

Detection of Selective Sweeps in Iranian Native Cattle Using High-Density Genome-Wide SNP Data

ABSTRACT

Domestication and selection pressures have left specific genomic footprints known as selective sweeps, reflecting livestock adaptation to specialized production goals and diverse environments. This study aimed to conduct a comprehensive high-resolution genome-wide scan to identify genomic regions distinguishing dairy-type from beef-type native Iranian cattle. A total of 90 native Iranian cattle from eight breeds (Sarabi, Kurdi, Mazani, Taleshi, Sistani, Kermani, Najdi, and Farsi) were genotyped using the Illumina BovineHD BeadChip, and the resulting genomic data were analyzed. Animals were categorized into dairy type and beef/dual-purpose type groups. After quality control, 278,667 SNP markers were retained for final analysis. Selection signatures were detected using pairwise F_{st} comparisons with theta (θ) method and a 5-SNP sliding window (Win5) approach. The comparative genomic scan for selection sweep revealed potential evidence of divergent selection, identifying 23 significant genomic regions, with the highest concentration of signatures on chromosomes 12 (five regions), 8 (five regions), and 13 (four regions). Win5 F_{ST} values ranged from 0 to 0.21. Functional analysis revealed 29 candidate genes including *PLIN2* (lipid metabolism), *RIMS1* (fertility), *SLC24A2* (stress response), and *GLP2R* (energy metabolism). The identified regions showed significant overlap with documented QTLs for muscle growth, fertility traits, and milk composition. Despite the absence of industrial breeding programs in Iran's traditional livestock systems, centuries of human and environmental selection pressures have left deep genomic footprints in the genome of Iranian native breeds. This study provides a comprehensive map of selection in Iranian native cattle, offering valuable insights for developing sustainable breeding strategies and preserving valuable genetic resources.

Keywords: *Cattle, F_{st} , Native breeds, Selective sweeps.*

Extended Abstract

Introduction

Despite the growing global interest in indigenous livestock populations as reservoirs of genetic diversity and adaptive traits, Iranian native cattle remain considerably understudied compared to their European commercial counterparts. Understanding the genomic basis of production trait differentiation in these locally adapted breeds is essential for developing sustainable breeding strategies, preserving unique genetic resources, and ensuring food security under changing climatic conditions. This research addresses the critical gap in knowledge regarding the genomic basis of production type differentiation in Iranian indigenous cattle populations, which have been shaped by centuries of natural and human-mediated selection in diverse environmental conditions ranging from cold mountainous regions to hot arid deserts and humid coastal areas. This study aimed to conduct a comprehensive high-resolution genome-wide scan for selection signatures to identify genomic regions that potentially distinguish dairy-type from beef-type native Iranian cattle.

Material and Methods

This study utilized genomic information from 90 native Iranian cattle across eight distinct breeds including Sarabi, Kurdi, Mazani, Taleshi, Sistani, Kermani, Najdi, and Farsi. The animals were genotyped using the Illumina BovineHD BeadChip, which provides high-density coverage with

777,962 single nucleotide polymorphism (SNP) markers with an average spacing of less than 3 kb. The animals were categorized into two groups based on traditional production objectives: dairy type (Sarabi, Kurdi, Kermani, and Fars breeds) and beef/dual-purpose type (Sistani, Najdi, Taleshi, and Mazani breeds). This classification reflects the historical selection pressures applied by local farmers in different geographic regions of Iran, where northwestern breeds have been traditionally selected for milk production in colder climates, while southern and northern breeds have been valued for meat production and physical strength. Data quality control was performed using PLINK version 1.9 and the NAM statistical package in R software. Initially, animals with call rates below 95% were removed. Subsequently, SNP markers were filtered based on three main criteria: call rate, minor allele frequency (MAF), and significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. After rigorous quality control, 278,667 high-quality SNP markers were retained for final analysis. Selection signatures were detected using pairwise F_{st} comparisons employing Weir and Cockerham's theta (θ) method, which accounts for sampling error and differences in population size compared to the base method. To reduce random noise and enhance signal detection, a sliding window approach of five adjacent SNPs (Win5) was applied, and regions above the 99.9th percentile of the empirical distribution were designated as selective sweeps. Candidate genes were extracted using the Biomart tool from the Ensembl database. Functional mapping of candidate genes was performed using NCBI Gene and GeneCards databases. Additionally, the Animal QTLdb database was used to identify overlapping QTLs and classify them based on associated traits, providing comprehensive functional annotation of the identified selection signatures.

Results

The comparative genome-wide scan between the two production types revealed potential evidence of divergent selection, identifying 23 significant genomic regions across chromosomes 7 (two regions), 8 (five regions), 9 (two regions), 10 (two regions), 12 (five regions), 13 (four regions), and 19 (three regions). The highest concentration of signatures was observed on chromosomes 12 (five regions), 8 (five regions), and 13 (four regions), respectively. Win5 F_{ST} values ranged from 0 to 0.21, with a significance threshold of 0.18 based on the 99.9th percentile. The high concentration of selection signatures on chromosomes 8, 12, and 13 likely indicates key roles of these chromosomes in genetic differentiation between dairy and beef native Iranian cattle, consistent with previous studies that have identified chromosome 8 as an important hotspot for traits related to muscle growth and environmental stress resistance. Functional annotation of the significant regions revealed 29 potential candidate genes covering a wide range of biological functions. Key identified genes included PLIN2 (perilipin 2), involved in lipid metabolism and formation of intracellular fat droplets, previously identified as a selection target for milk fat and carcass quality in studies on Yaroslavl and Holstein cattle. CPD (carboxypeptidase D) was associated with proteolytic processes and protein maturation, playing a key role in metabolic efficiency. GLP2R (glucagon-like peptide 2 receptor) and GRHPR (glyoxylate and hydroxypyruvate reductase) are involved in energy metabolism and glucose homeostasis, critical

for survival during seasonal food scarcity. RIMS1 (regulating synaptic membrane exocytosis 1), identified in selection signatures, has been previously associated with fertility traits and conception rates in Holstein and Indian Kankrej cattle. OGFRL1 (opioid growth factor receptor like 1) and NTN1 (netrin 1) were observed in significant regions and are involved in growth and reproduction pathways. Additionally, solute carrier genes including SLC24A2 (sodium/potassium/calcium exchanger) and SLC39A11, along with genes involved in vesicular trafficking such as GOSR1 and VPS53, were also identified, playing roles in cellular adaptation to environmental stressors. The significant overlap of identified candidate regions with documented QTLs for growth and body weight, milk composition, milk yield and milking speed in the Animal QTLdb provide the validity of our findings. Specifically, chromosome 19 showed a remarkable concentration of QTLs for milk production traits, protein percentage, fat percentage, and milk yield, consistent with findings from commercial dairy breeds. Chromosome 8 contained a wide range of QTLs from milk composition traits to body dimensions, indicating the importance of this chromosome in differentiating beef and tropical breeds. The extensive overlap between selection signatures and economically important QTLs likely indicates that even in the absence of modern breeding programs, targeted selection has led to significant changes in allele frequencies of production-related variants.

Conclusion

The findings suggest that despite the absence of industrial breeding programs in Iran's traditional livestock systems, centuries of human and environmental selection pressures may have left deep and detectable genomic footprints in the genome of these native breeds. The clear differentiation between dairy and beef groups across 23 divergent genomic regions suggest that selection for production traits may have shaped the genetic structure of these indigenous populations. This characteristic makes these breeds invaluable genetic resources for coping with climate change and adverse feeding conditions. This research provides a genomic map of selection signatures in Iranian native cattle and may be useful for conservation programs, marker-assisted selection, and ensuring food security under changing climatic conditions. Investment in indigenous genomic research and conservation of these breeds is not merely a scientific priority but a strategic necessity for the sustainability of Iran's livestock systems.

Author Contributions

All authors contributed equally to the conceptualization of the article and writing of the original and subsequent drafts. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Data Availability Statement

The data that support the findings of this study are publicly available and were obtained from the Dryad Digital Repository. The original genotype data used in this study were generated by Karimi et al. (2016) and are accessible at the Dryad database (<https://doi.org/10.5061/dryad.nq189>).

Ethical considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

پذیرفته شده در مجله انتشار

شناسایی نشانه‌های انتخاب در گاوهای بومی ایران با استفاده از داده‌های نشانگری با تراکم بالای تمام‌ژنومی SNP

چکیده

اهلی‌سازی و فشارهای انتخابی، ردپاهای ژنومی مشخصی به نام نشانه‌های انتخاب (selective sweeps) بر جای گذاشته‌اند که بازتاب‌دهنده سازگاری دام‌ها با اهداف تولیدی تخصصی و محیط‌های گوناگون است. این مطالعه با هدف انجام یک پوشش تمام‌ژنومی جامع با قدرت تفکیک بالا برای شناسایی مناطق ژنومی بالقوه متمایزکننده گاوهای بومی ایران با تیپ شیری از تیپ گوشتی انجام گرفت. اطلاعات ژنومی ۹۰ رأس گاو بومی ایران از هشت نژاد (سرابی، کردی، مازانی، طالشی، سیستانی، کرمانی، نجدی و فارسی) که با تراشه Illumina BovineHD تعیین ژنوتیپ شده بودند، مورد بررسی قرار گرفت. پس از کنترل کیفیت، ۲۷۸,۶۶۷ نشانگر SNP برای تحلیل نهایی باقی ماندند. شناسایی نشانه‌های انتخاب با استفاده از مقایسه جفتی F_{ST} به روش تتا با رویکرد هموارسازی پنجره ۵ نشانگری (Win5) انجام شد. پوشش مقایسه‌ای ژنوم، ۲۳ منطقه ژنومی معنی‌دار را شناسایی کرد، که بیشترین تمرکز نشانه‌ها بر روی کروموزوم‌های ۱۲ (پنج منطقه)، ۸ (پنج منطقه) و ۱۳ (چهار منطقه) قرار داشت. مقادیر F_{ST} Win5 از ۰ تا ۰,۲۱ متغیر بود. بررسی عملکردی، ۲۹ ژن کاندیدا احتمالی از جمله PLIN2 (متابولیسم لیپید)، RIMS1 (باروری)، SLC24A2 (پاسخ به استرس) و GLP2R (متابولیسم انرژی) را نشان داد. مناطق شناسایی شده همپوشانی معنی‌داری با QTL‌های مستند برای رشد عضلانی، تولید و ترکیبات شیر داشتند. علیرغم عدم وجود برنامه‌های اصلاح‌نژادی تجاری در دام‌های سنتی ایران، فشارهای انتخابی مصنوعی و طبیعی در طول قرن‌ها ردپاهای ژنومی عمیقی در ژنوم نژادهای بومی ایران بر جای گذاشته است. این پژوهش نقشه جامعی از انتخاب در گاوهای بومی ایران ارائه می‌کند که می‌تواند برای تدوین راهبردهای اصلاح نژادی پایدار و حفظ منابع ژنتیکی ارزشمند مفید واقع شود.

کلیدواژه‌ها: گاو، نژادهای بومی، نشانه‌های انتخاب، F_{ST}

۱. مقدمه

ایران موقعیت جغرافیایی منحصر به فردی در خاورمیانه دارد و به‌عنوان راهرویی حیاتی برای مهاجرت تاریخی و آمیختگی دودمان‌های مختلف گاو عمل کرده است (Karimi *et al.*, 2016). این تنوع جغرافیایی موجب شکل‌گیری نژادهای متعدد گاو بومی شده است. این جمعیت‌های بومی طی هزاران سال سازگاری با محیط‌های شدید و گوناگون، از مناطق کوهستانی شمال غرب گرفته تا دشت‌های ساحلی معتدل مرطوب شمال و بیابان‌های گرم و خشک جنوب و جنوب غرب، شکل گرفته‌اند (Ghoreishifar *et al.*, 2020).

در نظام‌های دامپروری سنتی، گاوهای بومی در قرن‌های گذشته به‌عنوان حیوانات دامن‌نظره یا حتی چندمنظوره مورد استفاده قرار گرفته‌اند و شیر، گوشت و نیروی کشش برای کار کشاورزی فراهم می‌کرده‌اند (Sorbolini *et al.*, 2015). با این حال، درون این دسته‌بندی‌های کلی، فشارهای انتخابی منطقه‌ای مشخص، اولویت‌های تولیدی متفاوتی را رقم زده است. برای مثال، نژادهایی مانند سرابی و کردی در محیط‌های سردتر با عرض جغرافیایی بالا، انتخاب شدیدی برای ویژگی‌های شیری داشته‌اند، در حالی که نژادهایی مانند سیستانی به‌طور سنتی برای توانایی تولید گوشت و نیروی فیزیکی در مناطق خشک جنوب شرقی ارزشمند بوده‌اند. اگرچه نژادهای بومی سطح بالایی از سازگاری محیطی را حفظ کرده‌اند، انتظار می‌رود که انتخاب افتراقی برای تولید شیر در برابر تولید گوشت، ردپاهای ژنومی مشخصی بر جای گذاشته باشد (Zhao *et al.*, 2015). در جمعیت‌های تجاری مانند هلستاین-فریژن (شیری) و آنگوس (گوشتی)، انتخاب به‌قدری فشرده بوده که تخصص‌گرایی تقریباً کامل است و معماری ژنتیکی این صفات به خوبی مستند شده است (Boitard).

درک چگونگی پاسخ ژنوم گاو به انتخاب مصنوعی واگرا، در شرایطی که بقا در محیط محلی همچنان پیش‌نیاز تولید است، ضروری می‌باشد (Peripolli *et al.*, 2020).

ابزار اصلی برای کشف مبنای مولکولی این تفاوت‌های مرتبط با تولید، شناسایی نشانه‌های انتخاب است (Qanbari *et al.*, 2014). هنگامی که یک جهش سودمند رخ می‌دهد - چه بهبود تولید شیر و چه افزایش حجم عضله - و هدف انتخاب قرار می‌گیرد، فراوانی آن به سرعت در یک جمعیت افزایش می‌یابد. این افزایش سریع فراوانی، پدیده‌ای به نام «همراه کشی ژنتیکی» (Genetic hitchhiking) را ایجاد می‌کند که در آن، آلل‌های خنثی پیوندیافته مجاور، همراه با واریانت مطلوب «کشیده می‌شوند» و منجر به کاهش موضعی تنوع ژنتیکی و افزایش معنی‌دار عدم تعادل پیوستگی (LD) در اطراف جایگاه هدف می‌شوند (Druet *et al.*, 2013; Nielsen *et al.*, 2005). هدف اصلی این پژوهش، انجام یک پوشش تمام‌ژنومی برای نشانه‌های انتخاب، به منظور شناسایی مناطق ژنومی است که بطور بالقوه گاوهای بومی ایران با تیپ شیری را از تیپ گوشتی متمایز می‌کند.

۲. پیشینه پژوهش

نشانه‌های انتخاب را بر اساس مرحله و شدت رویداد انتخابی می‌توان به دسته‌های مختلفی تقسیم کرد. «نشانه‌های سخت» زمانی رخ می‌دهند که یک هاپلوتیپ سودمند به سمت تثبیت پیش می‌رود، در حالی که «نشانه‌های نرم» شامل انتخاب چندین هاپلوتیپ از تنوع موجود است (Rajawat *et al.*, 2022; Rowan *et al.*, 2021). با تحلیل الگوهای تمام‌ژنومی تنوع جایگاه‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP)، پژوهشگران می‌توانند معیارهای آماری گوناگونی را برای مکانیابی این نشانه‌ها به کار گیرند. رویکردهای رایج شامل آماره‌های درون‌جمعیتی مانند نمره هاپلوتیپی یکپارچه (iHS) که انتخاب اخیر یا در حال انجام را شناسایی می‌کند، و معیارهای بین‌جمعیتی مانند شاخص تثبیت (F_{ST}) یا روش هموزیگوسیتی هاپلوتیپی گسترش‌یافته بین‌جمعیتی (XP-EHH) که انتخاب واگرا بین گروه‌ها را مشخص می‌کنند، می‌باشد (Utsunomiya *et al.*, 2013; Zhao *et al.*, 2015). این روش‌ها نقشه‌ای با قدرت تفکیک بالا از پاسخ ژنوم به انتخاب فراهم می‌کنند و امکان شناسایی ژن‌های کاندید و مسیرهای زیستی زیربنای صفات پیچیده فنوتیپی را میسر می‌سازند (Fabbri *et al.*, 2025).

تا به امروز، بخش قابل توجهی از پوشش‌های تمام‌ژنومی برای یافتن نشانه‌های انتخاب، بر نژادهای اروپایی مانند هلشتاین، آنگوس، جرسی و لیموزین متمرکز بوده است (Boitard *et al.*, 2016; Mariadassou *et al.*, 2020). پروژه‌های مشترک بزرگ‌مقیاسی از جمله پروژه ۱۰۰۰ گاو نر، با موفقیت صدها نشانه انتخاب مرتبط با تولید را در این جمعیت‌های تجاری نقشه‌برداری کرده‌اند و ژن‌های شاخصی مانند DGAT1 برای تولید شیر و MSTN برای پدیده ماهیچه مضاعف (double-muscling) را آشکار ساخته‌اند (Druet *et al.*, 2013; Hayes & Daetwyler, 2019; Kambal *et al.*, 2025). اگرچه توجه فزاینده‌ای به جمعیت‌های بومی در آفریقا و جنوب آسیا شده است، گاوهای بومی ایران همچنان به طور قابل توجهی کمتر بررسی شده‌اند (Ben-Jemaa *et al.*, 2020; Venkatesan *et al.*, 2025).

۳. روش شناسی پژوهش

۳-۱. نمونه ها و طبقه بندی تیپ تولیدی

در این مطالعه اطلاعات ژنومی نژادهای بومی ایران که در مطالعه کریمی و همکاران (۲۰۱۶) برای مطالعه ساختار جمعیتی این نژادها استفاده شده بود و در پایگاه اطلاعاتی Dryad بصورت رایگان در دسترس بودند، استفاده شد (Karimi et al., 2016). در این مطالعه ۹۰ راس دام از هشت نژاد گاو بومی از مناطق مختلف ایران (شامل سرابی (۱۹)، مازندرانی (۱۰)، کردی (۷)، تالشی (۷)، سیستانی (۷)، کرمانی (۹)، نجدی (۷) و فارس (۵)) با تنوع اقلیمی متفاوت، از مناطق سرد کوهستانی شمال غرب گرفته تا دشت های خشک و گرمسیری جنوب و نواحی مرطوب ساحلی خزر، نمونه برداری شدند (Karimi et al., 2016). به منظور بررسی نشانه های انتخاب تولیدی، نژادها بر اساس اهداف تولیدی به دو گروه اصلی تقسیم شدند:

۱. گروه تیپ شیری: این گروه شامل نژادهایی بود که به طور سنتی برای ظرفیت تولید شیر انتخاب شده اند، شامل جمعیت های سرابی، کردی، کرمانی و فارس.

۲. گروه تیپ گوشتی/دومنظوره: این گروه شامل نژادهایی بود که به طور سنتی برای تولید گوشت یا به عنوان حیوانات دومنظوره مورد استفاده قرار می گرفتند، شامل جمعیت های سیستانی، نجدی، تالشی و مازانی.

۳-۲. کنترل کیفیت داده ها

تعیین ژنوتیپ حیوانات با استفاده از تراشه های با تراکم بالای گاوی (Illumina BovineHD BeadChip) انجام شد که پوششی با تراکم بالا شامل ۷۷۷،۹۶۲ نشانگر چندشکلی تکنوکلوتیدی (SNP) با فاصله کمتر از ۳ کیلوباز فراهم می کند. دو مرحله ویرایش داده و کنترل کیفیت با استفاده از نرم افزار PLINK نسخه ۹،۱ و بسته آماری NAM در نرم افزار R اجرا شد. در مرحله اول دام هایی که نرخ فراخوانی کمتر از ۹۵٪ داشتند حذف شدند. در مرحله بعد نشانگرهای SNP بر اساس سه معیار اصلی فیلتر شدند: نرخ فراخوانی کمتر از ۹۰٪، فراوانی الل نادر (MAF) کمتر از ۰،۰۵، و انحراف معنی دار از تعادل هاردی-واینبرگ ($P < 0.0001$). تنها نشانگرهای SNP اتوزومی با مختصات ژنومی شناخته شده حفظ شدند، در حالی که نشانگرهای واقع بر کروموزوم های جنسی (X و Y) یا ژنوم میتوکندری حذف گردیدند تا از بروز سوگیری ناشی از جنسیت در پویش های انتخاب جلوگیری شود.

۳-۳. شناسایی نشانه های انتخاب

نواحی ژنومی تحت انتخاب با استفاده از مقایسه جفتی F_{ST} برای ردیابی نشانه های انتخاب و اگر با استفاده از ارزش های F_{ST} به روش ویر و کوکرهام (0) انجام شد (Weir & Cockerham, 1984). روش تتا نسبت به روش پایه (Wright, 1965)، که برای تعیین کمیت تمایز ژنتیکی بین گروه های نژادی تعریف شده است، خطای نمونه برداری و تفاوت های اندازه جمعیت به کار گرفته شد را در نظر می گیرد. برای کاهش نویز تصادفی و افزایش تشخیص سیگنال، رویکرد هموارسازی پنجره ۵ نشانگری (Win5) با میانگین گیری مقادیر پنج SNP مجاور اعمال شد، و مناطقی که در بالای ۱/۰ درصد توزیع تجربی قرار گرفتند به عنوان ردپاهای انتخابی تعیین شدند. انتخاب این آستانه با هدف شناسایی قوی ترین سیگنال های انتخاب و کاهش احتمال خطای نوع اول انتخاب گردید.

۳-۴. شناسایی QTL ها و ژن های کاندید در نواحی تحت انتخاب

برای هر منطقه ژنومی معنی دار، محدوده‌ای به طول یک مگاباز (شامل ۵۰۰ کیلوباز بالادست و ۵۰۰ کیلوباز پایین دست) از ناحیه معنی دار، در نظر گرفته شد، تا نواحی دارای عدم تعادل پیوستگی پوشش داده شوند. ژنهای موجود در این منطقه یک مگا بازی با استفاده از ابزار Biomart پایگاه داده Ensembl استخراج شدند. سپس نقش یابی عملکردی ژنهای کاندید با استفاده از پایگاههای NCBI Gene و GeneCards، برای یافتن نقش ژنها انجام گرفت. همچنین از پایگاه Animal QTLdb جهت شناسایی QTLهای هم پوشانی کننده این نواحی معنی دار و دسته بندی آنها بر اساس صفات مرتبط استفاده شد.

۴. یافته‌های پژوهش و بحث

۴-۱. کنترل کیفیت

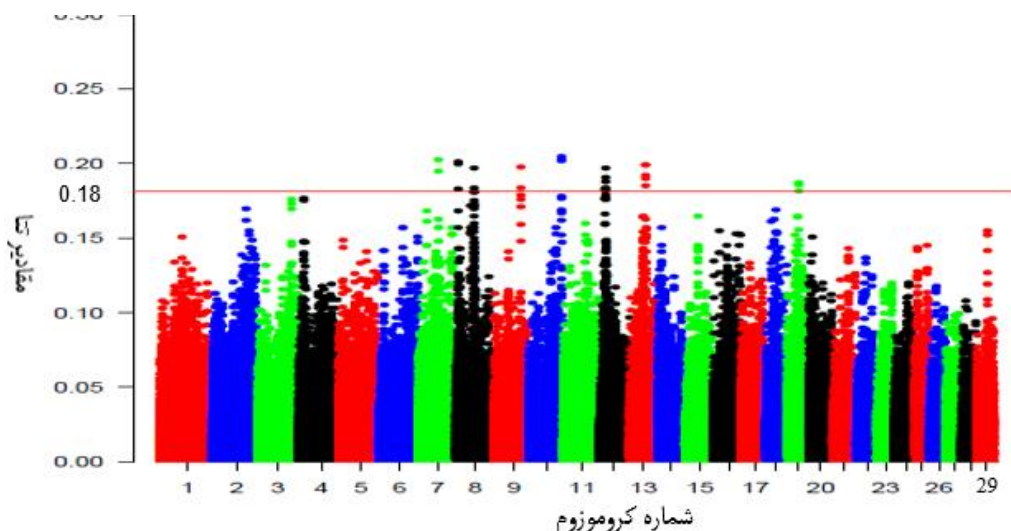
کنترل کیفیت مخزن اولیه ۷۷۷,۹۶۲ نشانگر SNP، بر اساس نرخ فراخوانی (کمتر از ۹۵٪)، فراوانی الل نادر ($MAF > 0.05$) و انحرافات معنی دار از تعادل هاردی-واینبرگ ($P < 0.0001$) تحت فیلتراسیون دقیق قرار گرفت. پس از حذف نشانگرهای تکراری و آنهایی که مختصات اتوزومی شناخته شده نداشتند، ۲۷۸۶۶۷ نشانگر SNP با کیفیت بالا از ۷۶ راس دام برای تجزیه و تحلیل نهایی ژنومی حفظ شدند. از تعداد نشانگر اولیه به ترتیب تعداد ۲۹۵۶۰۷، ۳۲۴۳، ۷۵۵۰ بر اساس شاخص های نرخ فراخوانی، MAF و تعادل هاردی-واینبرگ حذف شدند و بقیه نشانگرهای هم به دلیل قرار نداشتن روی کروموزومهای اتوزومی حذف گردیدند.

۴-۲. شناسایی نشانه های انتخاب

نمودار منهتن حاصل از پویش کل ژنومی نشانه‌های انتخاب، توزیع آماره‌های انتخاب را در سراسر کروموزومهای گاو به وضوح نمایش می‌دهد (شکل ۱). در شکل ۱، محور افقی (X) بیانگر موقعیت نشانگرهای SNP روی کروموزومهای مختلف و محور عمودی بیانگر مقادیر $Win5 F_{ST}$ می‌باشد. همانطور که در شکل مشخص است، ۲۳ منطقه ژنومی بالقوه در کروموزومهای ۷ (دو منطقه)، ۸ (پنج منطقه)، ۹ (دو منطقه)، ۱۰ (دو منطقه)، ۱۲ (پنج منطقه)، ۱۳ (چهار منطقه) و ۱۹ (سه منطقه) با ارزش F_{ST} (تتا) بالایی شناسایی شدند (شکل ۱). بیشترین تعداد مناطق معنی دار به ترتیب مربوط به کروموزومهای ۱۲ (پنج منطقه) و ۸ (پنج منطقه) و ۱۳ (چهار منطقه) می‌باشد. در مقابل، کروموزومهای ۷، ۹ و ۱۰ هر کدام دارای دو منطقه و کروموزومهای ۱۹ دارای سه منطقه معنی دار بودند. نواحی شناسایی شده می‌توانند منعکس کننده انتخاب واگرا برای تیپ تولیدی (شیری در برابر گوشتی) می‌باشند. تمرکز بالایی نشانه‌های انتخاب بر روی کروموزومهای ۸، ۱۲ و ۱۳ (با پنج و چهار منطقه) حاکی از نقش کلیدی این کروموزومها در تمایز ژنتیکی بین گاوهای شیری و گوشتی بومی ایران است. با این حال، با توجه به پراکنش جغرافیایی و اقلیمی متنوع این نژادها، این تمایز ممکن است تا حدی بازتاب دهنده انتخاب طبیعی برای سازگاری با شرایط محیطی نیز باشد. بنابراین، نشانه‌های انتخاب شناسایی شده احتمالاً نشان دهنده سیگنال ترکیبی از انتخاب طبیعی (برای سازگاری با اقلیم) و انتخاب مصنوعی (برای بهبود صفات تولیدی) هستند و تفکیک کامل سهم هر یک با روش‌های موجود امکان پذیر نیست.

مقادیر $Win5 F_{ST}$ در مناطق شناسایی شده از ۰ تا ۰.۲۱ متغیر بود و آستانه معنی داری بر اساس صدک ۹۹.۹ (۰.۱٪ بالای توزیع) معادل ۰.۱۸ تعیین گردید. این مقادیر نشان دهنده تفرق ژنتیکی متوسط تا قوی در جایگاه‌های خاص ژنومی است که تحت فشار انتخاب واگرا برای تیپ‌های تولیدی متضاد (شیری متمرکز بر تولید شیر در مقابل گوشتی متمرکز بر رشد عضلانی و قدرت بدنی) قرار گرفته‌اند

(Weir & Cockerham, 1984). میانگین تفرقی که در این پژوهش برای تمایز تیپ‌های تولیدی به دست آمد، با نتایج سایر محققین که میانگین F_{ST} کل ژنوم را در نژادهای گوشتی و شیری تجاری گزارش کردند، همسو است و نشان می‌دهد که انتخاب برای اهداف تولیدی متفاوت، اثرات احتمالی قابل توجهی بر معماری ژنتیکی نژادهای بومی ایران گذاشته است (Zhao *et al.*, 2015). پراکندگی این نواحی معنی دار نشان‌دهنده ماهیت چندژنی و واگرای انتخاب در نژادهای گاو بومی ایران است و می‌تواند مبنایی بالقوه برای شناسایی ژن‌های کاندید مرتبط با سازگاری اقلیمی و تیپ‌های تولیدی (شیری در برابر گوشتی) قرار گیرد.



شکل ۱. نمودار منتهن مقادیر Win5 FST در تمام اتوزوم‌ها در مقایسه نژاد های شیری و گوشتی: کروموزوم‌های ۱-۲۹ در محور x و Win5 FST در محور y، با خط آستانه ۰.۱٪ بالای توزیع.

Figure 1. Manhattan plot of Win5 FST values across all autosomes comparing dairy and beef breeds: Chromosomes 1–29 are shown on the x-axis and Win5 FST on the y-axis, with the 0.1% upper tail threshold line indicated.

۳-۴. هم‌پوشانی نواحی تحت انتخاب با QTL های صفات تولیدی

در این مطالعه، با هدف شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با تولید در گاوهای شیری، مجموعه ای از QTL های گزارش شده در پایگاه‌های داده ژنوم حیوانی که با نواحی معنی دار مرتبط بودند بررسی شدند (جدول ۱). نتایج نشان داد که برخی کروموزوم‌ها به‌ویژه کروموزوم‌های ۸، ۹، ۱۲ و ۱۹ نقش برجسته‌ای در کنترل صفات مؤثر بر تولید دارند. این یافته‌ها با فرضیه تاثیر انتخاب بر صفات تولیدی (شیر و گوشت) در گاوهای بومی ایران، همسو است.

جدول ۱. QTL های مهم مرتبط با نواحی ژنومی تحت انتخاب تفکیک شده بر اساس صفات مختلف

Table 1. Significant QTLs associated with genomic regions under divergent selection based on various traits.

کد QTL در پایگاه اطلاعاتی (شماره کروموزوم) QTL ID in Database (Chromosome Number)	صفت Trait
ID=155227(19)	میزان اسید کاپروئیک شیر Milk caproic acid content
ID=14126(19); ID=26519(8);	درصد چربی شیر Milk fat percentage
ID=25913(12); ID=46313(12); ID=6088(12);	تولید چربی شیر Milk fat yield
ID=70234(12); ID=70698(12);	میزان آهن شیر Milk iron content
ID=111084(8); ID=111884(8); ID=113415(8); ID=116726(9); ID=119004(19); ID=119005(19); ID=119006(19); ID=119007(19); ID=119008(19);	درصد کاپا کازئین شیر Milk kappa-casein percentage
ID=14127(19); ID=250795(8); ID=253590(19); ID=253625(19); ID=253626(19); ID=253638(19); ID=253650(19); ID=253659(19); ID=253680(19); ID=253681(19); ID=26760(8);	درصد پروتئین شیر Milk protein percentage
ID=175464(8); ID=26246(8); ID=26255(8); ID=26256(8); ID=26402(19); ID=6075(8);	تولید پروتئین شیر Milk protein yield
ID=156503(19); ID=156524(8);	میزان اسید تریکوزانوئیک شیر Milk tricosanoic acid content
ID=14128(19); ID=14129(19); ID=14132(19); ID=14133(19); ID=14134(19); ID=177956(19); ID=178072(19); ID=178254(19); ID=178428(19); ID=178528(19); ID=178529(19); ID=218651(8); ID=218652(8); ID=220195(9); ID=220196(9); ID=240843(8); ID=25442(8); ID=25443(8); ID=25647(19); ID=315276(19); ID=6192(9); ID=66157(19)	تولید شیر Milk yield
ID=158225(19); ID=158231(19); ID=158232(19); ID=3438(8);	سرعت دوشش Milking speed
ID=35247(12);	نرخ رشد نسبی Relative growth rate
ID=164316(12); ID=164661(12);	افزایش وزن روزانه Daily weight gain

ID=120278(8); ID=120279(8); ID=120280(8);	دور بدن Body girth
ID=120276(8); ID=120277(8); ID=147149(12); ID=218690(19);	ارتفاع بدن Body height
ID=120272(8); ID=120273(8); ID=120274(8); ID=120275(8); ID=7089(8);	طول بدن Body length
ID=106638(8); ID=124018(8); ID=164197(8); ID=164271(8); ID=65288(19); ID=65289(19); ID=65290(19); ID=65291(19); ID=65292(19); ID=67984(8); ID=68013(8); ID=69009(19);	وزن بدن Body weight
ID=67985(8); ID=67997(8); ID=68003(8); ID=68004(8); ID=68005(8); ID=68014(8); ID=68018(8); ID=68050(9); ID=68060(9); ID=68507(12); ID=68979(19);	افزایش وزن بدن Body weight gain

۴-۳-۱. QTL های مرتبط با تولید و ترکیبات شیر

بررسی جایگاه‌های مرتبط با تولید شیر نشان داد که احتمالاً کروموزوم ۱۹، ۸ و ۹ نقش مهمی در کنترل این صفات ایفا می‌کند (جدول ۱). QTL های مرتبط با تولید شیر در کروموزوم‌های ۱۹، ۸ و ۹ شناسایی شدند. همچنین صفت سرعت دوشش با نواحی معنی‌دار در کروموزوم‌های ۱۹ و ۸ هم‌پوشانی داشت. جایگاه‌های مرتبط با درصد پروتئین و تولید پروتئین شیر در کروموزوم‌های ۸ و ۱۹ متمرکز بودند. همچنین، درصد کاپا کازئین شیر که از نظر تکنولوژیکی در فرآوری شیر اهمیت دارد، با مناطقی در کروموزوم‌های ۸، ۹ و ۱۹ هم‌پوشانی داشت. QTL های مرتبط با درصد و تولید چربی عمدتاً بر روی کروموزوم‌های ۱۹، ۱۲ و ۸ قرار داشتند. در رابطه با ترکیبات اسیدهای چرب، QTL های محتوای اسید کاپروئیک در کروموزوم ۱۹ و محتوای اسید تریکوزانویک در کروموزوم‌های ۸ و ۱۹ شناسایی گردید. محتوای آهن شیر منحصراً با نواحی تحت انتخاب در کروموزوم ۱۲ مرتبط بود (جدول ۱).

شناسایی QTL های متعدد مرتبط با تولید شیر، پروتئین و چربی در کروموزوم ۱۹ گاوهای بومی ایران، با نتایج مطالعات روی نژادهای شیری تجاری هماهنگی بالایی دارد (Stella et al., 2010). در اسکن ژنوم نژادهای هلشتاین و جرسی، نشانه‌های انتخاب قوی در کروموزوم ۱۹ شناسایی کردند که با صفات تولید شیر مرتبط بود (Stella et al., 2010). همچنین، Zhao et al. (۲۰۱۵) با استفاده از داده‌های SNP با تراکم بالا، کروموزوم ۱۹ را به عنوان یکی از کانون‌های اصلی تمایز بین نژادهای شیری و گوشتی معرفی کردند که حاوی ژن‌های کلیدی متابولیسم لیپید است. Ghoreishifar et al. (۲۰۲۰) نیز در مطالعه نژادهای بومی سوئد، مناطقی را در کروموزوم ۱۹ گزارش کردند که با ترکیب چربی و پروتئین شیر در ارتباط بودند. هم‌پوشانی سیگنال‌های انتخاب با درصد کاپا کازئین در کروموزوم‌های ۸، ۹ و ۱۹، می‌تواند نشان‌دهنده اهمیت این مناطق در بهبود کیفیت پنی‌دهی شیر در نژادهای بومی است (Stella et al., 2010). در رابطه با کروموزوم ۱۲، هم‌پوشانی نواحی تحت انتخاب با QTL های عملکرد چربی شیر در این مطالعه با یافته‌های تحقیقاتی همسو است که شبکه‌های ژنی کروموزوم ۱۲ را در سنتز پروتئین و چربی پستان گاو دخیل دانستند (Utsunomiya et al., 2013).

۴-۳-۲. QTL های مرتبط با رشد و ابعاد بدنی

آنالیز نواحی ژنومی نشان داد که انتخاب برای تیپ‌های تولیدی مختلف (گوشتی در مقابل شیری) احتمالاً منجر به تمایز در جایگاه‌های کنترل‌کننده رشد و مورفولوژی شده است (جدول ۱). کروموزوم ۱۲ حاوی QTL های کلیدی برای نرخ رشد نسبی و میانگین افزایش وزن روزانه بود. صفت افزایش وزن بدن نیز در کروموزوم‌های ۸، ۹، ۱۲ و ۱۹ دارای هم‌پوشانی با سیگنال‌های انتخاب بود. صفات ساختار بدنی شامل قد، طول بدن و دور بدن عمدتاً روی کروموزوم ۸ شناسایی شدند. همچنین صفات وزن بدن با مناطقی در کروموزوم‌های ۸ و ۱۹ هم‌پوشانی داشتند.

نتایج این تحقیق پیشنهاد می‌دهد که کروموزوم ۸ نقش محوری در کنترل صفات مورفومتریک (مانند طول و قد بدن) و وزن زنده در گاوهای ایرانی دارد. این یافته با مطالعات روی نژادهای گوشتی و گرمسیری مطابقت دارد؛ به طوری که (Moravčíková *et al.*, 2019) نشانه‌های انتخاب در کروموزوم ۸ گاوهای گوشتی را با رشد عضلانی و ذخیره چربی مرتبط دانستند. علاوه بر این، (Peripolli *et al.*, 2020) در بررسی نژادهای سازگار شده با اقلیم گرم، کروموزوم ۸ را حاوی سیگنال‌های انتخابی دانستند که علاوه بر وزن بدن، با مقاومت به کت‌های گرمسیری نیز در ارتباط است. همچنین، شناسایی QTL های مرتبط با میانگین افزایش وزن روزانه (ADG) در کروموزوم ۱۲، با نتایج سایر مطالعات که این کروموزوم را حاوی جایگاه‌های مؤثر بر نرخ رشد نسبی معرفی کرده‌اند، مطابقت دارد (Xu *et al.*, 2015).

نتایج این مطالعه نقش احتمالی عملکردی کروموزوم‌های ۸ و ۱۹ را در نژادهای بومی ایران نشان داد. کروموزوم ۸ حاوی طیف گسترده‌ای از QTL ها از ترکیبات شیر گرفته تا ابعاد بدنی (طول و دور بدن) است که نشان‌دهنده اهمیت این کروموزوم در تمایز نژادهای گوشتی ایران است. در مقابل، کروموزوم ۱۹ با تمرکز بر صفات کیفی و عملکردی شیر، به عنوان یک کانون احتمالی برای صفات مرتبط با تولید در نژادهای شیری شناسایی شد. این توزیع QTL ها با یافته‌های مطالعات روی نژادهای اصلاح‌شده جهانی که این کروموزوم‌ها را به عنوان کانون‌های انتخاب معرفی کرده‌اند، مطابقت دارد (Stella *et al.*, 2010; Zhao *et al.*, 2015). به طور کلی، هم‌راستایی نواحی تحت انتخاب در گاوهای بومی ایران با QTL های اقتصادی گزارش شده در نژادهای جهانی، پیشنهاد می‌کند که حتی در غیاب برنامه‌های اصلاح‌نژادی مدرن، انتخاب هدفمند (چه از طریق انتخاب طبیعی برای بقا و چه انتخاب سنتی توسط دامداران) منجر به تغییرات معنی‌دار احتمالی در فرکانس آلل‌های مرتبط با تولید شده است.

۴-۴. شناسایی ژن‌های کاندیدا در نواحی تحت انتخاب

آنالیز بیوانفورماتیکی نواحی ژنومی معنی‌دار منجر به شناسایی ۲۹ ژن کاندید بالقوه گردید که می‌توانند طیف گسترده‌ای از عملکردهای بیولوژیکی را پوشش می‌دهند این ژن‌ها بر اساس نقش‌های فیزیولوژیک در گروه‌های زیر دسته‌بندی شدند:

متابولیسم و کارایی تولید: ژن *PLIN2* (پری‌لیپین ۲) که در متابولیسم لیپید و تشکیل قطرات چربی نقش دارد، و ژن *CPD* (کربوکسی‌پپتیداز D) مرتبط با فرآیندهای پروتئولیتیک شناسایی شدند. همچنین ژن‌های *GLP2R* و *GRHPR* در تنظیم متابولیسم انرژی و هموستاز گلوکز دخیل هستند (Zhao *et al.*, 2015). شناسایی ژن *PLIN2* در گاوهای بومی ایران حائز اهمیت است، زیرا این ژن عضوی از خانواده پری‌لیپین‌هاست که پیش از این در مطالعات گاوهای نژاد "یاروسلاول" و "هلشتاین" به عنوان کانون‌های

انتخاب برای چربی شیر و کیفیت لاشه معرفی شده بودند (Zinovieva *et al.*, 2020). حضور این ژن در کنار *GLP2R* می تواند نشان دهنده انتخاب احتمالی برای کارایی مصرف انرژی و ذخیره چربی باشد که برای بقا در اقلیم های با محدودیت فصلی خوراک در ایران حیاتی است (Zhao *et al.*, 2015).

تولیدمثل و رشد: ژن *RIMS1* که در اگزوسیتوز غشای سیناپسی نقش دارد و به همراه *OGFRL1* (گیرنده فاکتور رشد اپیوئیدی) و *NTN1* (نترین ۱) در نواحی معنی دار مشاهده شدند. ژن *RIMS1* که در مطالعه حاضر شناسایی شد، در تحقیقات (Venkatesan *et al.*, 2025) بر روی یک نژاد بومی هند نیز به عنوان یک ژن کلیدی مرتبط با باروری و صفات تولیدمثلی گزارش شده است. همچنین شناسایی *DCAF10* در نواحی معنی دار، با یافته های (Ghoreishifar *et al.*, 2020) در نژادهای سوئدی که اعضای خانواده *DCAF* را با انطباق با ارتفاع و قد و قامت مرتبط دانستند، همسو است. این نتایج پیشنهاد می دهد که انتخاب برای جثه و کارایی تولیدمثل در نژادهای بومی ایران، احتمالاً مسیرهای بیولوژیکی مشابهی را با نژادهای اصلاح شده جهانی طی کرده است.

تنظیم بیان ژن و ترجمه: مجموعه قابل توجهی از ژن های مرتبط با دستگاه ترجمه و رونویسی شامل *RPS6* (پروتئین ریبوزومی S6)، *POLR1E* (زیر واحد RNA پلی مرآزا)، *TLE4* و *TRMT10B* شناسایی گردید. همچنین چندین نسخه از *U6 spliceosomal RNA* در مناطق تحت انتخاب قرار داشتند (Ben-Jemaa *et al.*, 2020). این نتایج، با یافته های (Utsunomiya *et al.*, 2013) مطابقت دارد، که تأکید کردند اصلاح پس از رونویسی rRNA ها نقش مهمی در کارایی ترجمه پروتئین های شیر در طول لاکتاسیون دارد. علاوه بر این، شناسایی چندین *U6 spliceosomal RNA* تداعی کننده نتایج مطالعه گاوهای شمال آفریقا است که در آن RNA های غیر کد کننده به عنوان اهداف اصلی انتخاب طبیعی برای سازگاری محیطی معرفی شدند (Ben-Jemaa *et al.*, 2020).

ترابری سلولی و سازگاری: انتقال دهنده های املاح از جمله *SLC24A2* (مبادله کننده سدیم/پتاسیم/کلسیم) و *SLC39A11* به همراه ژن های دخیل در انتقال و زیكولی نظیر *GOSR1* و *VPS53* شناسایی شدند که در سازگاری سلولی با استرس های محیطی نقش دارند. ژن *SLC24A2* که در این پژوهش شناسایی شد، در مطالعه ای دیگر نیز به عنوان یکی از نشانه های انتخاب مرتبط با صفات تولیدی و پاسخ به استرس در نژادهای گرمسیری معرفی گردید (Rajawat *et al.*, 2022). این انتقال دهنده ها به همراه ژن هایی مانند *NXN* (نوکلئوریدوکسین) که در پاسخ به استرس اکسیداتیو نقش دارد، ابزارهای بالقوه ژنومیک حیوان برای مقابله با تنش های گرمایی و محیطی مناطق خشک و نیمه خشک محسوب می شوند (Sorbolini *et al.*, 2016).

جدول ۲. ژن های کاندید شناسایی شده برای تولید در نواحی ژنومی معنی دار

Table 2. Genes and their biological functions associated with the identified genomic regions.

نام ژن Gene Name	عملکرد بیولوژیکی Biological Function
ABR (activator of RhoGEF and GTPase)	تسهیل کننده مسیر پیام رسانی Rho GTPase.

	Facilitator of the Rho GTPase signaling pathway.
CPD (carboxypeptidase D)	نقش مرتبط با فرایندهای پروتئولیتیک و بلوغ پروتئین Role related to proteolytic processes and protein maturation
DCAF10 (DDB1 and CUL4 associated factor 10)	اعضای خانواده DCAF با سازگاری به ارتفاع و تغییرات اندازه قامت بدنی مرتبط هستند Members of the DCAF family are associated with adaptation to altitude and changes in body size
A0A3Q1LVV9_BOVIN (RNA polymerase RBP11-like)	به عنوان یک جزء ضروری از ماشین رونویسی سلولی عمل می کند Acts as an essential component of the cellular transcription machinery
FRMPD1 (FERM and PDZ domain containing 1)	در اسکلت بندی و پیام رسانی در غشای سلولی نقش دارد Involved in cytoskeletal organization and signaling at the cell membran
GEMIN4 (gem nuclear organelle associated protein 4)	در متابولیسم RNA و مونتاژ کمپلکس بقای نورون حرکتی (SMN) نقش ایفا می کند Plays a role in RNA metabolism and assembly of the survival motor neuron (SMN) complex
GLP2R (glucagon like peptide 2 receptor)	در متابولیسم انرژی و هموستاز گلوکز نقش دارد Involved in energy metabolism and glucose homeostasis
GRHPR (glyoxylate and hydroxypyruvate reductase)	در متابولیسم انرژی و هموستاز گلوکز نقش دارد Involved in energy metabolism and glucose homeostasis
GOSR1 (golgi SNAP receptor complex member 1)	حمل و نقل وزیکولی و انتقال پروتئین را تنظیم می کند Regulates vesicular transport and protein trafficking
NTN1 (netrin 1)	در فرایندهای تکاملی نقش دارد Involved in developmental processes
NSRP1 (nuclear speckle splicing regulatory protein 1)	در پردازش پس از رونویسی RNA نقش دارد Involved in post-transcriptional RNA processing
NXN (nucleoredoxin)	در پاسخ به تنش اکسیداتیو عمل می کند Functions in response to oxidative stress
OGFRL1 (opioid growth factor receptor like 1)	با مسیرهای زیستی تولیدمثل و رشد مرتبط است Associated with reproductive and growth-related biological pathways
PLIN2 (perilipin 2)	در متابولیسم لیپید و تشکیل قطرات چربی درون سلولی نقش دارد Involved in lipid metabolism and the formation of intracellular lipid droplets

RIMS1 (regulating synaptic membrane exocytosis 1)	با نرخ آبستنی مرتبط است Associated with conception rate
RPS6 (ribosomal protein S6)	جزئی از ماشین ترجمه است که در پیام‌رسانی سلولی و پاسخ ایمنی نقش دارد A component of the translation machinery involved in cellular signaling and immune response
POLR1E (RNA polymerase I subunit E)	به عنوان یک جزء اصلی از ماشین تنظیم رونویسی سلولی عمل می‌کند Acts as a core component of the cellular transcription regulatory machinery
SLC24A2 (solute carrier family 24 member 2)	با صفات تولیدی مرتبط است Associated with production traits
SLC39A11 (solute carrier family 39 member 11)	در سازگاری سلولی و انتقال یون نقش دارد Involved in cellular adaptation and ion transport
TLE4 (TLE family member 4)	به عنوان سرکوب‌کننده رونویسی عمل کرده و جزء اصلی ماشین تنظیم رونویسی است Acts as a transcriptional repressor and is a core component of the transcription regulatory machinery
TRMT10B (tRNA methyltransferase 10B)	در پردازش پس از رونویسی RNA نقش دارد Involved in post-transcriptional RNA processing
LOC112442781 / LOC112447954 (U6 spliceosomal RNA)	برای تنظیم بیان ژن در سطوح رونویسی و پس از رونویسی ضروری است Essential for regulating gene expression at both transcriptional and post-transcriptional levels
USP43 (ubiquitin specific peptidase 43)	در مسیر تخریب پروتئین با واسطه یوبیکوئیتین برای حذف پروتئین‌های آسیب‌دیده توسط تنش محیطی نقش دارد Involved in the ubiquitin-mediated protein degradation pathway for removing proteins damaged by environmental stress
VPS53 (subunit of GARP complex)	حمل و نقل وزیکولی و انتقال پروتئین درون سلولی را تنظیم می‌کند Regulates vesicular transport and intracellular protein trafficking
ZCCHC7 (zinc finger CCHC-type containing 7)	در تنظیم رونویسی و بیان ژن نقش دارد Involved in transcriptional regulation and gene expression

یافته‌های این تحقیق نشان می‌دهد که علیرغم عدم وجود برنامه‌های اصلاح‌نژادی صنعتی و فشرده در نظام‌های سنتی دامپروری ایران، فشارهای انتخابی مصنوعی و طبیعی در طول قرن‌ها، احتمالاً ردپاهای ژنومی عمیق و قابل تشخیصی در ژنوم این نژادها بر جای گذاشته است. تمایز واضح بین گروه‌های شیری و گوشتی در ۲۳ منطقه ژنومی واگرا بین دو تیپ تولیدی، با فرضیه تاثیر انتخاب بر صفات تولیدی – هرچند با شدت کمتر نسبت به نژادهای تجاری اروپایی – همسو است. همپوشانی معنی‌دار مناطق شناسایی‌شده با QTLها و ژنهای گزارش شده برای صفات مختلف تولیدی در پایگاه‌های داده‌ی بین‌المللی، اعتبار یافته‌های این مطالعه را به عنوان نشانه‌های انتخاب احتمالی تأیید می‌کند. این یافته‌ها می‌تواند مبنای مناسبی برای شناسایی ژن‌های کاندید و استفاده از آن‌ها در برنامه‌های اصلاح‌نژاد ژنومی برای بهبود تولیدات دامی با حفظ ذخایر ژنتیکی بومی فراهم می‌آورد.

۶. منابع

- Ben-Jemaa, S., Mastrangelo, S., Lee, S.-H., Lee, J. H., & Boussaha, M. (2020). Genome-wide scan for selection signatures reveals novel insights into the adaptive capacity in local North African cattle. *Scientific Reports*, 10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76107-0>
- Boitard, S., Boussaha, M., Capitan, A., Rocha, D., & Servin, B. (2016). Uncovering Adaptation from Sequence Data: Lessons from Genome Resequencing of Four Cattle Breeds. *Genetics*, 203, 433–450. <https://doi.org/10.1534/genetics.115.181594>
- Druet, T., Pérez-Pardal, L., Charlier, C., & Gautier, M. (2013). Identification of large selective sweeps associated with major genes in cattle. *Animal genetics*, 44 6, 758–762. <https://doi.org/10.1111/age.12073>
- Fabbri, M., Proto, G., Tiezzi, F., Callegaro, S., Sirtori, F., Crovetto, A., & Bozzi, R. (2025). Key genomic regions identified through selection signatures distinguish cattle breeds reared in Sardinia Island. *BMC Genomics*, 26. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-12204-6>
- Ghoreishifar, S. M., Eriksson, S., Johansson, A., Khansefid, M., Moghaddaszadeh-Ahrabi, S., Parna, N., Davoudi, P., & Javanmard, A. (2020). Signatures of selection reveal candidate genes involved in economic traits and cold acclimation in five Swedish cattle breeds. *Genetics, Selection, Evolution : GSE*, 52. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00571-5>
- Hayes, B., & Daetwyler, H. (2019). 1000 Bull Genomes Project to Map Simple and Complex Genetic Traits in Cattle: Applications and Outcomes. *Annual review of animal biosciences*, 7, 89–107. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-020518-115024>
- Kambal, S., Walsh, A., Sivasankaran, S., Adossa, N., Skarlupka, J., Hanotte, O., Suen, G., & Elsik, C. (2025). Bovine Genome Database: new curated collection of selective sweeps in bovine populations across the world. *Nucleic Acids Research*, 54. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf1214>
- Karimi, K., Strucken, E. M., Moghaddar, N., Ferdosi, M. H., Esmailzadeh, A., & Gondro, C. (2016). Local and global patterns of admixture and population structure in Iranian native cattle. *BMC genetics*, 17(1), 108 .
- Mariadassou, M., Ramayo-Caldas, Y., Charles, M., Féménia, M., Renand, G., & Rocha, D. (2020). Detection of selection signatures in Limousin cattle using whole-genome resequencing. *Animal genetics*. <https://doi.org/10.1111/age.12982>
- Moravčíková, N., Kasarda, R., Vostrý, L., Krupová, Z., Krupa, E., Lehocká, K., Olšanská, B., Trakovická, A., Nádaský, R., Židek, R., Belej, L., & Golian, J. (2019). Analysis of selection

- signatures in the beef cattle genome. *Czech Journal of Animal Science*, 64(12), 491–503. <https://doi.org/10.17221/226/2019-cjas>
- Nielsen, R., Williamson, S., Kim, Y., Hubisz, M., Clark, A., & Bustamante, C. (2005). Genomic scans for selective sweeps using SNP data. *Genome research*, 15 11, 1566–1575 . <https://doi.org/10.1101/gr.4252305>
- Peripolli, E., Reimer, C., Ha, N., Geibel, J., Machado, M., Panetto, J., Egito, A. A. D., Baldi, F., Simianer, H., & Da Silva, M. (2020). Genome-wide detection of signatures of selection in indicine and Brazilian locally adapted taurine cattle breeds using whole-genome re-sequencing data. *BMC Genomics*, 21. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07035-6>
- Qanbari, S., Pausch, H., Jansen, S., Somel, M., Strom, T. M., Fries, R., Nielsen, R., & Simianer, H. (2014). Classic selective sweeps revealed by massive sequencing in cattle. *PLoS genetics*, 10(2), e1004148 .
- Rajawat, D., Panigrahi, M., Kumar, H., Nayak, S. S., Parida, S., Bhushan, B., Gaur, G., Dutt, T., & Mishra, B. (2022). Identification of important genomic footprints using eight different selection signature statistics in domestic cattle breeds. *Gene*, 146165. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2021.146165>
- Rowan, T., Schnabel, R., & Decker, J. (2021). Uncovering the architecture of selection in two Bos taurus cattle breeds. *Evolutionary Applications*, 17. <https://doi.org/10.1111/eva.13666>
- Sorbolini, S., Gaspa, G., Steri, R., Dimauro, C., Cellesi, M., Stella, A., Marras, G., Marsan, P., Valentini, A., & Macciotta, N. (2016). Use of canonical discriminant analysis to study signatures of selection in cattle. *Genetics, Selection, Evolution : GSE*, 48. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0236-7>
- Sorbolini, S., Marras, G., Gaspa, G., Dimauro, C., Cellesi, M., Valentini, A., & Macciotta, N. (2015). Detection of selection signatures in Piemontese and Marchigiana cattle, two breeds with similar production aptitudes but different selection histories. *Genetics, Selection, Evolution : GSE*, 47. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0128-2>
- Stella, A., Ajmone-Marsan, P., Lazzari, B., & Boettcher, P. (2010). Identification of selection signatures in cattle breeds selected for dairy production. *Genetics*, 185(4), 1451–1461. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.116111>
- Utsunomiya, Y., O'Brien, A. P., Sonstegard, T., Van Tassell, C., Carmo, A. D., Mészáros, G., Sölkner, J., & Garcia, J. F. (2013). Detecting Loci under Recent Positive Selection in Dairy and Beef Cattle by Combining Different Genome-Wide Scan Methods. *PLoS ONE*, 8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0064280>
- Venkatesan, R. T., Rani, A., Umesh, S., Sushil, K., Kumar, D. A., Sowmya, P., Kesavan, M., Singh, R. B., Panchasara, H., Kumar, S. A., & Chhaya, R. (2025). Genome-wide scan for SNPs and selective sweeps reveals candidate genes and QTLs for milk production and reproduction traits in Indian Kankrej cattle. *3 Biotech*, 15. <https://doi.org/10.1007/s13205-025-04263-z>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 1358–1370 .
- Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 395–420 .
- Xu, L., Bickhart, D., Cole, J., Schroeder, S., Song, J., Tassell, C., Sonstegard, T., & Liu, G. (2015). Genomic signatures reveal new evidences for selection of important traits in domestic

cattle. *Molecular biology and evolution*, 32 3, 711–725.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msu333>

Zhao, F., McParland, S., Kearney, F., Du, L., & Berry, D. (2015). Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information. *Genetics, Selection, Evolution : GSE*, 47. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0127-3>

Zinovieva, N., Dotsev, A., Sermyagin, A., Deniskova, T., Abdelmanova, A., Kharzinova, V., Sölkner, J., Reyer, H., Wimmers, K & ,Brem, G. (2020). Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis. *PLoS ONE*, 15. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242200>

پایز فله شده در خفیت انتشار