

## مطالعه ساختار ژنتیکی شش نژاد گاو خاورمیانه‌ای و اروپایی

شماره صفحات

۶۹-۷۹

شریفه قنواتی<sup>۱</sup> و سیروس عیدوندی<sup>۲\*</sup><sup>۱</sup> گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، اهواز، خوزستان، ایران.<sup>۲</sup> گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد بهبهان، بهبهان، ایران.نویسنده مسئول: [sirouseidivandi@gmail.com](mailto:sirouseidivandi@gmail.com)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۱/۲۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۱/۳۰

## چکیده

در این مطالعه ساختار ژنتیکی شش نژاد گاو از اروپا و خاورمیانه با استفاده از تراشه SNP50K مقایسه شدند. این شش نژاد شامل: بلدی، آناتولی بلک، براون سوئیس، هرфорд، هلشتاین و جرسی هستند. بلدی و آناتولی بلک دو جمعیت گاو بومی خاورمیانه هستند و براون سوئیس، هرфорд، هلشتاین و جرسی اروپایی هستند که برای تولید شیر و گوشت استفاده می‌شوند. استفاده از آرایه های ژنوتیپی SNP با چگالی بالا، محققان را قادر به بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی نژادهای مختلف گاو کرده است. در این تحقیق داده های توالی ژنوم ۱۴۴ راس گاو، شامل: بلدی (BAL, n= 30)، آناتولی بلک (ANB, n= 8)، و نژادهای اروپایی شامل هلشتاین (HOL, n= 30)، هرфорд (HFD, n= 31)، جرسی (JER, n= 21) و براون سوئیس (BSW, n=24)، با استفاده از تراشه SNP50K مورد مطالعه قرار گرفتند. در میان جمعیت های مورد بررسی، بلدی و آناتولی بلک کمترین فاصله ژنتیکی را از هم نشان دادند، که نشان دهنده رویدادهای مهاجرت گاه به گاه بین این دو جمعیت است، همچنین، در بین نژادهای اروپایی مورد مطالعه نژاد هرфорд و جرسی فاصله ژنتیکی کمتری در مقایسه با نژاد هلشتاین و براون سوئیس نشان دادند. بیشترین فاصله ژنتیکی بین هلشتاین و هرфорд مشاهده شد. به طور کلی دو جمعیت بومی خاورمیانه‌ای همبستگی ژنتیکی بیشتری در مقایسه با چهار نژاد اروپایی نشان دادند. همچنین، بین فواصل جغرافیایی و همبستگی ژنتیکی ارتباطی مشاهده شد، بدین معنی که هرچقدر فواصل جغرافیایی بین نژادها نزدیک تر باشد از نظر ژنتیکی نیز به هم نزدیک ترند و بالعکس.

**کلمات کلیدی:** ساختار ژنتیکی، ژنوم گاو، گاوهای خاورمیانه‌ای و گاوهای اروپایی.

## مقدمه

گاو یکی از مهم‌ترین حیوانات اهلی است که برای مصارف مختلف مانند شیر، گوشت و کار پرورش داده شده است. تنوع ژنتیکی برای پایداری بلندمدت تولید گاو و حفظ منابع ژنتیکی حیاتی است. با این حال، انتخاب شدید و اصلاح نژاد می‌تواند منجر به کاهش تنوع ژنتیکی شود که در نهایت می‌تواند بر سلامت، بهره‌وری و سازگاری جمعیت‌های گاو تأثیر بگذارد. در سال‌های اخیر، استفاده از آرایه‌های ژنوتیپی SNP با چگالی بالا، محققان را قادر به بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی نژادهای مختلف گاو کرده است. برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی، محققان اغلب از نشانگرهای ژنتیکی مانند پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) استفاده می‌کنند. SNP ها تغییراتی در توالی DNA هستند که زمانی رخ می‌دهند که یک نوکلئوتید منفرد (A، C، G یا T) بین افراد متفاوت باشد. با تعیین ژنوتیپ SNP ها در ژنوم افراد از نژادهای گاو مختلف، می‌توانیم تنوع ژنتیکی را اندازه‌گیری کنیم و تفاوت‌ها و شباهت‌های بین نژادها را مقایسه کنیم. حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های دام برای مقابله با چالش‌های کنونی و آینده، مانند تغییرات اقلیمی، امنیت غذایی و بیماری‌های جدید که اکوسیستم‌های کشاورزی را تحت تأثیر قرار می‌دهند، حیاتی است (Groeneveld *et al.* 2010; Muluneh 2021). همچنین تنوع ژنتیکی در نژادهای دام توانایی آن‌ها را برای انطباق با محیط‌های متنوع و متغیر تقویت می‌کند (Leroy *et al.* 2018). این تنوع برای برنامه‌های اصلاحی انتخابی ضروری است و به اصلاح‌کنندگان این امکان را می‌دهد تا صفاتی مانند مقاومت به بیماری، بهره‌وری و انعطاف‌پذیری در برابر تنش‌های محیطی را بهبود بخشند. علاوه بر این، تنوع ژنتیکی در دسترس بودن یک استخر ژنتیکی وسیع را برای نیازهای اصلاحی آینده تضمین می‌کند که برای پایداری بلندمدت کشاورزی حیوانات حیاتی است (Notter 1999). در سال‌های اخیر، مطالعات ژنومی به ابزاری ارزشمند در ارزیابی تنوع ژنتیکی، به‌ویژه از طریق استفاده از تراشه‌های SNP با چگالی بالا (پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی) تبدیل شده است. با تجزیه و تحلیل داده‌های SNP در کل ژنوم، محققان می‌توانند بینش‌هایی در مورد تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت و سطوح هم‌خونی درون و بین نژادها به دست آورند (Groeneveld *et al.* 2010). این بینش‌ها طراحی استراتژی‌های مؤثر اصلاحی و حفاظتی را امکان‌پذیر می‌سازد که می‌تواند به حفاظت از منابع ژنتیکی و کاهش خطرات مرتبط با تنوع ژنتیکی کم، مانند افسردگی هم‌خونی کمک کند (Doekes *et al.* 2021). در این مطالعه، تنوع ژنتیکی شش نژاد گاو با استفاده از یک تراشه SNP 50K مقایسه شد. این جمعیت‌ها بلدی، آناتولی بلک، براون سوئیس، هرفورد، هلشتاین و جرسی هستند. بر اساس خاستگاه جغرافیایی و تاریخی و همچنین اهمیت اقتصادی و فرهنگی جمعیت‌های مورد مطالعه انتخاب شدند. بلدی و آناتولی بلک دو جمعیت گاو بومی خاورمیانه هستند. گاو بلدی معمولاً برای تولید شیر و گوشت استفاده می‌شود و به خوبی با شرایط آب و هوایی سخت منطقه سازگار است. گاو آناتولی بلک نیز برای تولید شیر و گوشت استفاده می‌شود و به دلیل سرسختی و مقاومت در برابر بیماری‌ها شناخته شده است. براون سوئیس، هرفورد، هلشتاین و جرسی نژادهای اروپایی هستند که به طور گسترده برای تولید شیر و گوشت گاو استفاده می‌شوند.

تنوع ژنتیکی این شش نژاد با استفاده از پارامترهای مختلف، مانند غنای آللی (تعداد آلل‌های مختلف در هر مکان SNP)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار (معیار تنوع ژنتیکی در یک جمعیت)، ضریب همخونی (معیار سطح همخونی در یک جمعیت) و ساختار جمعیت (درجه تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها) اندازه‌گیری شد. هدف این تحقیق مقایسه تنوع ژنتیکی شش نژاد گاو از اروپا و خاورمیانه با استفاده از یک تراشه SNP 50K بود. بطوریکه در مورد اساس ژنتیکی صفات فنوتیپی و توانایی آنها برای سازگاری با محیط‌های مختلف بینشی را به ما ارائه می‌دهد. همچنین درک ما را از تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیتی این نژادها و شناسایی اهداف بالقوه برای بهبود ژنتیکی و تلاش‌های حفاظتی افزایش می‌دهد.

## مواد و روش‌ها

### جمع‌آوری داده‌های ژنومی

داده‌های توالی ژنوم ۱۴۴ رأس از دو جمعیت گاو بومی خاورمیانه و چهار نژاد گاو اروپایی مورد تحقیق و بررسی قرار گرفت. داده‌های ژنومی برای BAL، ANB، HOL، HFD، JER و BSW از طریق پروژه Cattle HapMap (بازیابی شده از <http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>) در دسترس است. اطلاعات نمونه برای تمامی نژادها در جدول ۱ خلاصه شده است.

جدول ۱. اطلاعات نژادهای گاو مورد تحقیق

Table 1. Information of the cattle breeds

| تعداد نمونه<br>Number of Samples | منشاء جغرافیایی<br>Geographical origin      | مخفف<br>Abbreviation | اسم نژاد<br>Name of Breed    |
|----------------------------------|---|----------------------|------------------------------|
| 30                               | Egypt and Syria<br>مصر و سوریه              | BAL                  | Baladi<br>بلدی               |
| 8                                | Turkey<br>ترکیه                             | ANB                  | Anatoly Black<br>آناتولی بلک |
| 30                               | Netherlands and<br>Germany<br>هلند و آلمان  | HOL                  | Holstein<br>هلشتان           |
| 31                               | England<br>انگلستان                         | HFD                  | Herford<br>هرفورد            |
| 21                               | England and<br>France<br>انگلستان و فرانسه  | JER                  | Jersey<br>جرسی               |
| 24                               | Switzerland<br>and Austria<br>سوئیس و اتریش | BSW                  | Brown Swiss<br>براون سوئیس   |

### کنترل کیفیت و فیلتر کردن داده‌ها

همه داده‌های ژنوتیپ با استفاده از (Illumina, San Diego, CA, USA) OvineSNP50 BeadChip تولید و به نقشه Illumina Oar\_v3.1 SNP بر گرفته از (Nicolazzi *et al.* 2014) SNPChiMp نوشته شدند. داده‌های ژنومی خام با استفاده از PLINK نسخه ۱.۹ ادغام شدند (Purcell *et al.* 2007).

SNP‌های واقع در کروموزوم‌های جنسی، به دلیل این که جنس تمامی نمونه‌ها برای ما مشخص نبود را حذف کردیم و همچنین قطعاتی از توالی کروموزومی که کیفیت پائینی داشتند را نیز حذف کردیم (Eydivandi *et al.* 2020). ژنوتیپ‌های از دست رفته با استفاده از بسته نرم افزاری BEAGLE نسخه ۵.۰ مشخص شدند (Browning & Browning 2007).

از نرم افزار FCGENE نسخه ۱.۷ برای تبدیل داده‌های ژنوتیپ از فرمت PLINK به BEAGLE و بالعکس استفاده شد (Roshyara & Scholz 2014). سپس فیلتراسیون کیفی برای هر یک از جمعیت‌ها با استفاده از PLINK انجام شد. SNP‌هایی که در کمتر از ۹۰ درصد افراد ژنوتیپ شده بودند، دارای MAF کمتر از ۱ درصد بودند و از HWE در  $p < 10^{-3}$  خارج شدند و نیز نمونه‌های با بیش از ۵ درصد ژنوتیپ از دست رفته حذف شدند.

## نتایج

### جمعیت‌ها و داده‌های ژنوتیپی

در مجموع ۱۴۴ رأس از شش نژاد گاو خاورمیانه‌ای و اروپایی در ۳۹۴۰۸ اسنیپ یا فارسی یا انگلیسی نوشته شوند فیلتر شده با کیفیت مقایسه شدند.

### شاخص تثبیت (FST)

شاخص تثبیت (FST) معیاری برای تمایز جمعیت است که به طور گسترده در ژنتیک جمعیت استفاده می‌شود (Bird *et al.*, 2011). FST تمایز ژنتیکی بین دو یا چند جمعیت را نسبت به کل تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها اندازه گیری می‌کند (Hedrick, 2005). FST به عنوان نسبت واریانس فراوانی آلی بین جمعیت‌ها به واریانس فراوانی آلی در جمعیت‌ها بیان می‌شود. محدوده FST از ۰ تا ۱ است که مقادیر نزدیک به ۰ بیان کننده تمایز کم و مقادیر نزدیک‌تر به ۱ بیان کننده تمایز زیاد است (Eydivandi *et al.* 2021b). مقادیر FST در بین جمعیت‌های گاو مورد مطالعه به دست آمد. بر این اساس، در میان نژادهای مورد بررسی، بلدی و آناتولی بلک کمترین فاصله ژنتیکی را نشان دادند که بیان کننده رویدادهای مهاجرت گاه به گاه بین این دو جمعیت است. همچنین در بین نژادهای اروپایی مورد مطالعه نژاد هر فور و جرسی فاصله ژنتیکی کمتری در مقایسه با نژاد هلستاین و براون سوئیس نشان دادند. بیشترین فاصله ژنتیکی بین هلستاین و هر فور مشاهده شد.

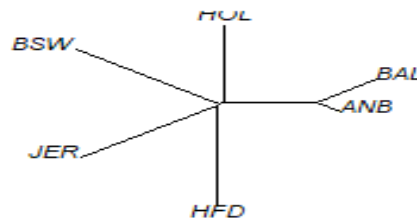
به طور کلی دو جمعیت بومی خاورمیانه‌ای همبستگی ژنتیکی بیشتری در مقایسه با چهار نژاد اروپایی نشان دادند (شکل ۱). بین فواصل جغرافیایی و همبستگی ژنتیکی ارتباط مشاهده شد. بدین معنی که هرچقدر فواصل جغرافیایی بین نژادها نزدیکتر باشد از نظر ژنتیکی نیز به هم نزدیک‌ترند و در آنالیز FST به خوبی این مورد تایید شده است که دلیل آن مهاجرت‌های بیشتر بین نژادهایی است که از نظر فاصله جغرافیایی به هم نزدیکتر است.

### Principal Component Analysis (PCA)

PCA یک روش آماری پرکاربرد برای تجزیه و تحلیل داده‌های ژنتیکی در مطالعات ژنتیکی جمعیت، تجزیه و تحلیل اجزای اصلی (PCA) است (Elhaik, 2022). برای شناسایی الگوها و ساختار در داده‌های بزرگ با کاهش تعداد ابعاد داده‌ها و در حالی که تا حد امکان اطلاعات را حفظ می‌کند از PCA استفاده می‌شود (Eydivandi *et al.* 2020; Gewers *et al.* 2021). در این تحقیق برای شناسایی ساختار جمعیت و همبستگی ژنتیکی از PCA استفاده شد.

همانطوری که در نمودار (PC1) مشاهده می‌شود، نژادهای اروپایی هرفورد و هلشتاین و جرسی و براون سوئیس تفکیک شده اما دو نژاد خاورمیانه‌ای بلدی و آناتولی بلک همپوشانی داشتند که تایید کننده آنالیز FST است. تنوع ژنتیکی درون نژادی در نژاد هرفورد بیشتر از سایر نژادها نشان داده شد و کمترین تنوع ژنتیکی در نژاد جرسی و هلشتاین مشاهده شد (شکل ۲).

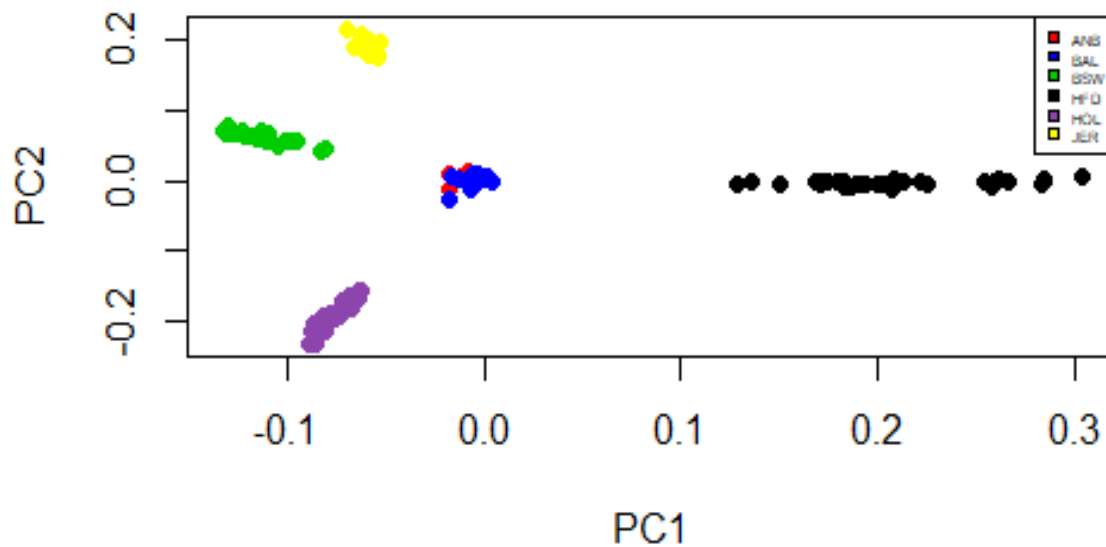
### Weir & Cockerham's Fst



### neighbor joining

شکل ۱. شاخص تثبیت (FST) بین نژادهای گاو مورد مطالعه

Figure 1. Fixation index (FST) between the cattle breeds

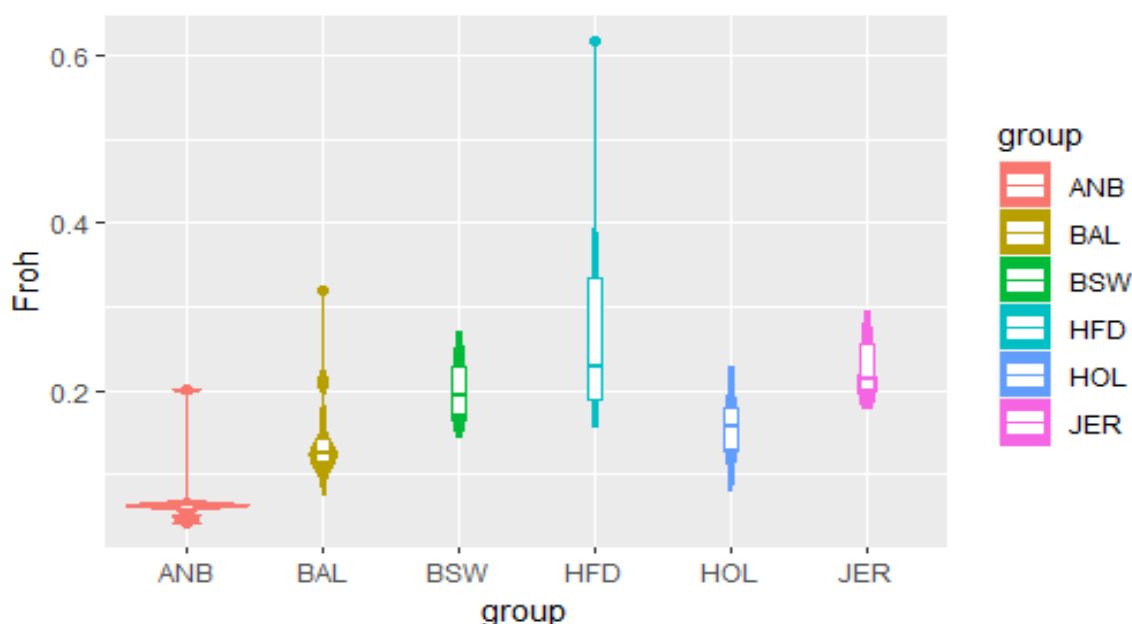


شکل ۲. PCA بین ۶ نژاد گاو مورد مطالعه

Figure 2. PCA between the 6 cattle breeds

### Run of Homozygosity (ROH)

تخمین هموزیگوسیتی (ROH) به توالی ژنوتیپ‌های هموزیگوت در طول ژنوم یک فرد می‌گویند (McQuillan *et al.* 2008). ژنوتیپ‌های هموزیگوت موقعی اتفاق می‌افتند که یک فرد دارای آلل‌های یکسان در یک مکان ژنومی خاص باشد. ROH می‌تواند به دلیل مکانیسم‌های ژنتیکی مختلف، از جمله خویشاوندی والدین، رانش ژنتیکی، ساختار جمعیت و انتخاب به وجود آید. تجزیه و تحلیل ROH امتیازهای زیادی در مطالعات ژنتیک انسان و حیوانات دارد؛ زیرا آگاهی‌هایی را در مورد معماری ژنومی و الگوهای همخونی در جمعیت‌ها نشان می‌دهد (Hewett *et al.* 2023). نتایج نشان می‌دهد که بطور کلی میزان خلوص (F) در نژاد اروپایی هرفورد بیشتر از سایر نژادهای اروپایی و خاورمیانه ای است. در بین نژادهای اروپایی نژاد هرفورد بیشترین واریانس را از نظر میزان خلوص و نژاد هلشتاین کمترین واریانس مشاهده شد. در بین جمعیت‌های خاورمیانه ای نژاد بلدی از نظر همخونی بیشترین واریانس دیده شد (شکل ۳).



شکل ۳. بررسی ROH در بین نژادهای مورد مطالعه

Figure 3. ROH between the cattle breeds

### بحث

حفظ تنوع ژنتیکی در نژادهای دام بومی یک جزء حیاتی برای حفظ امنیت غذایی و شیوه‌های کشاورزی پایدار در سراسر جهان است (Santilli, 2012). نژادهای بومی اغلب به طور منحصر به فردی با شرایط خاص محیطی، اکولوژیکی و آب و هوایی مناطق خود سازگار می‌شوند و آن‌ها را در حفظ انعطاف‌پذیری در مواجهه با تغییرات آب و هوایی، شیوع بیماری‌ها و تغییر تقاضاهای کشاورزی ارزشمند می‌کند (Eydivandi *et al.* 2021b). علاوه بر این، این نژادها به پایداری سیستم‌های کشاورزی در مناطق روستایی و کمتر صنعتی کمک می‌کنند، جایی که استفاده از منابع ژنتیکی محلی برای امرار معاش و تولید غذا ضروری

است (Marshall 2014). با این حال، علی‌رغم اهمیت آن‌ها، تنوع ژنتیکی نژادهای دام بومی به طور فزاینده‌ای در معرض تهدید قرار می‌گیرد (Groeneveld *et al.* 2010). این تا حد زیادی به دلیل روند جهانی جایگزینی نژادهای سنتی با گونه‌های تجاری با کارایی بالا است. این نژادهای تجاری، در حالی که اغلب بهره‌وری بالاتری از نظر گوشت، شیر یا پشم ارائه می‌دهند، ممکن است دارای همان سطح انعطاف پذیری یا سازگاری با شرایط محیطی محلی نباشند. علاوه بر این، از دست دادن جمعیت‌های بومی می‌تواند منجر به فرسایش برگشت‌ناپذیر منابع ژنتیکی شود که ممکن است برای تلاش‌های اصلاحی آینده یا سازگاری با چالش‌های جدید محیطی حیاتی باشد (Eydivandi *et al.* 2021a). بنابراین، نیاز به درک و حفظ تنوع ژنتیکی نژادهای بومی بیش از هر زمان دیگری ضروری است. در این مطالعه بر ارزیابی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی دو جمعیت گاو بومی خاور میانه با استفاده از داده‌های ژنومی با تراکم بالا متمرکز شدیم. علاوه بر این، ما روابط ژنتیکی این نژادها را با چهار نژاد گاو اروپایی مقایسه کردیم و ساختار فیلوژنتیک و سطوح همخونی آن‌ها را بررسی کردیم. هدف ما بررسی معماری ژنتیکی این جمعیت‌ها و ارائه درک جامعی از تاریخچه تکاملی آن‌ها، پتانسیل بهبود ژنتیکی، و پیامدهای استراتژی‌های حفاظت بود.

### ساختار ژنتیکی و روابط فیلوژنوگرافی

نتایج ما تمایز ژنتیکی نژادهای گاو بومی خاورمیانه را در مقایسه با گاوهای تجاری اروپایی تأیید کرد. این تمایز ژنتیکی ممکن است نشان‌دهنده وقوع چندین رویداد اهلی‌سازی یا مسیرهای تکاملی متفاوت برای جمعیت‌های مورد مطالعه باشد. در مطالعات قبلی روی DNA میتوکندری پیشنهاد شده است (Pedrosa *et al.* 2005; Meadows *et al.* 2007) که چنین واگرایی ژنتیکی را می‌توان به انزوای جغرافیایی تاریخی نسبت داد، در نتیجه امکان توسعه صفات ژنتیکی منحصر به فرد را در هر منطقه فراهم می‌سازد. به طور خاص، تجزیه و تحلیل فیلوژنوگرافی نشان داد که جمعیت گاوهای بومی خاورمیانه‌ای و تجاری اروپایی بر اساس منشاء جغرافیایی خود، خوشه‌بندی می‌شوند. این مشاهدات نقش انزوای جغرافیایی را در تشکیل جمعیت‌های ژنتیکی متمایز نشان می‌دهد، که یک پدیده رایج در نژادهای دام سازگار با شرایط محیطی خاص است. چندین مطالعه تنوع ژنتیکی نژادهای مختلف گاو را با استفاده از تراشه SNP50K مقایسه کرده‌اند. به عنوان مثال، بیان و همکاران (۲۰۲۱) تنوع ژنتیکی شش جمعیت گاو بومی بنگلادش مقایسه کردند. آن‌ها دریافتند که تمایز ژنتیکی ضعیفی در میان جمعیت‌های گاو بومی بنگلادش وجود دارد ولی با گاوهای زیبو و تورین از سایر نقاط جهان تمایز ژنتیکی آشکاری نشان دادند (Bhuiyan *et al.* 2021).

همچنین در مطالعه پنج نژاد گاو بومی روسیه آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) نتایج بسیار معنی‌داری را برای تمایز ژنتیکی ( $p < 0.001$ ) در نژادهای مورد مطالعه نشان داد (Zinovieva *et al.* 2016). تمامی مطالعات مذکور ضرورت حفظ تنوع ژنتیکی و جلوگیری از آسیب‌های ناشی از آن بیان شده است و این نتایج با نتایج حاصل از مطالعه حاضر همخوانی دارد. تمایز جغرافیایی نژادهای گاو مورد مطالعه نیز در تجزیه و تحلیل مؤلفه اصلی (PCA) منعکس شده است. این الگو نشان می‌دهد که ساختار ژنتیکی جمعیت این نژادها تحت تأثیر عوامل جغرافیایی تاریخی و معاصر از جمله توپوگرافی و اقلیم است که توزیع

تنوع ژنتیکی را شکل داده است (Eydivandi *et al.* 2020; Nanaei *et al.* 2023). این یافته‌ها مهم هستند، زیرا بر اهمیت انزوای جغرافیایی و جریان محدود ژن در حفظ یکپارچگی ژنتیکی نژادهای گاو به خصوص نژادهای بومی تأکید می‌کند.

### همخونی و هموزیگوسیتی (ROH)

همخونی، یک عامل کلیدی در ارزیابی سلامت ژنتیکی جمعیت‌های دام، می‌تواند از طریق تجزیه و تحلیل دوره‌های هموزیگوسیتی (ROH) اندازه‌گیری شود، که امتدادی از ژنوم هستند که به دلیل وراثت از یک اجداد مشترک یکسان هستند (Mastrangelo *et al.* 2018). آنها اغلب برای برآورد میزان همخونی ژنومی واقعی استفاده می‌شوند (Kirin *et al.* 2010). شدت انتخاب اغلب با استفاده از فن آوری‌های تولیدمثل، انتخاب چند حیوان برتر (به ویژه گاو نر) و استفاده از روش‌های پیشرفته ارزیابی ژنتیکی افزایش می‌یابد (Brito *et al.* 2021). برای این منظور FROH برآورد شد. ما از تشخیص ROH با حداقل اندازه پنجره 20 SNP استفاده کردیم که نزدیک‌ترین برآوردها را به همخونی واقعی دارد (Meyermans *et al.* 2020) که سطوح ثبت شده (FROH 0.0078-0.0544) با یافته‌های قبلی Mastrangelo و همکاران مطابقت داشت (Mastrangelo *et al.* 2018). به طور کلی، میانگین سطوح FROH برآورد شده برای نژادهای تجاری اروپایی در مقایسه با آنچه برای نژادهای بومی خاورمیانه‌ای گزارش شده بود، بالاتر بود، که به احتمال زیاد نشان دهنده تفاوت در مدیریت نژاد (فشرده در برابر گسترده) از جمله تفاوت در ثبت اطلاعات شجره نامه و اجرای برنامه‌های اصلاح نژاد است. گاوهای نژاد آناتولی بلک پایین‌ترین سطح متوسط FROH را نشان داد (>1)، که شاید نتیجه انتخاب آرام (relaxed selection) باشد؛ زیرا پرورش گاو در ترکیه کاملاً سنتی است (Yeşil & Gömlekli 2021). گاو خاورمیانه‌ای به طور متوسط ۰/۰۴۴ برای FROH را نشان داد (از ۰/۰۴۲ تا ۰/۰۴۷)، که کمتر از مقادیر برای گاوهای اروپایی (۰/۰۴۹) بود و با یافته‌های قبلی مطابقت داشت (Zhang *et al.* 2018) (Mastrangelo *et al.* 2018). به منظور بررسی تنوع ژنتیکی در گاوهای شیری هلستاین ایتالیا با استفاده از داده‌های ژنومی، محققان دریافتند که افزایش قابل توجهی در میزان همخونی (FROH) از زمان معرفی انتخاب ژنومی در این نژاد پیدا شد. بنابراین آن‌ها دریافتند که کنترل از دست دادن تنوع ژنتیکی برای اطمینان از پایداری بلندمدت این نژاد و همچنین تضمین نیازهای بازار در آینده ضروری است (Ablondi *et al.* 2022). بالاترین سطح متوسط FROH برای JER گزارش شد که احتمالاً شدت انتخاب بالاتر را نشان می‌دهد (Brito *et al.* 2021). تاریخچه همخونی در یک جمعیت را می‌توان از روی توزیع طول قطعات ROH برآورد کرد (Gomez-Raya *et al.* 2015). بنابراین، توزیع طول قطعات ROH را برآورد کردیم. تعداد قطعات ROH برای جمعیت مصر کمترین بود. از سوی دیگر، بیشترین تعداد قطعات ROH برای جرسی مشاهده شد که نشان دهنده بالاترین سطوح FROH است و رابطه بین تعداد قطعات ROH و سطوح FROH را نشان می‌دهد (Peripolli *et al.* 2017). اگرچه نژادهای بومی FROH کمتری نسبت به نژادهای تجاری نشان دادند و اکثر قطعات ROH کوتاه بودند، شواهد نشان می‌دهد که تولید کم یک عامل اصلی برای جایگزینی نژادهای محلی است. جایگزینی تدریجی نژادهای محلی با نژادهای تجاری

بین المللی با عملکرد بالا منجر به کاهش اندازه جمعیت نژادهای محلی، افزایش سطح همخونی و تجمع آلل‌های مضر می‌شود که ممکن است باعث انقراض نژاد و از بین رفتن دائمی منابع ژنتیکی مخصوص نژادهای محلی شود (Eydivandi *et al.* 2021a)

### نتیجه‌گیری

پیشنهاد می‌شود بازنویسی شود و نتایج بهتر بیان گردند این مطالعه ارزش داده‌های SNP در سطح ژنوم را در توصیف تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی گاو بومی خاورمیانه و گاوهای تجاری اروپایی نشان می‌دهد. یافته‌ها بینش‌های ارزشمندی را برای استراتژی‌های اصلاحی ارائه می‌کنند که تنوع ژنتیکی را اولویت‌بندی می‌کنند، به‌ویژه برای جمعیت‌های بومی و سازگار محلی. مطالعات آتی باید با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی نژادهای گاو بومی ایران برای حمایت از اصلاح نژاد آگاهانه و تلاش‌های حفاظتی انجام شود.

### منابع

- Ablondi M., Sabbioni A., Stocco G., Cipolat-Gotet C., Dadousis C., Kaam J.-T.v., Finocchiaro R. & Summer A. (2022)** Genetic diversity in the Italian Holstein dairy cattle based on pedigree and SNP data prior and after genomic selection. *Frontiers in Veterinary Science* 8: 773985.
- Bhuiyan M.S.A., Lee S.-H., Hossain S.M.J., Deb G.K., Afroz M.F., Lee S.-H. & Bhuiyan A.K.F.H. (2021)** Unraveling the genetic diversity and population structure of Bangladeshi indigenous cattle populations using 50K SNP markers. *Animals* 11: 2381.
- Bird C.E., Karl S.A., Smouse P.E. & Toonen R.J. (2011)** Detecting and measuring genetic differentiation. *Phylogeography and Population Genetics in Crustacea* 19: 31-55.
- Brito L., Bédère N., Douhard F., Oliveira H., Arnal M., Peñagaricano F., Schinckel A., Baes C.F. & Miglior F. (2021)** Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal* 15: 100292.
- Browning B.L. & Browning S.R. (2007)** Documentation for BEAGLE 2.1.
- Doekes H.P., Bijma P. & Windig J.J. (2021)** How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on the effects of inbreeding in livestock. *Genes* 12: 926.
- Elhaik E. (2022)** Principal Component Analyses (PCA)-based findings in population genetic studies are highly biased and must be reevaluated. *Scientific Reports* 12: 14683.
- Eydivandi S., Roudbar M.A., Ardestani S.S., Momen M. & Sahana G. (2021a)** A selection signatures study among Middle Eastern and European sheep breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 138: 574-88.
- Eydivandi S., Roudbar M.A., Karimi M.O. & Sahana G. (2021b)** Genomic scans for selective sweeps through haplotype homozygosity and allelic fixation in 14 indigenous sheep breeds from Middle East and South Asia. *Scientific Reports* 11: 2834.
- Eydivandi S., Sahana G., Momen M., Moradi M. & Schönherz A. (2020)** Genetic diversity in Iranian indigenous sheep vis-à-vis selected exogenous sheep breeds and wild mouflon. *Animal genetics* 51: 772-87.
- Gewers F.L., Ferreira G.R., Arruda H.F.D., Silva F.N., Comin C.H., Amancio D.R. & Costa L.d.F. (2021)** Principal component analysis: A natural approach to data exploration. *ACM Computing Surveys (CSUR)* 54: 1-34.
- Gomez-Raya L., Rodríguez C., Barragán C. & Silió L. (2015)** Genomic inbreeding coefficients based on the distribution of the length of runs of homozygosity in a closed line of Iberian pigs. *Genetics Selection Evolution* 47: 1-15.

- Groeneveld L., Lenstra J., Eding H., Toro M., Scherf B., Pilling D., Negrini R., Finlay E., Jianlin H. & Groeneveld E. (2010)** Genetic diversity in farm animals—a review. *Animal Genetics* 41: 6-31.
- Hedrick P.W. (2005)** A standardized genetic differentiation measure. *Evolution* 59: 1633-8.
- Hewett A.M., Stoffel M.A., Peters L., Johnston S.E. & Pemberton J.M. (2023)** Selection, recombination and population history effects on runs of homozygosity (ROH) in wild red deer (*Cervus elaphus*). *Heredity* 130: 242-50.
- Kirin M., McQuillan R., Franklin C.S., Campbell H., McKeigue P.M. & Wilson J.F. (2010)** Genomic runs of homozygosity record population history and consanguinity. *PloS one* 5: e13996.
- Leroy G., Baumung R., Boettcher P., Besbes B., From T. & Hoffmann I. (2018)** Animal genetic resources diversity and ecosystem services. *Global Food Security* 17: 84-91.
- Marshall K. (2014)** Optimizing the use of breed types in developing country livestock production systems: a neglected research area. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131: 329-40.
- Mastrangelo S., Ciani E., Sardina M., Sottile G., Pilla F., Portolano B. & Consortium B.O.I. (2018)** Runs of homozygosity reveal genome-wide autozygosity in Italian sheep breeds. *Animal Genetics* 49: 71-81.
- McQuillan R., Leutenegger A.-L., Abdel-Rahman R., Franklin C.S., Pericic M., Barac-Lauc L., Smolej-Narancic N., Janicijevic B., Polasek O. & Tenesa A. (2008)** Runs of homozygosity in European populations. *The American Journal of Human Genetics* 83: 359-72.
- Meadows J.R., Cemal I., Karaca O., Gootwine E. & Kijas J.W. (2007)** Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics* 175: 1371-9.
- Meyermans R., Gorssen W., Buys N. & Janssens S. (2020)** How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. *BMC genomics* 21: 1-14.
- Muluneh M.G. (2021)** Impact of climate change on biodiversity and food security: a global perspective—a review article. *Agriculture & Food Security* 10: 1-25.
- Nanaei H.A., Cai Y., Alshawi A., Wen J., Hussain T., Fu W.-W., Xu N.-Y., Essa A., Lenstra J.A. & Wang X. (2023)** Genomic analysis of indigenous goats in Southwest Asia reveals evidence of ancient adaptive introgression related to desert climate. *Zoological Research* 44: 20.
- Nicolazzi E.L., Picciolini M., Strozzi F., Schnabel R.D., Lawley C., Pirani A., Brew F. & Stella A. (2014)** SNPchiMp: a database to disentangle the SNPchip jungle in bovine livestock. *BMC genomics* 15: 1-6.
- Notter D.R. (1999)** The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science* 77: 61-9.
- Pedrosa S., Uzun M., Arranz J.-J., Gutiérrez-Gil B., San Primitivo F. & Bayón Y. (2005)** Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272: 2211-7.
- Peripolli E., Munari D., Silva M., Lima A., Irgang R. & Baldi F. (2017)** Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock. *Animal Genetics* 48: 255-71.
- 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. (2007)** PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American journal of human genetics* 81: 559-75.
- Santilli J. (2012)** *Agrobiodiversity and the Law: regulating genetic resources, food security and cultural diversity*. Routledge.
- Zhang Q., Guldbandsen B., Bosse M., Lund M.S. & Sahana G. (2015)** Runs of homozygosity and distribution of functional variants in the cattle genome. *BMC genomics* 16: 1-16.

---

**Zinovieva N., Dotsev A., Sermyagin A., Wimmers K., Reyer H., Sölkner J., Deniskova T. & Brem G. (2016)** Study of genetic diversity and population structure of five Russian cattle breeds using whole genome SNP analysis. *Agricultural biology* 51: 788-800.