دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

ردیابی ژن‌های عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی استان یزد با استفاده از روش‌های مختلف آماری

سعید زره‌داران[۱]، صادق علیجانی[۲] و مونا صالحی‌نسب[۳]

۱- دانشیار، دانشگاه فردوسی مشهد
۲- استادیار، دانشگاه تبریز
۳- دانشجوی دکتری، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، (نویسنده مسوول: salehinasab67@yahoo.com)
تاریخ دریافت: ۹۲/۱۲/۲۱ تاریخ پذیرش: ۹۳/۶/۱۱

چکیده

در تحقیق حاضر، مشاهدات مربوط به صفات عملکردی شامل وزن ۸ و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ به منظور ردیابی ژن‌های عمده‌ی مؤثر بر این صفات در جمعیت مرغ‌های بومی یزد، مورد تجزیه و تحلیل ژنتیکی قرار گرفته است. احتمال تفرق ژن‌های عمده در صفات مذکور با استفاده از آزمون‌های ساده آماری شامل آزمون‌های نرمالیته، بارتلت، لون و فین برای باقی‌مانده‌ها و آنالیز پیشرفته‌ی بیزی، بررسی شد. تفرق ژن‌های عمده برای صفات وزن بدن درسنین ۸ و ۱۲ هفتگی و نیز تعداد تخم‌مرغ تولیدی تأیید شد، بنابراین، مدل توارث مختلط شامل اثرات ژن عمده و اثرات پلی‌ژنی در مقایسه با مدل صرفا پلی‌ژنی برای این صفات، برازش بهتری خواهد داشت. در مورد صفات وزن ۸ هفتگی و وزن ۱۲ هفتگی، نسبت واریانس تبیین شده از طریق اثرات پلی‌ژنی بیشتر از نسبت واریانس ژنتیکی ژن‌گاه ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل بود. در مورد تعداد تخم‌مرغ تولیدی نسبت واریانس ژنتیکی ژن‌گاه ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل، بیشتر از نسبت واریانس تبیین شده توسط اثرات پلی‌ژنی بود. بنابراین، بیشتر واریانس مشاهده شده برای این صفت در جمعیت مرغ‌های بومی یزد، با تفرق ژن عمده تبیین می‌شود.با توجه به تأیید تفرق ژن عمده با آنالیز بیزی در صفات وزن ۸ و ۱۲ هفتگی و تعداد تخم‌مرغ در مرغ‌های بومی یزد، می‌توان استفاده از تکنیک‌های مولکولی را برای نقشه‌یابی ژن‌های عمده‌ی مربوطه در این صفات توصیه نمود.

واژه‌های کلیدی: آنالیز بیزی، تفرق ژن عمده، آزمون بارتلت، توارث مختلط، مرغ‌های بومی

مقدمه

مرغ‌های بومی علی‌رغم نرخ پایین رشد و تولید تخم‌مرغ، به دلیل مقاومت بالا نسبت به بیماری‌ها و حفظ سطح قابل قبول عملکرد در شرایط تغذیه‌ای ضعیف و دمای نامناسب محیطی، برای شرایط پرورش روستایی در مقایسه با سویه‌های تجاری، اولویت دارند (۸). با گذشت زمان و آگاهی بیشتر نسبت به اهمیت اقتصادی صفات مختلف، نیازهای جدیدی مطرح می‌شود که متخصصین اصلاح نژاد را بر آن می‌دارد که از ژن‌های موجود در نژادهای بومی استفاده نمایند (۱۱).

تاکنون روش‌های ژنتیک مولکولی به طور مؤثر در دست‌یابی به ژن‌هایی که اثر عمده روی صفات کمی دارند و نشانگرهای ژنتیکی که با جایگاه صفات کمی (QTL)[1] پیوسته‌اند، نتیجه داده است، برای مثال در پرندگان، QTLهای موثر بر وزن تخم‌مرغ، وزن بدن و مصرف خوراک شناسایی شده‌اند (۱۸). QTLهای متعددی نیز در ارتباط با صفات ظاهری، سلامتی، فیزیولوژی و تولیدی با استفاده از نشانگرها در جوجه‌ها شناسایی شده‌اند. هم‌چنین، تعدادی QTL در ارتباط با صفات تولید تخم‌مرغ نظیر نرخ تولید، سن بلوغ جنسی و تعداد تخم‌مرغ تولیدی و QTLهایی نیز در ارتباط با صفات کیفیت تخم‌مرغ مانند ضخامت پوسته، مقاومت پوسته و وزن زرده شناسایی شده‌اند (۱۳).

هرچند توسعه‌ی نقشه‌برداری ژنومی به وسیله‌ی نشانگرهای مولکولی موجب تسریع فرآیند اصلاح‌نژاد حیوانات شده است، اما نقشه‌برداری QTL فرآیندی پرهزینه و به لحاظ آزمایشگاهی زمان‌بر است و موفقیت در ردیابی ژن‌های عمده تا حدود زیادی به مواد و ساختار مورد استفاده بستگی دارد. اگر بتوان از یک روش بیومتریکی برای نمایش تفرق ژن‌های عمده در جمعیت‌ها استفاده نمود، به طور معنی‌داری هزینه‌ی نقشه‌یابی QTL کاهش و احتمال ردیابی ژن‌های عمده بالقوه با ارزش تجاری افزایش پیدا خواهد کرد. بسیاری از ژن‌های عمده‌ی کنترل‌کننده‌ی صفات در گیاهان و حیوانات ابتدا به وسیله‌ی الگوهای تفرق و روش‌های مختلف مورد ردیابی قرار گرفته‌اند (۱۹). ردیابی این ژن‌های عمده با روش‌های آماری که آزمون‌های مقدماتی محسوب شده و تأیید آن‌ها با نشانگرهای مولکولی، به استراتژی‌های جدیدی برای مدیریت جمعیت‌های اصلاحی منجر خواهد شد. این روش‌های ردیابی، حمایت‌کننده‌هایی با ارزش برای آنالیز پیوستگی به حساب می‌آیند. جمعیت‌هایی که در

1- Quantitative trait loci

آنها تفرق ژن عمده ردیابی نمی‌شود ممکن است جمعیت‌های خوبی برای آنالیزهای آتی مولکولی در برای نقشه‌یابی QTL نباشند (۱۹).

برای شناسایی ژن‌های عمده و تخمین اثرات آن‌ها روش‌های آماری مختلفی مانند آزمون‌های متعارف[1]، آزمون مختلط[2] و آنالیز تفرق[3] توسعه یافته‌اند. در میان این روش‌ها آنالیز تفرق که از تمام اطلاعات پیشین موجود در داده‌ها استفاده می‌کند، از قدرتمندترین روش‌ها برای ردیابی تفرق ژن عمده پیشنهاد شده است (۱۴،۹).

این تحقیق با هدف ردیابی ژن‌های عمده و میزان تأثیر آن‌ها با استفاده از آزمون‌های متعارف آماری و روش بیزی در برای ارزیابی صفات رشد و تولید تخم‌مرغ جمعیت مرغ‌های بومی استان یزد، انجام شده است.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق، مربوط به صفات عملکردی شامل وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ تولیدی در ۱۲ هفته‌ی اول تولید و میانگین وزن تخم‌مرغ بین ۲۸ تا ۳۲ هفتگی بود که در مرکز اصلاح‌نژاد مرغ‌های بومی استان یزد، طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۷جمع آوری شده بود.

روش تجزیه و تحلیل آماری صفات مورد مطالعه روش ردیابی ژن‌های عمده با استفاده از آزمون‌های ساده‌ی آماری آزمون نرمال بودن توزیع صفات

اگر ژن عمده‌ای تفرق یابد، یک انحراف قابل ردیابی از توزیع نرمال در داده‌ها به وجود خواهد آمد (۱۲،۵،۳). این موضوع، اساس آزمون نرمالیته برای ردیابی ژن‌های عمده است که در آن باقی‌مانده‌های داده‌ها، مورد آزمون قرار می‌گیرند. در صورتی‌که فراوانی ژن متوسط باشد، توزیع مسطح‌تر از حالت نرمال خواهد بود و در صورتی‌که فراوانی آن به صفر یا ۱ نزدیک باشد، توزیع دارای چولگی و نقطه‌ی اوج بالاتر از حالت نرمال خواهد بود (۵).

در تحقیق حاضر، پس از حذف داده‌های پرت، با استفاده از نرم‌افزار SAS (۱۵)، مشاهدات برای اثرات ثابت تصحیح شده و باقی‌مانده‌ها تحت آزمون نرمالیته قرار گرفتند. از آماره‌های Kolmogorov-Smirnov(K-S)، Cramer-von Mises (C-vM) و Anderson-Darling (A-D) برای این منظور استفاده شد.

آزمون‌های همگنی واریانس

یکی از اثرات تفرق ژن عمده برای یک صفت، عدم همگنی واریانس در داخل خانواده‌های تنی یا ناتنی استزیرا ژن عمده در بعضی از خانواده‌ها تفرق می‌یابد (۵). این استدلال، اساس آزمون‌های همگنی واریانس است. آزمون‌های همگنی واریانس در داخل خانواده‌ها با آزمون‌های بارتلت و لون و نرم‌افزار SAS (۱۵)، انجام شد. با توجه به سیستم آمیزش اعمال شده در مرکز اصلاح‌نژاد مرغ‌های بومی یزد، خانواده‌های ناتنی پدری مد نظر قرار گرفتند. دست کم تعداد ده قطعه نتاج برای خانواده‌های ناتنی پدری، در نظر گرفته شد.

آزمون فین

خانواده‌های با تفرق ژن عمده یعنی با حداقل یک والد با ژنوتیپ Aa (که در این‌جا A و a دو آلل یک لوکوس ژن عمده هستند)، دارای میانگین متوسط و واریانس بزرگی هستند. در مقایسه، خانواده‌هایی که هر دو والد در آن‌ها به صورت هموزیگوت هستند (ژنوتیپ‌های aa یا AA)، دارای میانگین بزرگ (در برای مثبت یا منفی) و واریانس کوچکی می‌باشند (۱۹).

فین (۴) آزمون رابطه‌ی خطی- انحنایی بین میانگین و واریانس خانواده را پیشنهاد کرد. معنی‌دار بودن ضریب درجه‌ی دوم در این رابطه نشانه‌ای از وجود ژن عمده است.

برای انجام این آزمون، پس از برقراری رابطه‌ی خطی- انحنایی زیر مابین میانگین (μ) و واریانس (V) خانواده‌ها در نرم‌افزار SAS، معنی‌داری ضرایب این رابطه مورد بررسی قرار گرفت (۱۵).

$$V=b_0+ b_1\mu+b_2\mu^2$$

در این رابطه V نشان‌دهنده‌ی واریانس داخل خانواده‌های ناتنی پدری و μ نشان‌دهنده‌ی میانگین این خانواده‌ها می‌باشد. b_0، b_1 و b_2 به ترتیب عرض از مبدأ، ضریب رگرسیون خطی و ضریب رگرسیون درجه‌ی دو می‌باشند.

روش آنالیز تفرق بیزی

برای انجام آنالیز تفرق بیزی یک مدل آماری توارث مختلط (۷) با اثرات غیرژنتیکی شامل اثرات ثابت جنس و نسل- نوبت جوجه‌کشی و اثرات ژنتیکی شامل اثرات پلی ژنی که اثر تصادفی و ژن‌گاه ژن عمده دو آللی که اثر ثابت محسوب می‌شوند، برای داده‌ها به شکل زیر برازش شد.

$$y= Xb+ Za+ ZWm+ e$$

در این مدل، y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت (شامل اثر جنس و اثر نسل- نوبت جوجه‌کشی)، a بردار اثرات تصادفی پلی‌ژنی، m بردار اثرات ژنوتیپی افزایشی (a) و غالبیت (d) ناشناخته برای سه ژنوتیپ در ژن‌گاه ژن عمده، $m'=(a, d, -a)$ و e بردار اثرات تصادفی باقی‌مانده است. ماتریس‌های X و Z حاوی ضرایبی هستند که مشاهدات را به اثرات ثابت و تصادفی ارتباط می‌دهند. ماتریس W، ماتریسی است که تعیین‌کننده‌ی ژنوتیپ برای حیوانات بوده و تمامی عناصر آن صفر و یک می‌باشند، به‌طوری که در هر ردیف این ماتریس

1- Simple Tests 2- Mixture Test 3- Segregation Analysis

تنها یک مقدار برابر با یک وجود دارد و مابقی صفر هستند. عدد یک، نشان‌دهنده‌ی ژنوتیپ فرضی حیوان مربوطه است، بنابراین، بردار Wm برداری است که در برگیرنده‌ی اثرات ژن‌گاه ژن عمده است.

برای ژن‌گاه ژن عمده تأثیرگذار بر صفت کمی مورد نظر، دو آلل به صورت A_1 و A_2 با فراوانی‌های آللی p و q یا (p- ۱) در نظر گرفته شد و علاوه بر این، فرض شد که جمعیت پایه‌ای که حیوانات از آن‌ها تولید شده‌اند، برای ژن‌گاه ژن عمده در حالت تعادل هاردی- واینبرگ می‌باشد. بنابراین، ژنوتیپ‌ها در ژن‌گاه ژن عمده به صورت A_1A_1، A_1A_2 و A_2A_2 در برگیرنده‌ی ارزش‌های ژنتیکی به صورت a، d و a- بوده و فراوانی‌های مربوطه نیز برای جمعیت پایه در حالت تعادل هاردی- واینبرگ برابر با p^2، $2pq$ و q^2 خواهند بود.

با مفروضات ذکر شده در آنالیز تفرق بیزی، پس از اجرای ۵۰۰۰۰۰ سیکل نمونه‌گیری با نرم‌افزار iBay (۱۰)، ۵۰۰۰۰ سیکل اولیه بر اساس اطلاعات ورودی که دوره‌ی قلق‌گیری است، کنار گذاشته شد. فاصله‌ی بین نمونه‌ای ۱۰۰ در نظر گرفته شد و استنباط نتایج بر اساس ۴۵۰۰ دور ذخیره شده، صورت گرفت.

نتایج و بحث

نتایج ردیابی ژن‌های عمده با آزمون‌های ساده

نتایج آزمون‌های ساده برای ردیابی ژن عمده در جداول ۱، ۲ و ۳ارایه شده‌اند. همان‌طور که در جدول ۱ مشاهده می‌شود، آماره‌های آزمون نرمالیته برای همه‌ی صفات مورد بررسی معنی‌دار بودند که این می‌تواند علامت اولیه‌ی تفرق ژن عمده در این صفات در نظر گرفته شود.

جدول ۱- آماره‌های آزمون نرمال بودن توزیع برای باقیمانده‌های صفات

صفت	آماره‌ی K-S	آماره‌ی C-vM	آماره‌ی A-D
وزن ۸ هفتگی	۰/۰۱۰*	۰/۵۳**	۳/۵۱**
وزن ۱۲ هفتگی	۰/۰۱۰*	۰/۵۸**	۳/۹۸**
سن بلوغ جنسی	۰/۱۰۴*	۲۸/۰۷**	۱۳۳/۱۴**
تعداد تخم‌مرغ	۰/۰۳۱*	۱/۷۴**	۱۰/۳۱**
وزن تخم‌مرغ	۰/۰۷*	۸/۴۳**	۴۶/۲۶**

K-S: Kolmogorov-Smirnov
C-vM: Cramer-von Mises
A-D: Anderson-Darling
**: معنی‌دار در سطح ۰/۰۱، *: معنی‌دار در سطح ۰/۰۵.

همان‌طور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود، آزمون بارتلت برای همگنی واریانس در داخل خانواده‌های ناتنی پدری، نشان داد که واریانس در داخل این خانواده‌ها همگن نبوده و آماره‌های χ^2 معنی‌دار بودند. نتایج آزمون لون برای همگنی واریانس در داخل خانواده‌ها نیز، تفرق ژن عمده را برای همه‌ی صفاتبه غیر از صفت سن بلوغ جنسی تأیید کرد. در صورت عدم وجود ژن عمده انتظار می‌رود واریانس داخل خانواده‌های ناتنی پدری همگن باشد. اما در حالت تفرق ژن‌های عمده، بسته به ژنوتیپ والدین، واریانس‌ها داخل خانواده‌ها ناهمگن خواهند بود. خانواده‌هایی که هر دو والد برای ژن‌گاه ژن عمده هموزیگوت باشند، واریانس فنوتیپی برای صفات مورد نظر درنتاج آن‌ها کمتر از واریانس فنوتیپی نتاج خانواده‌هایی خواهند بود که یک یا هر دو والد برای ژن‌گاه ژن عمده هتروزیگوت باشند.

جدول ۲- نتایج آزمون‌های همگنی واریانس برای صفات

صفت	آزمون بارتلت	آزمون لون
وزن ۸ هفتگی	۴۱۲/۵***	۱/۱۵*
وزن ۱۲ هفتگی	۵۷۷/۶***	۱/۸۳***
سن بلوغ جنسی	۱۷۱۸/۵*	۹/۵۲ns
تعداد تخم‌مرغ	۶۶۱/۶***	۲/۴۷***
وزن تخم‌مرغ	۲۳۳۹/۹***	۵/۳۷***

***: معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، *: معنی‌دار در سطح ۰/۰۵
ns: غیرمعنی‌دار

همان‌طور که در جدول ۳ مشاهده می‌شود، ضریب رگرسیون درجه ۲ برای همه‌ی صفات به غیر از تعداد تخم‌مرغ معنی‌دار بود. بنابراین، وجود ژن عمده برای این صفات با آزمون فین تأیید شد. در رابطه‌ی با صفت تعداد تخم‌مرغ تولیدی، آماره‌ی آزمون تنها برای ضریب رگرسیون خطی در سطح ۱٪ معنی‌دار بود که این برای

تأیید وجود ژن عمده با آزمون فین کافی نیست. انتخاب خانواده‌های با میانگین متوسط و واریانس بزرگ (خانوادهای دارای والدین هتروزیگوت) در مورد صفاتی که وجود ژن عمده در آن‌ها به‌وسیله آزمون فین تأیید شده‌است، توان آزمون آماری در مطالعات مولکولی را بالا می‌برد. زیرا هتروزیگوت بودن حیوانات برای ژن‌گاه ژن عمده یکی از عواملی موثر بر توان آزمون‌های ردیابی QTL با استفاده از نشانگرهای مولکولی است. بنابراین، می‌توان از نتایج آزمون فین در این رابطه استفاده نمود (۶،۵).

جدول ۳- آزمون معنی‌داری ضرایب رگرسیون آزمون فین برای صفات مورد بررسی

صفت	خطی	درجه ۲
وزن ۸ هفتگی	-۰/۱۱^{ns}	۱/۸۳*
وزن ۱۲ هفتگی	۰/۳۵^{ns}	۱/۹۷*
سن بلوغ جنسی	۲/۵۵*	۶/۸۸***
تعداد تخم‌مرغ	۲/۷۷**	۱/۰۸^{ns}
وزن تخم‌مرغ	۲/۶۶**	۵/۴۴***

***: معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، **: معنی‌دار در سطح ۰/۰۱، *: معنی‌دار در سطح ۰/۰۵، ns: غیرمعنی‌دار.

به طور کلی، نتایج آزمون‌های ساده تا حدود زیادی تفرق ژن عمده را برای صفات مورد بررسی، به ویژه برای صفات وزن ۸ و ۱۲ هفتگی تایید نمود. از آن‌جایی که شواهدی هم‌چون انحراف از نرمالیته و یا ناهمگنی واریانس در آزمون‌های ساده می‌تواند ناشی از عواملی غیر از تفرق ژن عمده باشد، تأیید نهایی حضور ژن عمده و تعیین میزان اثر آن به آنالیز تفرق پیچیده نیاز دارد.

نتایج ردیابی ژن عمده با آنالیز تفرق پیچیده در صفات

در آنالیز تفرق بیزی، پس از اجرای ۵۰۰۰۰۰ سیکل نمونه‌گیری با نرم‌افزار iBay، ۵۰۰۰۰ سیکل اولیه بر اساس اطلاعات ورودی به صورت دوره‌ی قلق‌گیری کنار گذاشته شد و استنباط نتایج بر اساس ۴۵۰۰ دور ذخیره شده، صورت گرفت. نتایج مستقیم نرم‌افزار iBay، شامل مقادیر میانگین، انحراف معیار، حداقل، حداکثر، نما و نواحی بالاترین چگالی پسین[1] (HPDR) ۹۵٪ برای پارامترهای واریانس خطا، واریانس پلی‌ژنی، واریانس ژنوتیپی ژن عمده، اثر افزایشی و غالبیت ژن عمده، احتمال انتقال آلل غالب از سه ژنوتیپ فرضی و نیز فراوانی آلل غالب ژن عمده‌ی بود. نتایج غیرمستقیم شامل واریانس‌های افزایشی و غالبیت ژن عمده، وراثت‌پذیری پلی‌ژنی، اثر ژن عمده (وراثت‌پذیری عام ژن‌گاه ژن عمده)، وراثت‌پذیری خاص ژن‌گاه ژن عمده و وراثت‌پذیری افزایشی کل نیز با استفاده از خروجی‌های مستقیم نرم‌افزار iBay محاسبه و استنباط در مورد آن‌ها شامل تعیین میانگین، میانه و انحراف معیار مونته کارلو در توزیع پسین و نیز تعیین HPDR ۹۵٪، با نرم‌افزار PostGibbs صورت گرفت. نواحی بالاترین چگالی پسین برای واریانس پلی‌ژنی و واریانس ژن عمده در صفات عملکردی در جدول ۴ ارایه شده‌است.

جدول ۴- سطح نواحی راست و چپ بالاترین چگالی پسین ۹۵٪ برای واریانس پلی‌ژنی و ژن عمده‌ی صفات مورد بررسی

	واریانس پلی‌ژنی		واریانس ژن عمده	
صفت	HPD Right	HPD Left	HPD Right	HPD Left
وزن ۸ هفتگی	۱۳۰۸/۹	۹۸۱/۳	۱۰۹۶/۰۲	۲۷۰/۸
وزن ۱۲ هفتگی	۳۵۳۱/۲	۳۷۳۴۹/۵	۳۴۷۵/۴	۷۱۴۸۷/۵
سن بلوغ جنسی	۲۰/۱۴	۵/۷۳	۱۷۶/۸۷	۰/۰۰
تعداد تخم‌مرغ	۴/۹۹	۰/۸۶	۱۸۴/۸	۳۲/۲۳
وزن تخم‌مرغ	۰/۶۹	۰/۰۴	۲/۶۷	۰/۰۰

همان‌طور که در این جدول مشاهده می‌شود برای صفات وزن ۸ و ۱۲ هفتگی و نیز تعداد تخم‌مرغ تولیدی، تفرق ژن عمده ردیابی شد. HPDR ۹۵٪ در صفات مذکور هم در مورد واریانس پلی‌ژنی و هم در مورد واریانس ژن عمده مقدار صفر را دربرنگرفت و بنابراین، فرض وجود ژن عمده و مدل توارث مختلط برای این صفات پذیرفته شد به طوری که این نتیجه با نتایج آزمون‌های ساده در مورد این صفات مطابقت دارد. این در حالی است که در تحقیق سدلوزکی و سازوسکی (۱۷) با استفاده از آنالیز تفرق بیزی در سویه‌های لگهورن و نیوهمشایر، صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی مدل توارث مختلط اما صفات تولید و میانگین وزن تخم‌مرغ مدل توارث پلی‌ژنی را نشان داده شده است. سازوسکی (۱۶) نیز با استفاده از آنالیز تفرق بیزی در صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن و تعداد تخم‌مرغ تولیدی، ژن‌های عمده‌ای را در لاین تخم‌گذار

1- Highest Posterior Density Regions

رد آیلندرد ردیابی کرده است. هم‌چنین علیجانی و همکاران (۱) در مرغ‌های بومی آذربایجان، برای صفت میانگین وزن تخم‌مرغ مدل وراثت مختلط و برای صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی و تولید تخم‌مرغ مدل توارث پلی‌ژنی را پیشنهاد کردند، در مرغ‌های بومی مازندران، مدل توارث مختلط برای هر چهار صفت ذکر شده با استفاده از آنالیز تفرق بیزی تأیید شد.

خصوصیات توزیع‌های پسین برای برخی پارامترهای مدل توارث مختلط صفات عملکردی، در جداول ۵، ۶ و ۷ ارایه شده‌اند. میانگین و نمای پسین برای اثر افزایشی و اثر غالبیت ژن‌گاه ژن عمده در صفات، در جدول ۵ نشان داده شده‌است.

جدول ۵- میانگین و نمای پسین برایاثر افزایشی (a) و اثر غالبیت (d) ژن‌گاه ژن عمده در صفات

	a		d	
صفات	میانگین	نما	میانگین	نما
وزن ۸ هفتگی	۲۲/۰۰	۲۱/۴۱	۴۳/۴۲	۴۳/۵۱
وزن ۱۲ هفتگی	۲۶۶/۶۵	۳/۴۰	۵۸/۷۶	۷۴/۸۱
تعداد تخم‌مرغ	۸/۶۶	۸/۵۲	-۲۲/۹۷	-۲۳/۲۰

واریانس افزایشی و غالبیت ژن عمده که با استفاده از مقادیر میانگین پسین کمیت‌های اثرات افزایشی و غالبیت ژن‌گاه ژن عمده و فراوانی آلل غالب (p) و آلل مغلوب (1-p) برای این ژن به دست آمدند و واریانس ژنوتیپی کل ژن عمده که با جمع دو واریانس مذکور محاسبه شد، در جدول ۶ ارایه شده‌اند.

جدول ۶- واریانس افزایشی (v_a)، واریانس غالبیت (v_d) و واریانس ژنوتیپی کل (v_T) برای ژن عمده‌ی ردیابی شده در صفات

صفات	v_a	v_d	v_T
وزن ۸ هفتگی	۲۱۴/۱۴	۹/۷۲	۲۲۳/۸۷
وزن ۱۲ هفتگی	۲۶۳/۸۷	۲/۷۷	۲۶۶/۶۵
تعداد تخم‌مرغ	۹/۹۸	۴۵/۲۸	۵۵/۲۷

واریانس ژنوتیپی کل ژن عمده‌ی محاسبه شده با استفاده از روابط، برای همه‌ی صفات دقیقاً برابر با مقداری بوده است که با استفاده از سیکل‌های نمونه‌گیری در نرم‌افزار به دست آمد. میانگین پسین برای پارامترهای وراثت‌پذیری پلی‌ژنی، اثر ژن عمده یا نسبت واریانس کل ژن عمده به واریانس فنوتیپی (وراثت‌پذیری عام ژن عمده)، نسبت واریانس افزایشی ژن عمده به واریانس فنوتیپی (وراثت‌پذیری خاص ژن عمده) و وراثت‌پذیری افزایشی کل برای صفات عملکردی در جدول ۷ ارایه شده‌اند.

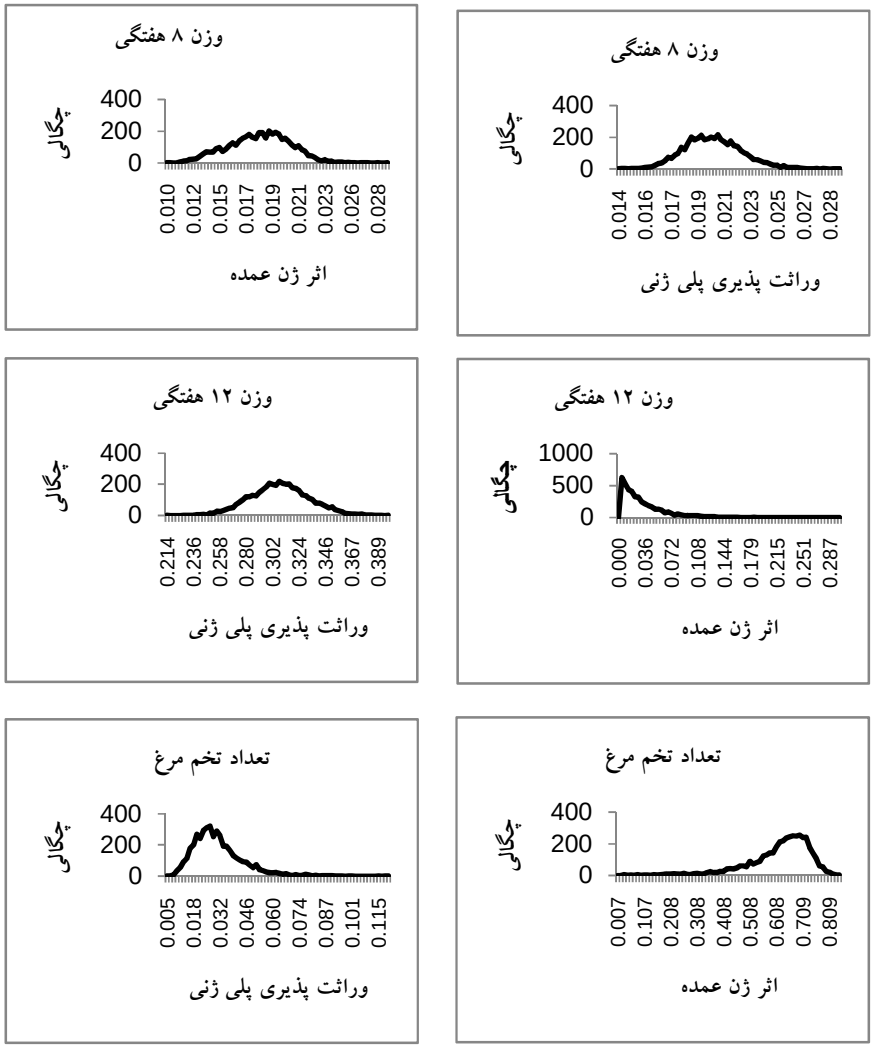
جدول ۷- وراثت‌پذیری پلی‌ژنی (h^2_p)، اثر ژن عمده (R_m)، نسبت واریانس افزایشی ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل (h^2_m) و وراثت‌پذیری افزایشی کل (h^2_T) برای صفات

صفات	h^2_p	R_m	h^2_m	h^2_T
وزن ۸ هفتگی	۰/۲۳۰	۰/۰۵۵	۰/۰۵۲	۰/۲۸
وزن ۱۲ هفتگی	۰/۳۰۶	۰/۰۳۱	۰/۰۳۰	۰/۳۳
تعداد تخم‌مرغ	۰/۰۳۰	۰/۶۰۷	۰/۱۳۸	۰/۱۶۸

همان‌طور که در جدول ۷ مشاهده می‌شود، در مورد صفات وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی، نسبت واریانس تبیین شده از طریق اثرات پلی‌ژنی بیشتر از نسبت واریانس ژنتیکی ژن‌گاه ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل بود اما در مورد صفت تعداد تخم‌مرغ تولیدی نسبت واریانس ژنتیکی ژن‌گاه ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل، بیشتر از نسبت واریانس تبیین شده از راه اثرات پلی‌ژنی بود. بنابراین، بیشتر واریانس مشاهده شده برای این صفت در جمعیت مرغ‌های بومی یزد، توسط تفرق ژن عمده تبیین می‌شود. با مشاهده‌ی نسبت کل واریانس ژنتیکی ژن عمده به واریانس فنوتیپی کل (اثر ژن عمده) و نسبت واریانس افزایشی این ژن‌گاه به واریانس فنوتیپی کل در صفات وزن ۸ هفتگی و وزن ۱۲ هفتگی چنین استنباط می‌شود که واریانس افزایشی ژن‌گاه ژن عمده، بخش اصلی واریانس این صفات است. در مورد تعداد تخم‌مرغ، بخش اصلی واریانس ژن عمده، واریانس غالبیت بود. این در حالی‌است که سدلوزکی و سازوسکی (۱۷) اثر غلبه‌ی بزرگی در ژن عمده‌ی مؤثر بر صفت سن بلوغ جنسی در دو سویه‌ی لگهورن و نیوهمشایر ردیابی نمودند.

همان‌طور که در جدول ۷ مشاهده می‌شود، واریانس بخش پلی‌ژنی در مقایسه با واریانس افزایشی ژن عمدهدر مورد صفات وزن ۸ هفتگی و وزن ۱۲ هفتگی، تعیین‌کننده‌تر است. علیجانی و همکاران (۱) نیز در

مورد وزن هشت هفتگی مرغ‌های بومی مازندران به نتیجه‌ی مشابهی دست یافتند. شکل ۱ توزیع‌های حاشیه‌ای پسین برای وراثت‌پذیری پلی‌ژنی و اثر ژن عمده ر انشان می‌دهد.



شکل ۱- توزیع‌های حاشیه‌ای پسین برای وراثت‌پذیری پلی‌ژنی و اثر ژن عمده‌ی ردیابی شده در صفات وزن هشت هفتگی، وزن ۱۲ هفتگی و تعداد تخم‌مرغ تولیدی.

نتایج ردیابی ژن‌های عمده به تاریخچه‌ی اصلاح‌نژاد و حالات تفرق ژن‌های عمده در جمعیت‌های مورد بررسی، بستگی دارد (۱۴). ردیابی ژن‌های عمده می‌تواند از طریق تأثیری که بر دقت ارزیابی حیوانات می‌گذارد، اثر قابل توجهی بر پیشرفت ژنتیکی صفات عملکردی داشته باشد (۲).

از آن‌جایی‌که ردیابی ژن به روش بیزی، وجود ژن عمده را برای صفات وزن هشت هفتگی، وزن ۱۲ هفتگی و تعداد تخم‌مرغ تولیدی در مرغ‌های بومی یزد تأیید نمود، به نظر می‌رسد مدل توارث مختلط در مقایسه با مدل صرفاً پلی‌ژنی، برای داده‌های صفات مذکور در این جمعیت، برازش بهتری خواهد داشت و توجه به میزان اثر ژن‌های ردیابی شده، بازدهی برنامه‌های انتخاب و طرح‌های آمیزشی را در این جمعیت افزایش خواهد داد. با شناسایی ژن‌های کاندید بالقوه‌ای که ژن‌های عمده‌ی ردیابی شده را حمل می‌کنند، ترکیب آنالیز تفرق و آنالیز پیوستگی می‌تواند با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی برای صفاتی که ژن‌های عمده در آن‌ها ردیابی شده است، انجام گیرد.

منابع

1. Alijani, S., H. Yegane Mehrabani, A. Nejati Javaremi, G. Rahimi and L.L.G. Janss. 2010. Bayesian segregation analysis to detect major genes influencing four economically important traits in two Iranian native pedigreed chickens. The 10th Iranian Statistical Conference. University of Tabriz.
2. Argente, M.J., A. Blasco, J.A. Ortega, C.S. Haley and P.M. Visscher. 2003. Analysis for the presence of major gene affecting uterine capacity in unilaterally ovariectomized rabbits. Genetics, 163: 1061-1068.
3. Cemal, I. 1996. Major genes in farm animals: their identification, transfer and industrial utilization. M.Sc. Thesis (in Turkish).YuzuncuYil University. Van. Turkey. 79 pp.
4. Fain, P.R. 1978. Characteristics of simple sib-ship variance tests for the detection of major loci and application to height, weight and spatial performance. Annals of Human Genetics, 42: 109-120.
5. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics.4th Edition. London, Longman. 465 pp.
6. Hill, W.G. and S. Knott. 1990. Identification of gene with large effects. In: Advances In statistical methods for genetic improvement of livestock. Springer-verlag. Berlin, 517-538.
7. Hofer, A. and B.W. Kennedy. 1993. Genetic evaluation for a quantitative trait controlled by polygenes and a major locus with genotypes not or only partly known. Genetic Selection Evolution, 25: 537-555.
8. Horst, P. 1989. Native fowls as reservoir for genomes and major genes with direct and indirect effect on the adaptability and their potential for tropically oriented breeding plans. Archiv fur Geflugelkunde, 53: 93-101.
9. Ilahi, H. and H.N. Kadarmideen. 2004. Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs sampling. Genetic Selection Evolution, 36: 563-576.
10. Janss, L.L.G. 2007. iBay manual version 1.33. http://www.lucjanss.com/ Docs/iBayManual133.pdf.
11. Kianimanesh, H.R., A. NejatiJavaremi and M. Kamali. 2002. Estimation of genetic and environmental parameters of Fars Native Fowl. Journal ofPajooheshvaSazandegi, 5: 6-9 (In Persian).
12. Le Roy, P. and J.M. Elsen. 1992. Simple test statistics for major gene detection: a numerical comparison. Theoretical and Applied Genetics, 83: 635-644.
13. Liu, W., D. Li, J. Liu, S. Chen, L. Qu, J. Zheng, G. Xu and N. Yang. 2011. A genome-wide SNP scan revealsnovelloci for egg production and quality traits in White Leghorn and brown-eggdwarflayers, PLoS One, 6: e28600.
14. Ochiai, A., T. Ishida, K. Oyama and F. Mukai. 2005. Trial for detecting carriers with major genes in a selected layer line. Animal Science Journal, 76: 195-201.
15. SAS Institute. 2001. SAS/STAT User's Guide: Statistics. Release 8.2. SAS InstituteInc., Cary, NC.
16. Szwaczkowski, T. 1993. Identification of major animal genes in field collected data by use of statistical methods. A review. Journal of Animal and Feed Sciences, 2: 91-103.
17. Szydlowski, M. and T. Szwaczkowski. 2001. Bayesian segregation analysis of production traits in two strains of laying chickens. Poultry Science, 80: 125-131.
18. Tuiskula-Haavisto, M. 2004. Quantitative trait loci for eggquality and production in layinghens. Agri food Research Reports, 60 pp.
19. Zeng, W. 2000. Statistical methods for detecting major genes of quantitative traits using phenotypic data of diallel mating. Ph.D. Thesis, North Carolina State University Raleigh, USA. 145 pp.

Detecting Major Genes for Some Economic Traits in Native Fowl of Yazd Province using Different Statistical Methods

Saeed Zerehdaran[1], Sadegh Alijani[2] and Mona Salehinasab[3]

1- Associate professor, Ferdowsi University of Mashhad
2- Asistant professor, Tabriz University
3- Ph.D. Student, Sari agricultural sciences and natural resourses university
(Corresponding author: salehinasab67@yahoo.com)
Received: March 12, 2014 Accepted: September 2, 2014

Abstract

At the present study, the observations of performance traits including body weight at 8 and 12 weeks of age, age at sexual maturity, egg weight and egg number were analyzed to detect major genes in Yazd native fowl. The probability of segregation for major genes was studied using simple tests including tests of normality, Bartlett, Levene and Fain for residuals and Bayesian analysis. Segregation of major genes was only confirmed for body weight at 8 and 12 weeks of age and egg number. Therefore, based on these results, mixed inheritance model including major gene and polygenic effects is better compared to absolute polygenic model for these traits. Although for body weight at 8 and 12 weeks of age, polygenic effects variance was more than major gene variance, the reverse was true for egg number. Therefore, the main observed variance for this trait is created by major genes effect. Confirmation of major genes segregation for body weight and egg number in Yazd native fowl demonstrates that molecular techniques can be suggested to map the related major genes.

Keywords: Bayesian analysis, Bartlett test, Major gene segregation, Mixed inheritance, Native fowl