دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

شناسایی ژن‌های عمده صفات وزن یک‌روزگی و شش‌هفتگی در یک لاین تجاری گوشتی با استفاده از روش تفرق بیزی

فاطمه سربازشندی[1]، عباس پاکدل[2]، حسن مهربانی یگانه[3] و صادق علیجانی[4]

۱ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استادیار، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
۲- دانشیار، گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، (نویسنده مسوول: pakdel@cc.iut.ac.ir)
۴- دانشیار، دانشگاه تبریز

تاریخ دریافت: ۹۳/۶/۱۶ تاریخ پذیرش: ۹۳/۱۲/۲۷

چکیده

در پژوهش حاضر به منظور ردیابی ژن‌های عمده در یک لاین تجاری گوشتی از روش بیزی به عنوان قوی‌ترین روش آماری در ردیابی ژن‌های عمده استفاده شد. داده‌های مربوط به ۳۵ نسل صفت وزن شش هفتگی و ۱٤ نسل صفت وزن یک‌روزگی این لاین تجاری گوشتی بعد از ویرایش اولیه با استفاده از نرم‌افزار iBay مورد آنالیز قرار گرفتند. نتایج مطالعه حاضر تفرق ژن عمده برای هر دو صفت اقتصادی مورد بررسی را تأیید نمود. در مورد صفت وزن یک‌روزگی اثرات بخش پلی‌ژنی در مقایسه با اثر جایگاه ژن عمده تعیین‌کننده‌تر بود که این امر با توجه به تأثیرپذیری بیش‌تر صفت وزن یک‌روزگی از اثرات ژنتیکی مادری قابل توجیه می‌باشد. در مورد صفت وزن شش‌هفتگی اثر ژن عمده در مقایسه با اثرات بخش پلی‌ژنی تعیین‌کننده‌تر بود که می‌تواند ناشی از تأثیرپذیری بیش‌تر این صفت از اثرات ژنتیکی مستقیم باشد. تأیید تفرق ژن عمده برای دو صفت وزن یک‌روزگی و وزن شش‌هفتگی با توجه به نتایج آنالیز تفرق بیزی، اطمینان خاطری در ردیابی ژن‌های عمده با استفاده از روش‌های آزمایشگاهی خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: آنالیز تفرق بیزی، ژن عمده، لاین تجاری گوشتی

مقدمه

تئوری اصلاح دام کلاسیک، بر مبنای فرضیه مؤثر بودن تعداد زیادی ژن کوچک‌اثر در بروز فنوتیپ یک صفت کمّی همواره در اصلاح دام و گیاه سنتی موفق بوده است، لیکن ژن‌های بزرگ‌اثر نیز در حیوانات اهلی یافت شده است که این قبیل جایگاه‌ها به جایگاه‌های عمده یا جایگاه‌های صفات کمی[1] معروف هستند (۴). در واقع یک QTL ناحیه‌ای از ژنوم است که عامل تنوع در صفت کمی مورد نظر است (۵). داشتن اطلاعات در مورد ژن‌های عمده می‌تواند باعث بهبود برنامه‌های اصلاحی و افزایش قدرت فهم بیولوژی صفات شود (۱۲). با استفاده از روش های مولکولی (نشان‌گرهای مولکولی) می‌توان به طور دقیق جایگاه ژن‌های عمده را مشخص کرد، اما با توجه به هزینه و زمان مورد نیاز برای انجام این روش‌ها می‌توان ابتدا از روش‌های آماری مانند توزیع کل فنوتیپ‌ها، حداکثر درست‌نمایی، آنالیز تفرق پیچیده و روش مدل مختلط برای شناسایی و تخمین فراوانی و اثرات ژن‌های عمده استفاده کرد. از بین روش‌های بیان شده آنالیز تفرق به عنوان قوی‌ترین روش شناسایی ژن‌های عمده معرفی شده است، چرا که همه‌ی اطلاعات مربوط به داده‌ها در این آنالیز مورد استفاده قرار می‌گیرند (۱۸،۱۴،۱۹). این روش دقیق‌ترین روش کشف ژن عمده بدون استفاده از اطلاعات نشان‌گری می‌باشد که اولین بار از سوی الستون و استیوارت (۶) پیشنهاد شد. اساس این روش احتمالات انتقال می‌باشد و بعدها این روش توسط مورتون و مکلین (۱۳) با یک مدل مختلط که شامل اثرات جایگاه عمده، جزء پلی‌ژنیک، محیط مشترک و تصادفی بود، توسعه داده شد. اصولا در هر دو روش فوق، درست‌نمایی[2] داده‌ها برای یک مدل ژنتیکی معین، در مقایسه با مدل‌های دیگر حداکثر می‌شود (۹). نظر به این‌که روش بیزین نیازمند محاسبات پیچیده (انتگرال) و زمان زیاد برای این محاسبات عددی بود در گذشته استفاده از آن امکان‌پذیر نبود، لیکن توسعه‌ی تکنیک‌های MCMC (مثل نمونه‌گیری گیبس و ...) راه حلی را برای مشکلاتی که قبلاً به واسطه‌ی ناممکن بودن محاسبه‌ی این انتگرال‌ها وجود داشت ارائه کرد (۳). در مطالعه‌ای که از سوی سزی لوسکی و همکاران (۱۷) جهت بررسی تفرق ژن‌های مؤثر بر صفات تولیدی دو سویه‌ی مرغ تخم‌گذار شامل لگهورن و نیوهمشایر با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی انجام شد، تخمین میانگین‌های پسین حاشیه‌ای مؤلفه‌های واریانس[3] و پارامترهای یک جایگاه بدنی[4] با استفاده از نمونه‌گیری گیبس انجام شد که نتایج این مطالعه توارث ژن عمده‌ی مختلط و پلی‌ژنیک را برای صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی در هر دو سویه را نشان داد. در مطالعه‌ی این پژوهش‌گران ژن‌های عمده‌ی مؤثر بر صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی توصیف‌کننده‌ی یک سوم از واریانس ژنتیکی بودند. میزان وراثت‌پذیری پلی‌ژنیک برای صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی برای سویه‌ی لگهورن ۰/۳۲ و ۰/۲۵ و برای سویه‌ی نیوهمشایر ۰/۲۵ و ۰/۲۴ تخمین زده شد. در مطالعه‌ای که از سوی علیجانی و همکاران (۲) به منظور ردیابی ژن‌های عمده در روی صفات سن بلوغ جنسی و وزن بدن در آخر هفته هشتم و آخر هفته دوازدهم به ترتیب در جمعیت‌های مازندران و آذربایجان غربی، متوسط وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ تولیدی با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی انجام شد تفرق ژن عمده برای هر چهار صفت اقتصادی جمعیت مازندران تأیید شد. در مطالعه این

1- Quantitative Trait Loci (QTL) 2- Likelihood 3- Marginal Posterior Mean 4- Autosomal

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]

پژوهش‌گران در مورد جمعیت آذربایجان غربی تنها برای صفت متوسط وزن تخم مرغ تفرق ژن عمده تأیید شد، در مورد صفت وزن بدن در جمعیت مازندران اثرات بخش پلی‌ژنی در مقایسه با اثر ژنگاه ژن عمده تعیین‌کننده‌تر بود. تاکنون لاین تجاری مورد بررسی در این مطالعه از نظر تفرق ژن عمده با استفاده از روش بیزی مورد بررسی و مطالعه واقع نشده است. لذا هدف از مطالعه‌ی حاضر بررسی تفرق ژن عمده برای صفات وزن بدن در سنین یک‌روزگی و شش‌هفتگی لاین تجاری گوشتی مورد بررسی با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی بود.

مواد و روش‌ها

ساختار داده‌ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به صفات وزن یک‌روزگی و وزن شش‌هفتگی خطوط پدری A و B یک لاین تجاری گوشتی استفاده شد. در انتخاب پرندگان این لاین برای ایجاد خطوط پدری، تأکید بیش‌تر بر صفات وزن بدن، ضریب تبدیل غذا، وزن و عرض سینه در سن شش‌هفتگی و در خطوط مادری تأکید بیش‌تر بر تعداد جوجه‌های حاصل از هر پرنده در طی ۱۲ هفته اول تولید (هفته‌های ۲۸ تا ۳۹)، سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم‌مرغ در سنین ۳۱ و ۳۲ هفتگی است. در فایل داده‌ها ۱۲۵۳۲۳ پرنده وجود داشت که تمام حیوانات برای صفت وزن شش‌هفتگی در طی ۳۵ نسل دارای رکورد بودند این در حالی است که برای صفت وزن یک‌روزگی تعداد فقط ۷۴۵۰ پرنده در طی ۱۴ نسل (از نسل ۲۲ تا ۳۵) دارای رکورد بودند. لازم به ذکر است با توجه به حساسیت روش‌های ردیابی ژن عمده به توزیع داده‌ها، ابتدا داده‌های دورافتاده با روش باکس-پلات[1] حذف شدند. بدین ترتیب کم‌تر از یک درصد داده‌ها با این روش حذف شدند. سپس از نرم‌افزارهای Excel، Visual FoxPro (نسخه ۹) و SAS (نسخه ۹) برای ویرایش، آماده‌سازی و تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها استفاده شد.

مدل آماری و آنالیز تفرق بیزین

ردیابی ژن عمده با روش تفرق بیزی با استفاده از تکنیک نمونه‌گیری گیبس به‌وسیله‌ی بسته‌ی نرم‌افزاری iBay (۱۰) انجام شد. تعداد کل دورهای نمونه‌گیری گیبس ۵۰۰۰۰۰ دور، دور قلق‌گیری ۴۲۰۰۰ و فاصله نمونه‌گیری ۵۰ در نظر گرفته شد. برای توصیف مشاهدات فنوتیپی برای هر صفت از مدل توارث مختلط به شرح ذیل استفاده شد:

$$y = X \quad + Zu + ZWm + e$$ رابطه (۱)

در این مدل، y: برابر با بردار مشاهدات، : برابر با بردار اثرات ثابت غیرژنتیکی (شامل اثر ترکیبی نوبت جوجه‌کشی نسل و اثر جنسیت) بوده، ماتریس X: ماتریس ضرایب ارتباط‌دهنده اثرات ثابت به مشاهدات در بردار y و Z: ماتریس ضرایب اثرات تصادفی بوده که ارتباط دهنده اثرات ژنتیکی (u) به مشاهدات موجود در بردار y می‌باشد. اثرات ژنتیکی در این مدل به دو بخش اثرات پلی‌ژنی در بردار u و اثر ژن یا ژن‌های عمده در Wm تقسیم می‌شود. بردار e نیز دربرگیرنده اثراتی است که با مدل توضیح داده نمی‌شود. ماتریس W یک ماتریس سه‌ستونی (یا چهارستونی) با درایه‌های صفر و یک می‌باشد که نشان‌دهنده‌ی ژنوتیپ حیوانات می‌باشد. در هر ردیف از این ماتریس تنها یک عدد برابر با یک می‌باشد که نشان‌دهنده ژنوتیپ حیوانات می‌باشد. بردار m'=(a, d, -a) دربرگیرنده ارزش‌های ژنوتیپی بوده و a و d نیز به ترتیب نشان‌دهنده اثرات افزایشی و غالبیت در ژنگاه ژن عمده می‌باشد. در روش مدل توارث مختلط پارامترهایی که باید برآورد شوند شامل $\bar{\ } = \{\ ,u,\phi_u^2,S,p,a,d,e_e^2\}$ است که به ترتیب از سمت چپ نشان‌دهنده‌ی بردار اثرات ثابت غیرژنتیکی، بردار اثرات ژنتیکی پلی‌ژنی، واریانس پلی‌ژنی، اثر ژن یا ژنگاه‌های عمده، فراوانی آلل مطلوب در ژنگاه ژن عمده، اثرات افزایشی و غالبیت در ژنگاه ژن عمده و واریانس اثرات باقی‌مانده می‌باشند. در استفاده از رویکرد بیزی برای برآورد پارامترهای ناشناخته نیاز به استفاده از توزیع‌های پیشین می‌باشد که در این مطالعه، دامنه توزیع پیشین برای اثرات ثابت و ژن عمده (a & d) یکسان و معین روی $(-\infty,+\infty)$ و برای واریانس اثر پلی‌ژنیک $N(O,A\phi_u^2)$ $u \sim$ که A ماتریس وابستگی و واریانس باقی‌مانده $e \sim N(O,I\phi_e^2)$ است که I ماتریس واحد و برای مؤلفه‌های واریانس توزیع یکنواخت[2] در دامنه‌ای از $(0,+\infty)$ و برای فراوانی‌های آللی در دامنه (۱،۰) استفاده شد. با استفاده از پارامترهای حاصله از نرم‌افزار به طور مستقیم واریانس و وراثت‌پذیری مربوط به جایگاه‌های ژن عمده و پلی‌ژنیک محاسبه شدند. برای محاسبه واریانس کلی (واریانس افزایش و غالبیت) ژن عمده فرمول زیر استفاده شد (۷).

$$\sigma_T^2 = 2P(1-P)[a+d(1-2P)]^2 + [(2P(1-P)d)]^2 \qquad (2)$$

استنباط آماری در مورد تفرق یا عدم تفرق ژن عمده برای دو صفت اقتصادی بر مبنای تشکیل بالاترین ناحیه چگالی پسین[2] ۹۵٪ (HPDR 95%) برای واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده صورت گرفت، بدین صورت که با استفاده از نمونه‌های گیبس تولید شده برای واریانس ژنگاه ژن عمده به وسیله نرم‌افزار iBay و روش هیستوگرام‌های تغییر میانگین داده شده اسکات (۱۶) چگالی این پارامتر محاسبه شد. اگر چنان‌چه HPDR ۹۵٪ برای واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده، مقدار صفر را شامل نشد در این صورت تفرق ژن عمده برای صفت مربوطه تأیید، و در غیر این صورت تفرق ژن عمده برای آن صفت رد شده و مدل صرفاً پلی‌ژنیکی تأیید می‌شود.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی مربوط به صفات وزن یک‌روزگی و وزن شش هفتگی لاین تجاری گوشتی مورد نظر در جدول ۱ ارائه شده است.

1- Box-plot

2- Uniform

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]

جدول ۱- آماره‌های توصیفی برای وزن بدن در یک‌روزگی و وزن شش‌هفتگی در یک لاین تجاری گوشتی

Table 1. Descriptive statistics for body weight at birth day (BW) and at six weeks of age (BW6) in a commercial broiler line

صفت	تعداد رکورد	میانگین (گرم)	انحراف معیار (گرم)	بیش‌ترین (گرم)	کم‌ترین (گرم)	ضریب تغییرات
BW	۷۴۴۱	۴۲/۹۳۱	۴/۱۳۷	۵۸	۲۸	۹/۶۳۶
BW6	۱۲۵۰۸۲	۱۷۲۱/۷۸۸	۲۵۵/۰۵۴	۲۴۸۶/۹۴۹	۹۵۶/۶۲۷	۱۴/۸۱۳

BW: وزن یک‌روزگی BW6: وزن شش‌هفتگی

خصوصیات مربوط به توزیع‌های پسین حاشیه‌ای برای پارامترهای مدل توارث مختلط و صفات مربوطه در جدول‌های ۲ و ۳ آورده شد. در جدول ۲ میانگین، انحراف معیار، نواحی بالاترین چگالی پسین توزیع‌های پسین حاشیه‌ای در سطح ۹۵٪ برای واریانس باقی‌مانده، واریانس پلی‌ژنیک، کل واریانس ژن عمده (واریانس افزایشی + غالبیت) و نسبت‌های واریانسی نشان داده شده است. پارامترهای گزارش شده در جدول ۲ نتیجه‌ی مستقیم نرم‌افزار iBay می‌باشد. همان‌طور که در جدول ۲ مشخص است HPDR ۹۵٪ برای واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده برای هر دو صفت مقدار صفر را شامل نشده است بنابراین تفرق ژن عمده برای هر دو صفت وزن یک‌روزگی و وزن شش‌هفتگی تأیید می‌شود. همانطور که از جدول ۳ مشخص است در مورد صفت وزن یک‌روزگی درلاین گوشتی مورد نظر اثرات بخش پلی‌ژنی در مقایسه با اثر ژنگاه ژن عمده تعیین‌کننده‌تر می‌باشد (وراثت‌پذیری پلی‌ژنی ۰/۴۷ در مقایسه با وراثت‌پذیری ۰/۳۲ برای ژنگاه ژن عمده). در مورد صفت وزن شش‌هفتگی درلاین گوشتی مورد نظر اثر ژنگاه ژن عمده در مقایسه با اثرات بخش پلی‌ژنی تعیین کننده‌تر می‌باشد (وراثت پذیری ژنگاه ژن عمده ۰/۵۶ در مقایسه با وراثت پذیری ۰/۰۷ برای بخش پلی ژن). این قضیه، با توجه به اینکه وزن شش‌هفتگی وزنی است که در آن رشد کامل می‌شود (۱۵)و پرنده در این سن بیش‌تر تابع اثرات ژنتیکی مستقیم بوده و اثرات مادری کم‌تر روی آن مؤثر است، بیش‌تر قابل توجیه می باشد. این در حالی است که صفت وزن یک‌روزگی بیش‌تر تابع اثرات ژنتیکی مادری بوده (۸) و به همین دلیل نیز اثرات بخش پلی ژن در مقایسه با اثر ژنگاه ژن عمده در این صفت بیش‌تر تأثیرگذار می‌باشد. توزیع‌های پسین حاشیه‌ای برای واریانس ژنتیکی ژنگاه عمده و اثرات پلی‌ژنی برای صفات مدنظر در شکل ۱ نشان داده شد. همانطور که در شکل ۱ نیز مشخص است ناحیه HPDR ۹۵٪ برای واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده و همینطور واریانس پلی‌ژنی دربرگیرنده مقدار صفر نمی باشد. لذا چنین استنباط می‌شود که برای صفات مربوطه تفرق ژن عمده معنی‌دار است و به عبارتی مدل توارث مختلط یا MIM برازش بهتری در مقایسه با مدل‌های دیگر دارد. این شکل‌ها نشان می‌دهند که تفرق ژن عمده برای صفات مربوطه معنی‌دار می‌باشد (۱۱). همان‌طور که در جدول ۲ آورده شده است فراوانی آللی برای صفت وزن یک‌روزگی ۰/۳۱ و برای صفت وزن شش‌هفتگی ۰/۵۹ می‌باشد که مقدار فراوانی آللی برای هر دو صفت مورد بررسی متوسط به بالا است. ردیابی ژن‌های عمده یا QTLهایی که صفات اقتصادی مهم را در حیوانات تحت تأثیر قرار می‌دهند، می‌تواند تأثیر قابل توجهی روی پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی این حیوانات داشته باشد. به عنوان مثال، این اثر می‌تواند از طریق تأثیری که این روش بر دقت ارزیابی حیوانات می‌گذارد، صورت گیرد (۱). با توجه به اهمیت ردیابی ژن‌های عمده در اصلاح نژاد دام محققین زیادی مبادرت به این کار داشته‌اند که در این میان نتایج حاصل از این پژوهش با نتایج علیجانی و همکاران (۲) که معنی‌داری تفرق ژن عمده برای صفت وزن بدن را در مرغان بومی مازندران با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی تأیید کرد، هم‌چنین نتایج سزی لوسکی و همکاران (۱۷) که تفرق ژن عمده برای صفت وزن بدن در دو سویه‌ی مرغ تخم‌گذار شامل لگهورن و نیوهمشایر با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی را نشان داد مطابقت داشت. با توجه به این‌که تفرق ژن عمده برای صفت وزن بدن در سنین مختلف با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی به عنوان توانمندترین روش در ردیابی ژن‌های عمده در این مطالعه و هم‌چنین مطالعات سایر پژوهش‌گران تأیید شده، این مطلب اطمینان پژوهش‌گر را در ردیابی ژن‌های عمده مؤثر بر این صفت با استفاده از مطالعات ژنومی افزایش می‌دهد. لازم به ذکر است که به منظور افزایش اطمینان از نتایج به‌دست آمده از روش‌های آماری، استفاده از روش‌های آزمایشگاهی برای شناسایی ژن‌های عمده ضروری به نظر می رسد.

جدول ۲- خصوصیات توزیع‌های پسین حاشیه‌ای برای اثرات ژنگاه ژن عمده و نسبت‌های واریانس برای لاین تجاری گوشتی

Table 2. Marginal posterior distribution characteristics for the effect of major gene locus and the proportion of variance for the commercial broiler line

صفت	P.M.	P.S.D.	95% HPDR Left	95% HPDR Right
BW				
σ^2_e	۲/۶۸	۰/۳۰	۳/۹۸	۱/۸۵
σ^2_{poly}	۵/۸۱	۰/۳۷	۷/۷۵	۴/۴۸
σ^2_{major}	۳/۹۷	۰/۴۵	۵/۱۶	۲/۸۲
BW6				
σ^2_e	۱۷۶۹۵/۷۶	۹۱/۲۲	۱۸۰۴۵/۶۴	۱۷۶۹۰/۲۱
σ^2_{poly}	۳۴۶۴/۳۴	۸۶/۶۶	۳۴۵۳/۶۳	۳۸۲۲/۸۲
σ^2_{major}	۲۷۳۰۵/۱۵	۹۴۲۸/۹۳	۵۲۴۵۷/۰۱	۴۹۰۸۲/۴۶

P.M.: میانگین پسین، P.S.D.: انحراف استاندارد مونته کارلوپسین، HPDR ۹۵ درصد: نواحی بالاترین چگالی پسین در سطح ۹۵٪ بدست آمده از توزیع های پسین حاشیه‌ای، σ^2_e: واریانس باقیمانده، σ^2_{polyg}: واریانس پلی ژن و σ^2_{major}: واریانس ژن عمده

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

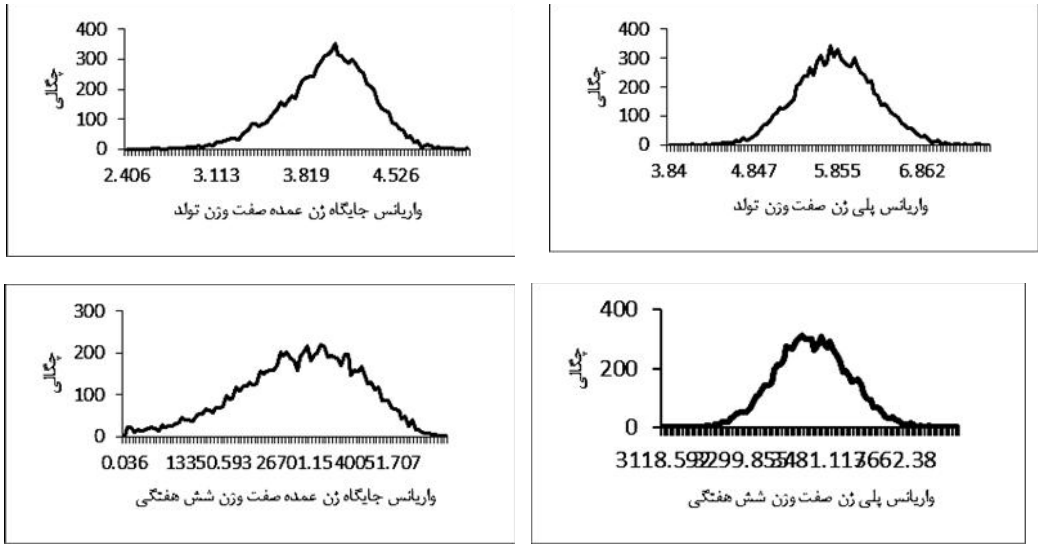
[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]

جدول ۳- وراثت‌پذیری ژنگاه ژن عمده و بخش پلی‌ژن صفات وزن یک‌روزگی و وزن شش‌هفتگی

Table 3. The heritability of major gene locus and polygenic part for birth day weight and six weeks age weight traits

صفت	h^2_{polyg}	h^2_{major}
BW	۰/۴۷	۰/۳۲
BW6	۰/۰۷	۰/۵۶

h^2_{polyg}: نسبت واریانس پلی‌ژنیک ($V_{polygenic}$/ V_{Total}) و h^2_{major}: نسبت واریانس ژن عمده افزایشی ($V_{Additive}$/ V_{Total})



شکل ۱- توزیع‌های پسین حاشیه‌ای واریانس جایگاه ژن عمده و جایگاه پلی‌ژن صفات وزن یک‌روزگی و وزن شش هفتگی لاین تجاری گوشتی مورد مطالعه

Figure 1. Marginal posterior distributions of the major gene and polygenic locus variance for body weight at birth and six weeks of age in studied commercial broiler line

منابع

1. Argente, M.J., A. Blasco, J.A. Ortega, C.S. Haley and P.M. Visscher. 2003. Analyses for the presence of a major gene affecting uterine capacity in unilaterally ovariectomized rabbits. Genetics Society of America. 163:1061-1068.
2. Alijani, S., H. Mehrabani Yeganeh, A. Nejati Javaremi, G.H. 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 Tabriz. Iran.
3. Blasco, A. 2001. The bayesian controversy in animal breeding. Journal of Animal Science, 79: 2046-2023.
4. Cemal, İ. and O. Karaca. 2005. Power of some statistical tests for the detection of major genes in quantitative traits: I. Tests of variance homogeneity. Hayvansal Üretim. 46: 40-46.
5. Doerge, R.W. 2002. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations. Nature Reviews Genetics, 3: 43-52.
6. Elston, R.C. and J. Stewart. 1973.The analysis of quantitative traits for simple genetic models from parental, F1and backcross data. Genetics, 73: 695-711.
7. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantative genetics. Longman.
8. Ghorbani, Sh., M.A. Kamali, M.A. Abbasi and F. GhafouriKesbi. 2012. Estimation of maternal effects on some economic traits of north Iranian native fowls using different models. Journal of Agricultural Science and Technology, 14: 95- 103.
9. Hill, W.G. and S. Knott. 1987. Identification og genes with large effects. Proceeding of the international symposium on advances in statistical methods for genetic improvement of livestock, 517 pp.
10. Janss, L.L.G. 2007. “iBay manual version 1.33”.http://www. lucjanss.com/ Docs/iBay Manual 133 pdf.
11. Janss L., R. Thompson and A. Van Arendonk. 1995. Application of gibbs sampling for inference in a mixed major gene-polygenic inheritance model in animal populations. Theoretical and Applied Genetics, 91: 1147-1137.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]

12. Jennen, D.G., A.L. Vereijken, H. Bovenhuis, R.P. Crooijmans, A. Veenendaal, J.J. Van Der Poel and M.A. Groenen. 2004. Detection and localization of quantitative trait loci affecting fatness in broilers. Poultry Science, 83: 295-301.
13. Morton, N. and C. MacLean. 1974. Analysis of family resemblance.3. Complex segregation of quantitative traits. American Journal of Human Genetics, 26: 489 pp.
14. Ochial, A., T. Ishida, K. Oyama and F. Mukai. 2005. Trial for detection carriers with major genes in a selected layer line. Animal Science Journal, 76: 195-201.
15. Salimi, S., A. Pakdel and H. MehrabaniYeganeh. 2012. Effects of fitting different animal models on estimations of genetic parameters of body weight at 6 weeks in a commercial broiler line. The 5th Iranian congress on animal science. Isfahan. Iran, 511-516 pp.
16. Scott, D.W. 1992. Multivariate density estimation.Wiley and sons.New York.
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. Yousefi zonoz, A., S. Alijani and H. Mohammadi. 2013. Estimatin genetic parameters for production and reproduction traits of Iranian native chickens using Beysian method via Gibbs sampling. Animal Production Research of Sari, 8: 91-99.
19. Zerehdaran, S., S. Alijani and M. Salehinasab. 2016. Detection major genes for some economic traits in native fowl of Yazd province using different statistical methods. Animal Production Research of Sari, 13: 163-170.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]

Detection of Major Genes for Body Weight Traits at Birth and Six Weeks of Age in a Commercial Broiler Line using Bayesian Segregation Method

Fatemeh Sarbazshendi[1], Abbas Pakdel[2], Hasan Mehrabani Yeganeh[3] and Sadegh Alijani[4]

1 and 3- Graduated M.Sc. Student and Assistant Professor, University of Tehran
2- Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology
(Corresponding author: pakdel@cc.iut.ac.ir)
4- Assistant Professor, University of Tabriz
Received: September 7, 2014 Accepted: March 18, 2015

Abstract

At the present study in order to detect major genes in a commercial broiler line Bayesian method as the most powerful statistical method in detection of major genes was used. After preliminary data editing, data of body weight (BW) at birth and six weeks of age of 14 and 35 generations respectively were analyzed using iBay software. The results verified segregation of major gene for two economical traits investigated at the current study. Compared to the effect of major genes, the polygenic effect on BW at birth which is highly biased by maternal genetic factors was proved to be stronger. However, our results confirmed that the role of major genes in determining BW at six weeks of age was more impactful than that of polygenic part, which highlights the importance of direct genetic effect on the trait. In this study, results of Bayesian segregation analysis confirm the segregation of major genes for the two traits, BW at birth and six weeks of age, which potentially paves the way for future studies to detect major genes.

Keywords: Bayesian segregation analysis, Commercial broiler line, Major gene

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-08-23]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.171]