که عملکردهای مهمی را در ارتباط با رشد و توسعه‌ی عضلات بدن، فرآیند تخمک‌اندازی، تشکیل پوسته تخم، فسفریله کردن گلیکوپروتئین‌ها، کیفیت گوشت و تفرق سلول‌های استئوبلاست انجام می‌دهند.

نتیجه‌گیری: برخی از ژن‌های کاندیدای شناسایی‌شده در مناطق تحت انتخاب مثبت با مطالعات قبلی پویش 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 فرآیند میوژنز 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 به‌وسیله 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

در سال‌های اخیر، اردک به‌عنوان 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 دومنظوره و با تولید بالای تخم و کارایی خوراک مصرفی است (Liu et *al.*, 2021). این نژاد در اصل از کشور چین سرچشمه می‌گیرد و به‌دلیل گوشت لذیذ و با کیفیت آن، در بسیاری از کشورهای جهان به ویژه در ایالات متحده، به‌طور گسترده پرورش داده می‌شود (Zhu *et al.*, 2024) اردک پیکین دارای بدنی بزرگ با پرهای سفید خالص و پاها و نوک نارنجی است. این اردک‌ها به‌دلیل رشد سریع و تولید گوشت زیاد و قابلیت جوجه‌آوری مناسب، انتخابی ایده‌آل برای پرورش‌دهندگان هستند.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

علاوه بر این، اردک‌های پیکین به‌دلیل طبیعت آرام و سازگار خود، در میان پرورش‌دهندگان نیز محبوبیت بالایی دارند (Yu *et al*., 2024). با پیشرفت‌های اخیر در تهیه تراشه‌های SNP طیور و استفاده از چند شکلی در تک‌نوکلئوتیدی‌ها به‌عنوان نشانگر، پوشش کامل ژنوم و نقشه‌یابی با وضوح بالاتر که با روش‌های پیشین از قبیل نشانگرهای ریزماهواره و یا سایر نشانگرهای بیولوژیکی مقدور نبود، امکان‌پذیر گردید که بهبود صحت مکان‌یابی QTLها و نواحی ژنومی مؤثر بر صفات تولیدی را در پی داشته است. استفاده از داده‌های کل ژنوم یا به‌طور کلی داده‌های DNA و به کارگیری آن می‌تواند زمینه‌ساز ورود به عصر پساژنومی در اصلاح‌نژاد پرندگان اهلی گردد (Li *et al.,* 2024).

شناسایی مناطق ژنومی تحت انتخاب یکی از اهداف اساسی ژنتیک مولکولی است. حیوان‌های اهلی به‌دلیل این‌که افزون بر انتخاب طبیعی هدف انتخاب‌های مصنوعی قرار گرفته‌اند، نمونه‌های مناسب‌تری برای شناسایی نشانه‌های انتخاب[1] در سطح ژنوم و شناسایی ژن‌های کاندیدای عملکردی به‌شمار 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 پویش 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 به‌دنبال 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 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. بنا بر این، 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).

اگر جهش به‌وجود 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 هاپلوتایپی، افزایش عدم تعادل پیوستگی ژنی، کاهش مکانی تنوع ژنتیکی و انحراف از توزیع فراوانی آللی (Qanbari *et al.,* 2014; Mirzapour *et al.,* 2023). متناسب با انواع نشانه‌های انتخاب به‌جا مانده روی ژنوم، ابزارها و روش‌های مختلفی برای شناسایی این نشانه‌ها ارائه شده‌اند.

شناسایی نشانه‌های انتخاب از سه دیدگاه مهم است، اول این‌که این نشانه‌ها اطلاعات ارزشمندی در خصوص تکامل و مکانیسم‌های مؤثر بر تکامل را فراهم می‌کنند. دوم این‌که جایگاه‌های ژنی شناخته می‌شوند و تنوع ژنتیکی صفات کمی آشکار می‌شود. سوم این‌که اهلی‌سازی و انتخاب به‌شدت 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 به‌جا 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 F_{ST}، FLK و hapFLK (Fariello *et al.,* 2013)، آزمون‌های آماری مبتنی بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوتیپی مانند XP-EHH، iHS و Rsb (Tang *et al.,* 2007)، آزمون‌های آماری مبتنی بر توزیع فراوانی آللی، مانند آزمون‌های Fay & Wu's و Tajima's D (Fay & Wu, 2000)، آزمون‌های آماری مبتنی‌بر کاهش مکانی تنوع ژنتیکی مانند آزمون ZHp و آزمون‌های آماری مبتنی بر جهش‌های تغییر دهنده عملکرد مانند ω=Dn/Ds (Nielsen *et al.,* 2005) قرار داد.

آزمون آماری iHS یک روش جابه‌جایی انتخاب مبتنی‌بر 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 محاسبه‌شده به‌عنوان EHH یکپارچه نامیده می‌شود (Qanbari *et al.,* 2014). بنا بر این، آن را به‌عنوان یک مقدار درون جمعیت توصیف می‌کند که از نسبت iHHA و iHHD که توسط (Voight *et al.,* 2006) گزارش شده است، به‌دست می‌آید. با بررسی مطالعات انجام شده، منابع مرتبط با شناسایی نشانه‌های انتخاب برپایه آزمون iHS در گونه اردک بسیار معدود 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 کاندیدای *SEMA5B*، *MIB1*، *EDEM3*، *XYLB*، *BGLAP* و *MGP* را گزارش کردند.

[1] Signature of Selection (SOS)

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]
[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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 کاندیدای *BMP2*، *ITGA8*، *MYLK*، *PTCH1*، *ELOVL1*، *HACD2*، *ASIP* 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 اوّل مرتبط با صفات بازده لاشه استفاده شدند. در مجموع، ۳۵ نشانگر تک‌نوکلئوتیدی معنی‌دار مرتبط با صفت مورد مطالعه گزارش شده‌اند. در نهایت، ژن‌های کاندیدای *KIF20B*، *AGBL5*، *SGSM1*، *MRO*، *PLAG1*، *XKR4* و *TGS1* 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 کاندیدای 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 دوآللی با حداقل فراوانی آللی بزرگ‌تر یا مساوی با 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 کنترل‌کیفیت 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 ۲۵ SNP و با حرکت ۵ SNP گام به گام در هر مرحله، SNPهای دارای r^2 (معیار عدم تعادل پیوستگی) بیش از ۰/۲ دستور (indep-pairwise 25 5 0.2) با یکدیگر از مجموعه داده‌ها حذف شدند. در نهایت، بعد از کنترل‌کیفیت 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 مبتنی‌بر عدم تعادل پیوستگی و طول هاپلوتیپ است و مناطقی از ژنوم را که تحت انتخاب بوده‌اند از طریق آلل‌های 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 آلل و LD اطراف آن استوار است. انتخاب در یک جایگاه ژنومی از طریق آلل‌هایی با فراوانی بالا و EHH بالا قابل تمایز است و به‌صورت (رابطه ۱) محاسبه می‌شود:

$$EHH = \frac{\sum_{i=1}^{G}\binom{n_i}{2}}{\binom{N}{2}}$$ رابطهٔ 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 (Waineina *et al.,* 2022; Guan *et al.,* 2021).

در این روش، انتگرال زیرمنحنی EHH در تمام جایگاه‌های اطراف SNP مرکزی تا زمانی‌که EHH به ۰/۰۵ می‌رسد محاسبه و ارزش‌های به‌دست آمده برای آلل‌های اجدادی و مشتق شده (غیر اجدادی) با هم مقایسه می‌شوند. این EHH انتگرال‌گیری شده در دو طرف آلل مرکزی با هم جمع می‌شوند و بسته به این‌که مربوط به آلل 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.

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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]
[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

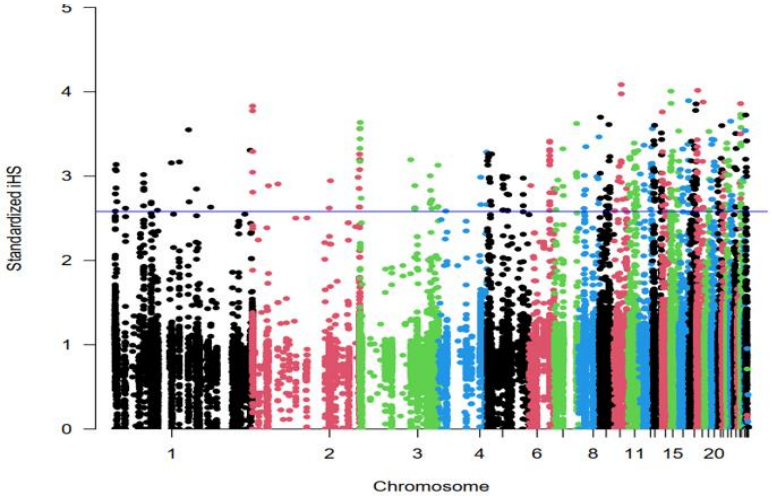
در این فرمول، iHH_A=هموزیگوسیتی هاپلوتیپ یکپارچه اجدادی، iHH_D=هموزیگوسیتی هاپلوتیپ یکپارچه مشتق شده، ps= فراوانی SNP مرکزی، SD= انحراف استاندارد، و E= امید ریاضی هستند. برای محاسبه آماره iHS و تعیین جایگاه‌های مورد انتخاب از بسته نرم‌افزاری Selscan (نسخه ۲/۰) در محیط لینوکس استفاده شد. جهت شناسایی بهتر 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 منهتن از بسته نرم‌افزاری ggplot2 در برنامه R (نسخه ۴/۲/۰) استفاده گردید.

برای بررسی ژن‌های گزارش‌شده در این مناطق و ۵۰۰ کیلو جفت‌باز اطراف آن‌ها، پایگاه اطلاعاتی برخط Genes 113 Ensemble Database به‌وسیله BioMart (www.ensembl.org/biomart) بر اساس نسخه ژنوم مرجع اردک (*CAU_duck1.0*) مورد استفاده قرار گرفت. برای تفسیر بهتر عملکرد ژن‌های به‌دست آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنلاین 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 این که ژن‌های شناسایی‌شده در مرحله قبل در چه مراحل بیولوژیکی درگیر هستند، از برنامه آنلاین DAVID (https://david.ncifcrf.gov/summary.jsp) استفاده شد. تنها مسیرهای هستی‌شناسی که براساس ارزش *P* تصحیح شده در سطح ۰/۰۵ 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).



شکل ۱- توزیع ارزش‌های آماره iHS در سطح ژنومی جمعیت اردک‌های نژاد پیکین: با موقعیت کروموزومی SNPها بر روی محور X و ارزش‌های iHS استانداردشده 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.

پس از شناسایی نواحی ژنومی تحت انتخاب، ژن‌های موجود در این مناطق شناسایی و عملکرد بیوشیمیایی آن‌ها بررسی شدند (جدول ۱). ژن‌های مشخص‌شده در جدول ۱ عملکردهای متفاوتی در رشد و توسعه عضلات اسکلتی، رشد استخوان و غضروف، فرآیند میوژنز 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 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.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]
[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

از مسیرهای هستی‌شناسی معنی‌دار مرتبط با تولید و وزن تخم در اردک، مسیرهای positive regulation of peptide hormone secretion و regulation of calcium ion transmembrane transporter activity به‌دست آمدند که جزء فرآیندهای زیستی هستند. از میان ژن‌های کاندیدای موجود در این مسیرها، ژن‌های *CSMD1* و *THYN1* بیشترین ارتباط را با تولید نشان دادند. در مطالعه‌ای که با هدف آنالیز ترانسکریپتوم در تخمدان و بخش‌هایی از اویدوکت (مگنوم، ایستموس و رحم) در طول زمان تشکیل تخم‌مرغ انجام شد، ژن *CSMD1* جزء ژن‌های کاندیدا معنی‌دار مرتبط با تشکیل آلبومین دارای fold change ۳/۲ بود (Chen *et al.,* 2021). همچنین، ژن کاندیدای *THYN1* 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 *THYN1* و وزن تخم‌مرغ گزارش شد (Yuan *et al.,* 2015).

از مسیرهای دیگر فرآیندهای 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 Jinding، Shaoxing و Fujian Shanma، ارتباط معنی‌دار ژن *CALCR* با کمیت و کیفیت گوشت تولیدی 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 کارآیی 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.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]
[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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, GNPNAT1, 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*	0.021
GO: 0043434	Response to a peptide hormone stimulus	18	*TMEM161A, PRKAB2, G6PC2, PRKAR2A, PDE3B SH2B2, GYS2, SOCS4, TSC1, IKBKB, GSK3B, SORBS1, INSR, SOS1, PYGL, SHC4, MAP2K1*	0.023
GO:0032870	Cellular response to hormone stimulus	42	*MPI, FRMPD3, SORD, TSTA3, FPGT, PFKL, FUK, GMPPB, TIGAR*	0.029
GO: 0042058	Regulation of the epidermal growth factor receptor signaling pathway	29	*MAPK11, CACNA1S, PDGFB, MAP3K14, DUSP3, IL1R2, FGF9, RRAS2, RAPGEF2, DUSP8, PLA2G4B DUSP10, DDIT3, ARRB1, EGFR, SOS1, FGF19, EGF*	0.035
GO:0045893	Positive regulation of transcription, DNA-template	14	*NFATC1, ARID1B, OTX2, FOXO1, ETS1, TOX3, FOXL2, MYC, SUPT3H*	0.013
GO:0044381	Glucose import in response to insulin stimulus	37	*YTHDF1, FTO PLA2G3, ENPP2, LA2G1B, PLB1, ENPP6, PLA2G4F, PLD4, PLA2G4B*	0.0209
اجزای سلولی Cellular component				
GO:0030054	Cell junction	15	*SRC, MYH9, JAM2, TJP1, 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, BMPR1A, BAMBI*	0.049

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 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 منبع اطلاعاتی با ارزشی را در جهت شناسایی ژن‌های مرتبط با افزایش وزن بدن و تخم تولیدی 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.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]
[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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. *Poulty 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]

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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 analyzin 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 San 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

Oluwagbenga, 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

Rahimmadar, 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

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. 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., Kudaravalli, 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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]

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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-10-17]

[DOI: 10.61882/rap.2026.1516]