

بررسی ارتباط ژن *A-FABP* با صفات رشد و چربی لاشه در سویه طیور گوشتی آرین

حمیدرضا سیدآبادی^{۱*}، سیروس امیری نیا^۲، نورامیر مظفری^۳، رسول واعظ ترشیزی^۴، محمد چمنی^۵،

علی جوانروح علی آباد^۲، زهرا رودباری^۶

تاریخ پذیرش: ۸۹/۱۱/۲۸

تاریخ دریافت: ۸۹/۶/۱۲

چکیده

هرچند انتخاب مرسوم بر اساس ارزش‌های فنوتیپی در جوجه‌های گوشتی موجب بهبود در سرعت رشد و بازده تولید گوشت شده است، ولی انتخاب برای سرعت رشد و کیفیت گوشت، باعث افزایش نقایص فیزیولوژیکی در طیور گردیده است. بنابراین انتخاب بر اساس نشانگرهای مولکولی می‌تواند برای افزایش بازده انتخاب مناسب باشد. هدف از انجام این تحقیق، تعیین چند شکلی ژن *A-FABP* و بررسی ارتباط آن با صفات رشد و ترکیبات لاشه در سویه تجاری طیور گوشتی آرین می‌باشد. بدین منظور، از تعداد ۴۰۰ قطعه جوجه گوشتی مربوط به ۴ خط پدری و مادری (A، B، C و D) نمونه خون تهیه شد و استخراج DNA از نمونه‌ها صورت گرفت. بعد از استخراج DNA، نمونه‌ها با استفاده از روش PCR-RFLP و آنزیم برشی TaqI شناسایی شدند. فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده برای جمعیت مورد مطالعه نشان داد که در هر ۴ خط فراوانی آلل B بیشتر از آلل A می‌باشد. مقایسه میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ‌های مختلف نشان داد که چند شکلی ژن *A-FABP* با هیچ یک از صفات مورد مطالعه مثل وزن کل لاشه بدون محتویات شکمی، وزن پشت بدن و یا موارد دیگر ارتباط معنی‌داری ندارد. براساس نتایج حاصل از تحقیق حاضر می‌توان نتیجه گرفت که ژن *A-FABP* نمی‌تواند به عنوان ژن منتخب برای صفات رشد و ترکیبات لاشه در برنامه‌های اصلاح نژادی لاین طیور گوشتی ایرانی مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: *A-FABP*، صفات رشد، ترکیبات لاشه، چندشکلی، PCR-RFLP.

مقدمه

نیاز روز افزون جامعه به فرآورده‌های پروتئینی با

منشأ حیوانی، استفاده از روش‌های نوین تولید و افزایش محصول را ضروری کرده است. در میان این فرآورده‌ها، گوشت مرغ در تغذیه بشر از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. به همین دلیل در چند دهه گذشته تولید گوشت مرغ در بسیاری از کشورهای جهان از جمله ایران رشد زیادی داشته است و پیش‌بینی می‌شود که در آینده نیز ادامه یابد. برای افزایش تولید علاوه بر روش‌های نوین مدیریت، بهداشت و تغذیه، استفاده از

- ۱- دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات، تهران، تهران- ایران
 - ۲- بخش بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، کرج، کرج- ایران
 - ۳- گروه میکروبیولوژی دانشگاه علوم پزشکی ایران، تهران، تهران- ایران
 - ۴- گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران- ایران
 - ۵- گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات، تهران، تهران- ایران
 - ۶- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه زابل، زابل- ایران
- *- پست الکترونیکی نویسنده مسئول: h_syedabadi@yahoo.com

دقت انتخاب کاهش می‌یابد (۲). از سوی دیگر انتخاب بر اساس ارزش‌های فنوتیپی برای کاهش چربی لاشه قبل از کشتار امکان پذیر نمی‌باشد و لذا امروزه انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی برای افزایش بازده انتخاب و بهبود عملکرد تولیدی مدنظر می‌باشد و تلفیقی از روش‌های مرسوم انتخاب و روش‌های جدید مولکولی در آینده اصلاح نژاد طیور ترجیح داده خواهد شد (۳). استفاده از ژن‌های عمده و QTL ها در شاخص‌های بهینه انتخاب که در آن‌ها به پلی ژن‌ها و ژن عمده متناسب با سهم آن‌ها در واریانس ژنتیکی کل، ضریب اختصاص داده می‌شود، منجر به افزایش پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به انتخاب می‌گردد.

Ye و همکاران (۲۰۰۷)، در تحقیق خود، دو جهش ترانزیشن C→T و G→A با استفاده از روش PCR-SSCP و توالی‌یابی مستقیم بر روی اینترون ۳ ژن A-FABP گزارش نمودند (۱۵). یک جهش جدید G→A توسط Wang و همکاران (۲۰۰۹)، بر روی اگزون شماره ۳ ژن A-FABP در یک لاین جوجه گوشتی گزارش گردید که این جهش باعث تغییر اسید آمینه سرین به اسپارژین در پروتئین A-FABP می‌شود (۱۴). در تحقیق انجام گرفته توسط Luo و همکاران (۲۰۰۶)، بر روی یک جمعیت مرغ بومی چینی، یک SNP در اگزون شماره ۱ این ژن شناسایی شد (۹). Wang و همکاران (۲۰۰۶)، در مطالعه خود روی اگزون ۱ ژن A-FABP در دو لاین آزمایشی طیور گوشتی، جهش ترانزیشن C به T را گزارش نمودند. آن‌ها در این تحقیق نشان دادند که چند شکلی ناشی از این جهش، به طور معنی‌داری با صفات وزن بدن در ۶ هفته‌گی، وزن لاشه، وزن و درصد چربی شکمی مرتبط است ($P < 0/05$). نتایج این تحقیق نشان داد که پرندگانی با ژنوتیپ AB و BB برای تمام صفات از میانگین وزنی بالاتری برخوردار هستند (۱۳).

با توجه به وجود ارتباط ژن A-FABP با صفات رشد و چربی و از آنجا که تاکنون تحقیقی بر روی

روش‌های علمی اصلاح نژاد به همراه تکنیک‌های مولکولی ضروری می‌باشد.

پروتئین اتصال‌ی به اسیدهای چرب (FABP)، عضوی از خانواده پروتئین‌های اتصال‌ی به لیپیدها بوده و دارای وزن مولکولی پائین با تمایل بالا برای اتصال به اسیدهای چرب زنجیر بلند می‌باشد (۶). این پروتئین در انتقال اسیدهای چرب داخل سلولی، رشد و تمایز سلولی، سیگنال سلولی، رونویسی از ژن و حفاظت از آنزیم‌ها در مقابل اثرات توکسین‌ها نقش مؤثری دارد. این پروتئین همچنین نقش مهمی در تعدیل فعالیت آنزیمی و هدایت سیگنالی بر عهده دارد (۱۶).

FABP داخل سلولی، شامل حداقل ۹ پروتئین مجزا و مشخص (پروتئین اتصال‌ی به اسیدهای چرب کبدی، روده‌ای، قلبی، آدیپوسیتی، اپیتلیال، روده بزرگ، مغزی، میلینی و بیضه‌ای) می‌باشد. وزن مولکولی این پروتئین‌ها ۱۴ تا ۱۵ کیلو دالتون با طول متغییر بین ۱۲۶ تا ۱۳۴ اسید آمینه می‌باشد (۱۶).

ژن A-FABP در انسان، موش، سگ و طیور کلون و نقشه‌یابی شده است. این ژن بر روی کروموزوم ۲ طیور (۱۲)، کروموزوم ۸ انسان (۱۱)، کروموزوم ۴ خوک (۱۰)، کروموزوم ۳ موش (۷) و کروموزوم ۱۴ گاو (۴) قرار دارد و دارای طولی به اندازه ۳ کیلو باز می‌باشد. مشابه با پستانداران، ژن A-FABP در پرندگان حاوی ۴ اگزون و ۳ اینترون می‌باشد که بیش از ۱۳۲ اسید آمینه را کد می‌نماید (۱۲). طول ۴ اگزون به ترتیب ۷۳، ۱۷۳، ۱۰۲ و ۵۱ جفت باز و طول ۳ اینترون ۱۲۴۰، ۲۲۳ و ۵۱ جفت باز می‌باشد.

اگرچه روش انتخاب مرسوم بر اساس ارزش‌های فنوتیپی جوجه‌های گوشتی به طور قابل توجهی سرعت رشد و تولید گوشت را در چند دهه گذشته افزایش داده است، ولی به دلیل آنکه انتخاب فنوتیپ برتر همواره به معنای انتخاب ژنوتیپ برتر نیست و بسته به میزان دخالت واریانس محیطی در واریانس فنوتیپی، اختلاف بین فنوتیپ و ژنوتیپ وجود خواهد داشت،

نمونه‌های خون کامل به روش بهینه شده و تغییر یافته استخراج نمکی انجام گردید (۸). کمیت و کیفیت نمونه‌های DNA استخراج شده به کمک دستگاه اسپکتروفتومتر-نانودراپ (Nano-Drop2000) بررسی گردید. بر اساس اطلاعات ژنومی از توالی ژن *A-FABP* آغازگرهای مورد نظر انتخاب شدند. توالی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق به صورت زیر می‌باشد:

Forward: 5' AGA CTG CTA CCT GGC CTG ACA 3'

Reverse: 5' CAT CCT ACT GGA ATA CGG 3'

پس از آزمایش غلظت‌های مختلف اجزا PCR، شرایط بهینه PCR با حجم نهایی ۱۵ µl به صورت بافر PCR ۱x، ۲ mM MgCl₂، آغازگرها ۰/۲۵ µM، dNTPs ۲۰۰ µM، یک واحد آنزیم Taq پلیمرز DNA الگو به میزان ۱۵۰ ng در هر واکنش PCR بدست آمد. برنامه حرارتی مناسب برای آغازگر مورد مطالعه به صورت واسرشته‌سازی اولیه در ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه و ۳۵ سیکل شامل واسرشته‌سازی اولیه در ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه، اتصال آغازگرها در دمای ۵۵ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه و مرحله بسط در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۱ دقیقه انتخاب و بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۸ دقیقه در نظر گرفته شد. پس از تکثیر، یک قطعه ۷۰۲ جفت بازی حاصل شد. عمل هضم آنزیمی با حجم ۱۰ میکرولیتر با استفاده از آنزیم برشی TaqI (۱۰ واحد آنزیمی در هر واکنش) در دمای ۵۵ درجه سانتیگراد و در طول شب بر روی محصول PCR انجام شد. یک جهش تک نوکلئوتیدی (SNP) در این قطعه تکثیری مورد شناسایی قرار گرفت. برای مشاهده قطعات هضم شده از ژل آگارز ۱/۵ درصد و ولتاژ ۱۵۰ به مدت ۱ ساعت استفاده شد. رنگ‌آمیزی ژل با اتیدیوم بروماید صورت گرفت و قطعات تکثیر شده زیر لامپ UV مشاهده گردیدند.

بررسی ارتباط چند شکلی این ژن با صفات رشد و ترکیبات لاشه در سویه‌های تجاری طیورگوشتی درکشور انجام نگرفته است، انجام این تحقیق و استفاده از نتایج آن در برنامه‌های اصلاح نژادی ضروری می‌باشد.

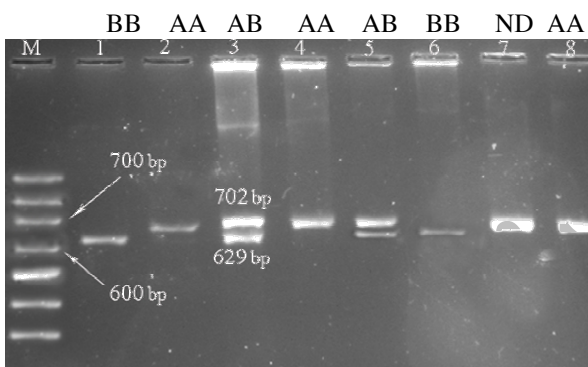
مواد و روش کار

جامعه آماری مورد مطالعه در این تحقیق خطوط پدری و مادری لاین طیورگوشتی آرین که در آن‌ها بر روی صفات مختلف تولیدی و تولیدمثلی انتخاب انجام شده است، مورد مطالعه قرار گرفت. لاین‌های پدری بر اساس صفات ماندگاری، وزن بدن، ضریب تبدیل غذایی، ضریب رشد، نطفه‌داری و جوجه درآوری و لاین‌های مادری از نظر صفات مربوط به تولید تخم مرغ و سایر صفات اقتصادی انتخاب می‌شوند.

برای مطالعه چند شکلی ژن *A-FABP* از پرندگان نسل ۱۵ یک گله تجاری طیور، نمونه‌گیری به عمل آمد. تعداد کل پرندگان موجود در چهار خط پدری و مادری گله FCR ۴۸۰۰ می‌باشد که در این تحقیق تعداد ۴۰۰ پرنده نر و ماده (هر خط حداکثر ۱۱۲ عدد) با شرایط پرورش یکسان به طور تصادفی انتخاب و نمونه‌گیری شدند.

وزن بدن در زمان هج و پایان ۶ هفتگی (زمان کشتار) اندازه‌گیری شده و در ۶ هفتگی همه پرندگان کشتار و پس از تجزیه لاشه، صفات وزن کل لاشه بدون محتویات شکمی، وزن پشت بدن (گردن، سینه و محوطه لگنی)، وزن عضله سینه، وزن عضله ران، وزن و درصد چربی حفره بطنی اندازه‌گیری و ثبت گردیدند. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به مقدار ۲ میلی‌لیتر خون از سیاهرگ ناحیه مثلی زیر بال، در تیوب‌های حاوی ماده ضد انعقاد EDTA گرفته شد و نمونه‌های خون اخذ شده به آزمایشگاه بیوتکنولوژی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور انتقال و تا زمان استخراج DNA در فریزر ۲۰۰C- نگهداری شدند. استخراج DNA از

یک جایگاه برش برای آنزیم TaqI ایجاد می‌کند. توالی همجوار این جایگزینی به صورت GAACTTC/TGAGGA می‌باشد که وجود باز سیتوزین (C) در توالی نوکلئوتیدی، امکان برش را برای آنزیم فراهم کرده و وجود باز تیمین (T) مانع از هضم قطعه تکثیر شده توسط آنزیم می‌شود. بنابراین هضم محصول ۷۰۲ جفت باز تکثیر شده با آنزیم TaqI باعث ایجاد یک قطعه‌ی برش نیافته (۷۰۲ جفت باز) برای ژنوتیپ AA، دو قطعه برش خورده ۶۲۹ و ۷۳ جفت باز برای ژنوتیپ هموزیگوت BB و سه قطعه ۷۰۲، ۶۲۹ و ۷۳ جفت باز برای ژنوتیپ هتروزیگوت AB می‌شود که قطعه ۷۳ جفت باز به دلیل کوچکی قطعه از ژل خارج شده است (شکل ۱).



شکل ۱- محصولات هضم قطعه ۷۰۲ جفت باز آگزون ۱ ژن A-FABP با آنزیم TaqI بر روی ژل آگارز ۲ درصد.

در این شکل ستون‌های شماره ۲، ۴ و ۸ بیانگر ژنوتیپ‌های AA، ستون‌های شماره ۳ و ۵ بیانگر ژنوتیپ AB، ستون‌های شماره ۱ و ۶ بیانگر ژنوتیپ BB و ستون ۷ و M به ترتیب نشان دهنده قطعات هضم نشده و مارکر با فواصل ۱۰۰ جفت است.

برای تأیید نتایج حاصل از PCR-RFLP، برخی از نمونه‌ها با ژنوتیپ متفاوت تعیین توالی گردیدند. با بررسی نتایج تعیین توالی، نتایج حاصل از PCR-RFLP مورد تأیید قرار گرفت (شکل ۲، ۳ و ۴).

اطلاعات بدست آمده با استفاده از مدل آماری زیر و با روش GLM در نرم‌افزار آماری MINITAB 14 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت (۱).

$$yijkl = \mu + \text{Genotype}_i + \text{Sex}_j + \text{Line}_k + \text{Genotype}_i \times \text{Sex}_j + \text{Genotype}_i \times \text{Line}_k + \text{Genotype}_i \times \text{Line}_k \times \text{Sex}_j + \text{Sire}(\text{Line}) + \text{dam}(\text{Line Sire}) + eijkl$$

در این مدل $yijkl$: ارزش فنوتیپی صفات مورد مطالعه، μ : میانگین ارزش‌های فنوتیپی صفات و e : اثر باقیمانده می‌باشد. عوامل ژنوتیپ (Genotype)، جنس (Sex) و لاین (Line) به عنوان اثرات ثابت و اثر والد نر (sire) و والد ماده (dam) به عنوان اثرات تصادفی در مدل وارد گردیدند.

ارزش‌های فنوتیپی صفات مورد نظر در سطوح مختلف ژنوتیپ‌های جایگاه‌های مورد مطالعه با استفاده از میانگین حداقل مربعات داده‌ها (LSM) محاسبه شده، مورد بررسی قرار گرفت. برای برآورد فراوانی آلل‌ها، محاسبه هتروزیگوتی و آزمون کای مربع (χ^2) از نرم افزار Pop Gene 3.1 استفاده گردید.

برای برآورد اثرات جایگزینی آلی از رابطه زیر استفاده شد.

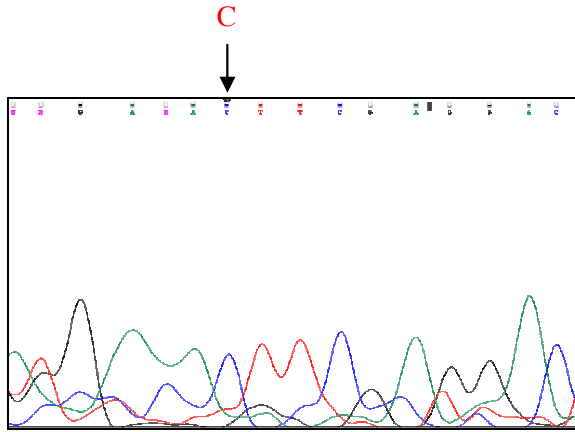
$$yijkl = \mu + \text{Sex}_j + \text{Line}_k + \text{Sire}(\text{Line}) + \text{dam}(\text{Line Sire}) + b(X) + eijkl$$

X: متغیر کمکی کد اختصاص داده شده برای هر ژنوتیپ می‌باشد.

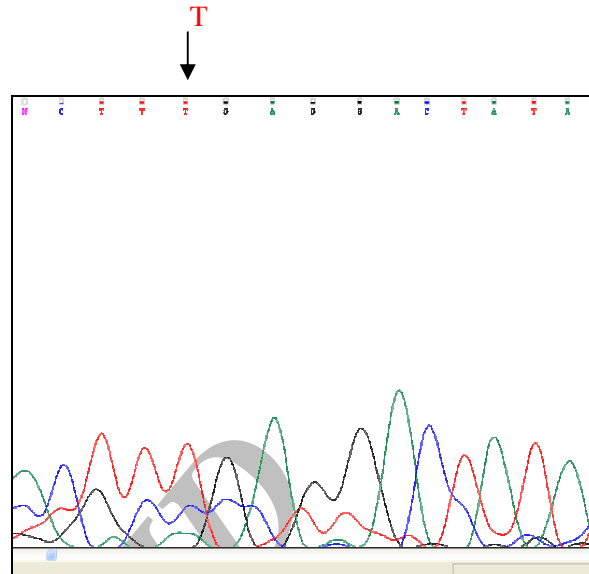
متوسط اثر جایگزینی آلی از طریق اختصاص کدهایی برای ژنوتیپ‌ها (صفر برای ژنوتیپ هموزیگوت دارای کمترین عملکرد فنوتیپی در جایگاه مورد نظر، ۱ برای ژنوتیپ هتروزیگوت و ۲ برای ژنوتیپ دارای بیشترین عملکرد فنوتیپی در جایگاه مورد مطالعه) برآورد گردید.

نتایج

جهش C به T بر روی آگزون یک ژن A-FABP،

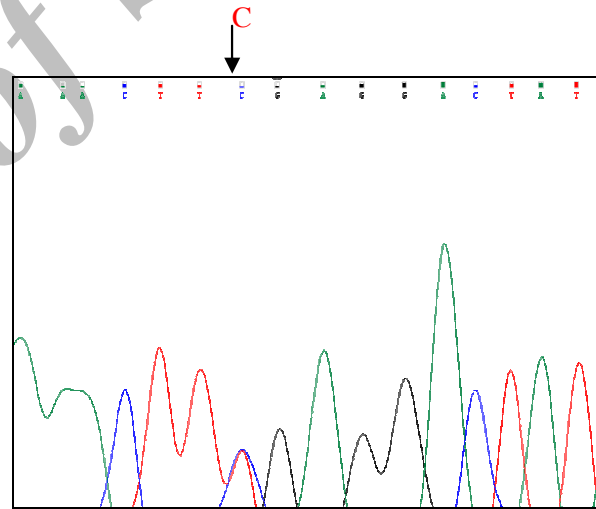


شکل ۴- نتایج تعیین توالی ژنوتیپ BB



شکل ۲- نتایج تعیین توالی ژنوتیپ AA

فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده برای جمعیت مورد مطالعه در جدول شماره ۱ نشان داده شده است. در هر ۴ خط فراوانی آلل B بیشتر از آلل A بود. مقایسه تعداد افراد مشاهده شده و مورد انتظار برای هر ژنوتیپ در ۴ خط (A, B, C, D) با استفاده از آزمون کای مربع (χ^2) نشان داد که مقدار آماره محاسبه شده در دو خط C و D کوچکتر از ارزش بحرانی جدول کای مربع (۳/۸۴۱) بوده و نشان داد که توزیع ژنوتیپها در این خطوط در حالت تعادل می باشد که یکی از دلایل وجود تعادل، عدم ارتباط بین ژن *A-FABP* با صفات انتخابی در این جمعیتها می باشد. ولی توزیع ژنوتیپها در خطوط A و B از تعادل خارج است (جدول شماره ۲). یکی از دلایل عدم وجود تعادل در خطوط A و B، احتمال پیوسته بودن ژن *A-FABP* با ژنهای مرتبط با صفات انتخابی در این جمعیتها باشد.



شکل ۳- نتایج تعیین توالی ژنوتیپ AB

جدول ۱- فراوانی مشاهده شده ژنوتیپی و آلی در جایگاه *A-FABP*

فراوانی آلی		فراوانی ژنوتیپی				جمعیت		
B	A	BB	AB	AA				
فراوانی	فراوانی	تعداد	فراوانی	تعداد	فراوانی	تعداد		
۰/۹۸۸	۰/۰۱۲	۰/۹۸۸	۸۳	۰/۰۰	۰	۰/۰۱۲	۱	خط A
۰/۸۶	۰/۱۴	۰/۸۱۷	۵۸	۰/۰۹۸	۷	۰/۰۸۴	۶	خط B
۰/۹۴۶	۰/۰۵۳	۰/۹۲	۶۸	۰/۰۸۱	۶	۰/۰۱۳	۱	خط C
۰/۸۶۷	۰/۱۳۲	۰/۷۸۲	۷۲	۰/۱۵۲	۱۴	۰/۰۶۵	۶	خط D

جدول ۲- آزمون کای مربع برای بررسی توزیع ژنوتیپ ها

جمعیت	آماره χ^2	$Pr > \chi^2$
خط A	۱۶۷	۰/۰۰
خط B	۲۴/۸۵	۰/۰۰
خط C	۲/۴۵	۰/۱۱۷
خط D	۰/۰۵	۰/۸

برآورد متوسط اثرات جایگزینی آللی در چند شکلی TaqI-RFLP نشان داد (جدول شماره ۴) که اثر جایگزین شدن آلل B به جای آلل A برای صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، وزن لاشه، وزن عضله سینه و وزن ران و اثر جایگزین شدن آلل A به جای آلل B برای صفات وزن بال، وزن پشت، وزن چربی شکمی و درصد وزن پشت معنی دار نمی باشد ($p > 0/05$). این ارقام نشان می دهد که جایگزین شدن آلل B باعث افزایش میانگین ارزش های فنوتیپی برای صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، وزن لاشه، وزن عضله سینه و وزن ران، به ترتیب به میزان ۱۷/۱۶ کیلوگرم، ۱۵/۶۳ کیلوگرم، ۰/۳۲ کیلوگرم و ۱۴/۹۵ کیلوگرم می شود. همچنین نتایج نشان داد جایگزین شدن آلل A باعث افزایش میانگین ارزش های فنوتیپی به میزان ۱/۸ کیلوگرم، ۸/۱۱ کیلوگرم و ۳/۵ کیلوگرم به ترتیب برای صفات وزن بال، وزن پشت، وزن چربی شکمی و ۰/۴۷ درصد برای صفت درصد وزن پشت می شود. این نتایج با نتایج تحقیقات Wang و همکاران (۲۰۰۶)، که در آن تاثیر آلل B در افزایش میانگین فنوتیپی صفات وزن بدن در ۶ هفتگی ذکر شده است، مطابقت دارد (۱۳).

آنالیز آماری داده ها نشان داد که اثر متقابل بین اثرات ثابت معنی دار نمی باشد. همچنین چندشکلی در ژن A-FABP با هیچ یک از صفات مورد مطالعه ارتباط معنی داری نشان نداد ($P > 0/05$). نتایج نشان داد که پرندگان با ژنوتیپ BB نسبت به ژنوتیپ AA، برای صفات وزن بدن، وزن لاشه، وزن عضله سینه، وزن ران و وزن چربی شکمی دارای میانگین حداقل مربعات بالاتری و ژنوتیپ AA برای صفات وزن بال، وزن پشت و درصد وزن پشت نسبت به ژنوتیپ های دیگر دارای میانگین حداقل مربعات بالاتری می باشد (جدول شماره ۳). بنابراین می توان مطابق با برنامه اصلاحی برای هر خط، نسبت به افزایش یا کاهش فراوانی هر یک از آلل های A و B اقدام نمود.

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ های A-FABP برای صفات رشد و ترکیبات بدن

صفت	P-value	AA	AB	BB
وزن بدن در ۶ هفتگی	۰/۹۷۴	۲۳۶۴/۵±۲۴۶/۴۲	۲۴۲۹/۵±۱۴۸/۸۳	۲۴۲۴/۹۳±۵۰/۶
وزن لاشه	۰/۹۷۶	۱۶۳۲/۲±۱۶۷/۲	۱۶۴۵/۷±۱۰۰/۴۲	۱۶۵۷/۲۵±۳۳/۱
وزن عضله سینه	۰/۹۹۵	۵۴۰/۱±۸۳/۴۸	۵۴۷/۶±۵۰/۳۲	۵۴۴/۱±۱۶/۲۱
وزن ران	۰/۵	۴۸۱±۴۱/۳۵	۴۴۴/۹±۲۶/۹	۴۸۳/۱±۸/۲۱
وزن بال	۰/۸۸۴	۱۹۹/۳۶±۱۹/۳۵	۱۸۵/۳۶±۱۲/۳	۱۸۹/۴۷±۴/۳۱
وزن پشت	۰/۴۴	۴۰۱/۱±۲۷/۴۲	۳۵۲/۹۲±۱۶/۴۷	۳۶۳/۶۴±۵/۷۶
وزن چربی شکمی	۰/۸۳۶	۲۴/۲۵±۱۴/۲	۲۱/۷۸±۹/۷۳	۲۸/۵۶±۳/۲
درصد وزن لاشه	۰/۴۲	۶۹±۰/۷	۶۹±۰/۴	۶۹±۰/۱
درصد وزن عضله سینه	۰/۹۲۳	۲۲/۷۴±۰/۷	۲۲/۶۶±۰/۴	۲۲/۷۴±۰/۱
درصد وزن ران	۰/۹۷۶	۲۲/۷±۰/۹	۲۲/۵±۰/۵	۲۲/۷±۰/۱
درصد وزن بال	۰/۹۶	۷/۹±۰/۷	۸±۰/۴	۷/۹±۰/۱
درصد وزن پشت	۰/۲۵۸	۱۷±۰/۱	۱۴±۰/۱	۱۵±۰/۱
درصد وزن چربی شکمی	۰/۹۹۷	۱/۱۶±۰/۱	۱±۰/۱	۱±۰/۱۳

بحث

صفات رشد و کیفیت لاشه جزء مهمترین صفات اقتصادی در جوجه‌های گوشتی می‌باشند. امروزه کیفیت لاشه و بازارپسند بودن آن مورد توجه تولیدکنندگان و مصرف‌کنندگان می‌باشد و روز به روز بر اهمیت آن در بازارهای جهانی افزوده می‌شود. مشابه با دیگر صفات اقتصادی مهم، صفات رشد و چربی نیز بوسیله تعداد زیادی ژن که اثر برخی از آنها زیاد (ژن عمده) و اثر بسیاری دیگر کم می‌باشد، کنترل می‌شوند. اگر چه تعداد ژن‌های مؤثر بر یک صفت مانند صفات رشد و چربی نامشخص است، اما تعدادی ژن کاندید مؤثر بر روی این صفات شناسایی شده است. مدل ژن عمده پیشنهاد می‌کند تعداد کمی ژن می‌تواند سهم عمده‌ای از تنوع ژنتیکی را به خود اختصاص دهد. پیشرفت‌های اخیر در ژنتیک مولکولی امکان شناسایی و تعیین توالی این ژن‌ها را فراهم نموده است (۵). ژن *A-FABP* به عنوان ژن کاندیدا جهت بررسی ارتباط چندشکلی این ژن با صفات رشد و ترکیبات بدن در سویه تجاری طیورگوشتی آرین مورد مطالعه قرار گرفت.

مشابه با تحقیق حاضر Wang و همکاران (۲۰۰۶)، در مطالعه خود روی آگزون ۱ ژن *A-FABP* در دو لاین آزمایشی مورد مطالعه در سایت برش آنزیم *TaqI* چند شکلی ترانزیشن $C \rightarrow T$ را گزارش نمودند (۱۳).

فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده برای جمعیت مورد مطالعه نشان داد که در هر ۴ خط فراوانی آلل B بیشتر از آلل A بود. Wang و همکاران (۲۰۰۶)، فراوانی آلل A و B را به ترتیب ۰/۵۰۶ و ۰/۴۹۴ را برای جمعیت مورد مطالعه گزارش نمودند که با فراوانی آللی حاصل شده در تحقیق حاضر مغایرت دارد. دلیل این مغایرت می‌تواند ناشی از جمعیت‌های مورد مطالعه متفاوت باشد (۱۳).

رشد و ترکیبات بدن منعکس کننده رشد و نمو همه اندام‌های بدن در طیور می‌باشد و تظاهر فنوتیپی این صفات نتیجه اثر متقابل ژنتیک، تغذیه و فاکتورهای

برآورد متوسط اثرات جایگزینی آللی در چند شکلی *TaqI-RFLP* نشان داد (جدول شماره ۴) که اثر جایگزین شدن آلل B به جای آلل A برای صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، وزن لاشه، وزن عضله سینه و وزن ران و اثر جایگزین شدن آلل A به جای آلل B برای صفات وزن بال، وزن پشت، وزن چربی شکمی و درصد وزن پشت معنی‌دار نمی‌باشد ($p > 0/05$). این ارقام نشان می‌دهد که جایگزین شدن آلل B باعث افزایش میانگین ارزش‌های فنوتیپی برای صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، وزن لاشه، وزن عضله سینه و وزن ران، به ترتیب به میزان ۱۷/۱۶ کیلوگرم، ۱۵/۶۳ کیلوگرم، ۰/۳۲ کیلوگرم و ۱۴/۹۵ کیلوگرم می‌شود. همچنین نتایج نشان داد جایگزین شدن آلل A باعث افزایش میانگین ارزش‌های فنوتیپی به میزان ۱/۸ کیلوگرم، ۸/۱۱ کیلوگرم و ۳/۵ کیلوگرم به ترتیب برای صفات وزن بال، وزن پشت، وزن چربی شکمی و ۰/۴۷ درصد برای صفت درصد وزن پشت می‌شود. این نتایج با نتایج تحقیقات Wang و همکاران (۲۰۰۶)، که در آن تاثیر آلل B در افزایش میانگین فنوتیپی صفات وزن بدن در ۶ هفتگی ذکر شده است، مطابقت دارد (۱۳).

جدول ۴- متوسط اثرات جایگزینی آللی برای چند شکلی *TaqI-RFLP* در آگزون ۱ ژن *A-FABP* برای ارزش‌های فنوتیپی صفات رشد و ترکیبات بدن

صفت	P-value	ضریب تابعیت ^۱	خطای استاندارد
وزن بدن در ۶ هفتگی	۰/۸۶	۱۷/۱۶	۹۴/۱۳
وزن لاشه	۰/۸۲	۱۵/۶۳	۶۴
وزن عضله سینه	۰/۹۹	۰/۳۲	۳۲
وزن ران	۰/۴۵	۱۴/۹۵	۱۸/۶
وزن بال	۰/۸۳	۱/۸	۸
وزن پشت	۰/۵۳	۸/۱۱	۱۲/۱۲
وزن چربی شکمی	۰/۵۶	۳/۵	۵/۴۶
درصد وزن پشت	۰/۳۲	۰/۴۷	۰/۴۸

۱: ضریب تابعیت نشان دهنده متوسط اثر جایگزینی آللی

مقایسه با جمعیت‌های مورد بررسی در تحقیق حاضر می‌باشد.

به طور کلی در جوجه‌های گوشتی که تحت برنامه‌های شدید اصلاح نژادی هستند، باید به طور همزمان کاهش هزینه‌ها، بهبود کیفیت تولیدی و سلامت پرند مد نظر قرار گیرد. لذا باید در شاخص‌های انتخاب صفات شایستگی و رشد منظور گردند. علاوه بر مشکل اندازه‌گیری این قبیل صفات، همبستگی بین این صفات، پیچیده می‌باشد. انتخاب به کمک نشانگر (MAS) می‌تواند یک گزینه مطلوبی برای بهبود برنامه‌های اصلاح نژادی مورد توجه قرار گیرد. نتایج حاصل از مطالعه اخیر نشان داد که چند شکلی ناشی از جهش در ژن A-FABP با هیچ یک از صفات مورد مطالعه در این تحقیق مرتبط نبوده و لذا نمی‌توان از این جایگاه به عنوان یک نشانگر بالقوه در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر استفاده نمود.

منابع

- 1- Barbara, F., Ryan, B., Joiner, L., Thomas, A. (1985): *Minitab Handbook*, 2nd ed. Duxbury.
- 2- Burt, D. W., Dey, B. R., Paton, I. R., Morrice, D. R., Law, A. S. (1995): The chicken transforming growth factor-beta 3 gene: genomic structure, transcriptional analysis, and chromosomal location. *DNA Cell Biology*. 14, 2:111-23.
- 3- Emara, M. G., Kim, H. (2003): Genetic markers and their application in poultry breeding. *Poultry Science*. 82:952-957.
- 4- Everts-van der Wind, A., Kata, S. R., Band, M. R., Rebeiz, M., Larkin, D. M., Everts, R. E. (2004): A 1463 gene cattle-human comparative map with anchor points defined by human genome sequence coordinates. *Genome Research*. 14: 1424-1437.
- 5- Falconer D. S., Mckay, T. F. C. (1996): *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Longman Sel., Harlow, UK.

محیطی می‌باشد (۱۳). مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات مورد مطالعه با ژنوتیپ‌های مختلف نشان داد که چندشکلی در ژن A-FABP با هیچ یک از صفات مورد مطالعه ارتباط معنی‌داری ندارد ($p > 0.05$).

در تحقیق Wang و همکاران (۲۰۰۶)، بر روی ۴۵۵ قطعه جوجه گوشتی مربوط به دو لاین گوشتی تحقیقاتی چینی، با استفاده از روش PCR-RFLP و تعیین توالی، نشان داده شد که چند شکلی ناشی از تبدیل باز C به T در اگزون یک ژن A-FABP، به طور معنی‌داری با صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، وزن لاشه، وزن و درصد چربی شکمی مرتبط است ($p < 0.05$). نتایج این تحقیق نشان داد که پرنده‌گانی با ژنوتیپ AB و BB برای تمام صفات از میانگین وزنی بالاتری برخوردار هستند (۱۳). یکی از دلایل مغایرت نتایج این تحقیق با نتایج تحقیق حاضر، احتمالاً ناشی از عدم تعادل لینکاژی بین SNP مورد مطالعه با دیگر جهش‌های موجود در ژن A-FABP یا دیگر ژن‌های پیوسته که به طور مستقیم در تنظیم این صفات نقش دارند، می‌باشد.

در تحقیقی مشابه، Luo و همکاران (۲۰۰۶)، تأثیر چند شکلی ژن A-FABP بر روی صفات رشد و ترکیبات بدن را در جوجه‌های گوشتی نژاد بومی چینی (beijang-You) مورد مطالعه و نتایج آنالیز واریانس نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین درصد چربی احشائی، ضخامت چربی زیر جلدی و میزان چربی داخل عضلانی در ماهیچه سینه در بین ژنوتیپ‌های این ژن وجود دارد (۹).

Ye و همکاران (۲۰۰۷)، در تحقیقی که بر روی ۶ سویه مرغ بومی چینی انجام دادند، ارتباط معنی‌داری بین چند شکلی ژن A-FABP با صفات وزن بدن، چربی داخل عضلانی و درصد چربی شکمی گزارش نمودند که با نتایج تحقیق حاضر مغایرت دارد (۱۵). یکی از دلایل این مغایرت‌ها، احتمالاً تفاوت در برنامه‌های اصلاحی اجرا شده در این جمعیت‌ها در

- 6- Glatz, J. F., Veerkamp, J. H. (1985): Intracellular fatty-acid binding proteins. *International. Journal. Biochemical.* 17:13–22.
- 7- Hudson, T. J., Church D. M., Greenaway, S., Nguyen, H., Cook, A., Oteen, R. G. (2001): A radiation hybrid map of mouse genes. *Natuare Genetics.* 29: 201–205.
- 8- Javanrouh, A., Bañabais, M. H., Esmailkhanian, S., Amirinia, C., Seyedabadi, H. R., Emrani, H. (2006): Optimization onsalting out method for DNA extraction from animal and poultry blood cells. The 57th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Antalya, Turkey.
- 9- Luo, G. F., Chen, J. L., Wen, J., Zhao, G. P., Zheng, M. Q., Sun, S. D. (2006): Study of single nucleotide polymorphism of A-FABP gene and its association with fatness traits in chicken. *Yi Chuan.* 28,1:39-42.
- 10- Mercade, A., Perez-Enciso, M., Varona, L., Alves, E., Noguera, J. L., Sanchez, A., Folch, J. M. (2006): Adipocyte fatty-acid binding protein is closely associated to the porcine locus on FAT1 chromosome 4. *Journal of Animal Science.* 84:2907-2913.
- 11- Prinsen, C. F. M., de Bruijn, D. R. H., Merckx, G. F. M., Veerkamp, J. H. (1997): Assignment of the human adipocyte fatty acid-binding protein gene (FABP4) to chromosome 8q21 using somatic cell hybrid and fluorescence in situ hybridization techniques. *Genomics* 40: 207–209.
- 12- Wang, Q., Li, H., Li, N., Gu, Z., Wang, Y. (2004): Cloning and characterization of chicken adipocyte fatty acid binding protein gene. *Animal. Biotechnology.* 15:121–132.
- 13- Wang, Q., Li, H., Li, N., Leng, L., Wang, Y., Tang, Z. (2006): Identification of single nucleotide polymorphism of adipocyte fatty Acid-Binding protein gene and Its association with fatness traits in the Chicken. *Poultry Science.* 85:429–434.
1. 14-Wang, Q., Guan, T., Li, H., Bernlohr, D. A. (2009): A novel polymorphism in the chicken adipocyte fatty acid-binding protein gene (FABP4) that alters ligand-binding and correlates with fatness. *Biochem Molecular Biology.* 154(3):298-302.
- 14- Ye, X., Avendano, S., Dekkers, J. C. M., Lamont, S. J. (2006): Association of Twelve Immune-Related Genes with Performance of Three Broiler Lines in Two Different Hygiene Environments. *Poultry Science* 85:1555–1569.
- 15- Zimmerman, A. W., Veerkamp, J. H. (2002): New insights into the structure and function of fatty acid-binding proteins. *Cell. Molecular. Life Science.* 59:1096–1116.