

رديابی ژنهای عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی ایران با استفاده از روشهای آماری

صادق علیجانی^۱، اردشیر نجاتی جوارمی^۲، حسن مهربانی یگانه^۳، قدرت الله رحیمی^۴ و ال ال جی یانس^۴

تاریخ دریافت: ۸۷/۴/۸ تاریخ پذیرش: ۸۷/۸/۱۲

۱- دانشجوی دکتری گروه علوم دامی، دانشگاه تهران

۲- دانشیار و استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه تهران

۳- دانشیار گروه علوم دامی، دانشگاه مازندران

۴- استادیار دانشگاه زوریخ سوئیس

* مسئول مکاتبه E-mail: alijani_sa@hotmail.com

چکیده

دقیقترین روشها برای رديابی و پیدا کردن ژنهای عمده، استفاده از اطلاعات مولکولی می باشد. ولیکن تولید این نوع اطلاعات نیازمند طرحهای آمیزشی خاص و هزینه های زیادی می باشد که بدون مطالعات مقدماتی برای بهینه سازی تولید و استفاده از آنها، انجام آن برای کشور در حال توسعه ای همانند کشورما بسیار سخت می باشد. بنابراین، قبل از انجام این روشها می بایست این ژنها با روشهای آماری توانمند شناسایی و رديابی اولیه شوند. برخی از ژنهای عمده ای که هم اکنون در برنامه های اصلاح نژادی کشورهای پیشرفته استفاده می شود، ابتدا با روشهای آماری شناسایی شدند. در تحقیق حاضر ژنهای عمده تاثیر گذار بر روی چهار صفت اقتصادی سن بلوغ جنسی، وزن بدن، وزن تخم مرغ و تعداد تخم تولیدی در دو مرکز اصلاح نژادی با روشهای مختلف آماری مورد رديابی قرار گرفتند. برای جلوگیری از نتایج مثبت اشتباه، داده های دور افتاده حذف و از تبدیل باکس-کاکس برای داده های تصحیح شده، استفاده شد. نتایج آزمون نرمالیت هاکي از تفرق ژن (ها) برای چهار صفت اقتصادی در هر دو مرکز اصلاح نژادی می باشد. آزمون بارتلت، برای همگنی واریانسها در داخل خانواده های نانتی خروسها، نشان داد که واریانسها در داخل این خانوادهها همگن نبوده و آماره های χ^2 در سطح ۱ درصد معنی دار بودند. آزمون فین نیز وجود رابط خطی-انحنایی را بین واریانس داخل خانواده ها و میانگین آنها نشان داد که هر دو این وضعیت در موقع تفرق ژن عمده صورت می گیرد. آزمون مختلط به عنوان توانمندترین آزمون برای جمعیتهای حیوانی در بین این آزمونها نشان داد که توزیع اکثر صفات از یک توزیع مرکب با بیش از یک توزیع نرمال یا توزیع مختلط تبعیت می کند که این از اثرات تفرق ژنهای با اثر عمده بر روی این صفات و میانگینهای متفاوت برای ژنوتیپهای مختلف آن است.

واژه‌های کلیدی: آزمون فین، آزمون مختلط، ژنهای عمده، روشهای آماری

Major Genes Detection for Some Economically Important Traits in Iranian Native Chicken Using Statistical Methods.

S Alijani^{1*}, A Nejati-Javaremi², H Mehrabani-Yeganeh², Gh Rahimi³ and LLG Janss⁴

¹Ph.D Student, Department of Animal Science, University of Tehran, Iran.

²Associate Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Iran

³Associate Professor, Department of Animal Science, University of Mazandaran, Sari, Iran

⁴Associate Professor, Zoorikh University, Swiss

*Corresponding Author: Email: alijani_sa@hotmail.com

Abstract

Exact methods for major gene detection have been based on using molecular information. Special mating designs with high costing are needed for production of this type information that, without basic research for optimization of production and using them, it would be very challenging and difficult for developing country such as Iran. So, before applying these methods it would be better to, by using statistical methods, segregation of these genes is detected. Some of detected major genes that are using in developed countries animal breeding programs were detected firstly by statistical methods. In this research, using statistical methods, major genes that affecting four economically important recorded traits in two breeding centers, including age at first laying, body weight, egg weight and number of laid eggs, were detected. With deleting outlier and Box-Cox transformation on adjusted data, false positive results were controlled. Normality test on adjusted records of four traits in two centers confirmed that major genes are segregating for these traits. Bartlett test for homogeneity of variance in paternal half-sib families indicated that these variances were not homogeny and χ^2 statistics were significant ($P < 0.01$) for all traits. Fain test also confirmed the curvilinear relationship between means and variances of half-sib families and both of these two methods detected segregation of major genes for recorded traits. Mixture test as the most powerful method among all statistical methods for major gene detection in animal population, detected that the best distribution for most of traits is mixed distribution and this is due to of major gene segregation that affecting these traits and different means of major gene locus's genotypes.

Keywords: Fain test, Major genes, Mixture test, Statistical methods

مقدمه

می توان به تئوری توارث مختلط^۴ و تئوری ژنگاههای با تعداد محدود^۵ اشاره نمود. در این تئوریها اثرات ژنگاههای دارای اثر عمده به مدل افزوده می شود.

بنابر این تعیین ژنهای انفرادی (به خصوص ژنهای عمده) می تواند کاربردهای مفیدی داشته باشد. چراکه اولاً با مشخص کردن ژنهای انفرادی می توان کارآیی برنامه های انتخاب ژنتیکی حیوانات را، بویژه برای صفات با توارث پذیری پایین و صفاتی که فقط در یک جنس بیان می شوند، بالا برد. ثانیاً تکنولوژی انتقال ژن می تواند برای صفات کمی به کار برده شود. ثالثاً می توان آلل های ایجاد کننده بیماری های مضر را شناسایی و بدین طریق از ایجاد این بیماری ها جلوگیری نمود. رابعاً نواقص موجود در تئوری مدل نامحدود ژنی در تبیین صفات کمی برطرف شده و تئوری های خیلی واقعی تر، درک ما را از پدیده های ژنتیکی توسعه خواهد داد (فالكونر و مکی ۱۹۹۶). ساکس^۶ (۱۹۲۳) نشان داد که نشانگرهای ژنتیکی می توانند در تعیین عوامل ژنتیکی تاثیرگذار بر صفات کمی که هم اکنون جایگاههای صفات کمی یا QTL^۷ نامیده می شوند، مورد استفاده واقع شوند. بنابراین طرح ها، مدل ها و روشهای تجزیه و تحلیل آماری مختلفی برای داده های حاصل از این طرح ها ایجاد شده است. برای بکار بردن این روشها، عدم تعادل پیوستگی ژنتیکی^۸ مابین نشانگرهای ژنتیکی و QTL ها امری ضروری می باشد. از طرف دیگر تمامی این روشها نیازمند تعیین ژنوتیپ حیوانات برای نشانگرها و جمع آوری رکوردهای فنوتیپی برای حیوانات می باشد که این کارها می توانند هزینه های زیادی برای کشورهای در حال توسعه ای همانند کشور ما داشته باشد. بنابراین می بایست در ابتدا از روش های دیگری

برای سالهای زیادی متخصصین ژنتیک و اصلاح نژاد دام ساختار ژنتیکی حیوانات را از طریق انتخاب ژنتیکی و بدون اینکه اطلاعاتی در مورد ژن های انفرادی داشته باشند، تغییر داده اند. به عبارتی روشهای اصلی ارزیابی ژنتیکی حیوانات عمدتاً براساس اطلاعات فنوتیپی و ثبت شجره صورت گرفته است (هیل و نات ۱۹۹۰ و گودارد ۲۰۰۱). این نوع ارزیابی ژنتیکی مبتنی بر تئوری ژنهای نامحدود^۱، که در آن فرض می شود صفات کمی تحت تاثیر تعداد بسیار زیادی ژن با اثرات افزایشی بسیار کوچک و دارای تفرق آزاد هستند می باشد. علیرغم اینکه فرضیات این تئوری ناصحیح می باشد و لیکن بیشتر پیشرفت ژنتیکی که برای صفات کمی اقتصادی در حیوانات مزرعه ای ایجاد شده است، با این نوع مدل بندی ژنتیکی بوده است (فالكونر و مکی ۱۹۹۶). تا سالهای اخیر ابزارهای مورد نیاز برای تعیین ژنهای مسئول ایجاد تفاوت ژنتیکی ما بین حیوانات و جمعیتها در دسترس نبودند. پیشرفت های ایجاد شده در حوزه زیست شناسی مولکولی این وضعیت را تغییر داده و این امکان را به وجود آورد که از طریق مطالعه پیوستگی ژنتیکی، ژن های منفرد مورد شناسایی قرار گیرند. این کار از طریق نشانگرهای ژنتیکی در سطح مولکول DNA که نقشه ژنتیکی متراکمی را برای کروموزومهای حیوانات اهلی ایجاد نموده اند، امکان پذیر شده است. بدست آمدن این اطلاعات و کشف ژنهای انفرادی با اثرات عمده بر روی صفات کمی، همانند ژنهای بورولا^۲ در گوسفندان که باعث افزایش چشمگیر در صفات تولید مثلی می شود، ژن ماهیچه مضاعف^۳ در گاوهای گوشتی و غیره، منجر به پیشنهاد تئوریهای دیگری که با واقعیات بیشتر تطابق داشتند، شد (فالكونر و مکی ۱۹۹۶ و گودارد ۲۰۰۱). از مهمترین این تئوریها

⁴Mixed model of inheritance

⁵Finite locus models

⁶Sax

⁷Quantitative Trait Locus

⁸Linkage Disequilibrium

¹Infinitesimal model

²Booroola

³Double muscle

هدف از تحقیق حاضر ردیابی ژنهای عمده برای مرغان بومی شمال ایران در دو مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی استان مازندران و آذربایجان غربی برای چهار صفت اقتصادی رکورد برداری شده در آنها، با استفاده از روشهای آماری فوق بود.

مواد و روش‌ها

با توجه به اهمیت اقتصاد روستایی در تولیدات دامی کشور ایران از نظر تولید گوشت و تخم مرغ، مراکز اصلاح نژاد و تکثیر مرغ بومی از سال ۱۳۶۵ از طرف معاونت امور دام جهاد سازندگی در چندین استان از جمله مازندران و آذربایجان غربی با اهداف اصلاح نژاد و ترویج پرورش مرغ بومی در مراکز روستایی و نیمه صنعتی ایجاد گردیدند. در این مراکز اصلاح نژادی، چهار صفت شامل تعداد تخم مرغ در ۳ ماه اول تولید یا EGN^۶ میانگین وزن تخم مرغ (در هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲) یا EGW^۷، وزن بدن (در هفته هشتم در مازندران و هفته دوازدهم در آذربایجان غربی) یا BW^۸، و سن بلوغ جنسی مرغها یا ASM^۹، به همراه ثبت شجره، مورد رکورد برداری و ارزیابی ژنتیکی قرار گرفته اند. در چندین نسل اولیه، انتخاب ژنتیکی در این گله های شجره دار بر اساس روش شاخص انتخاب مرسوم در قبل بوده است ولیکن پس از آن بر اساس ترکیب ارزشهای اصلاحی بدست آمده از ارزیابی ژنتیکی چند صفتی و ضرایب اقتصادی مربوطه صورت گرفته است (نجاتی و همکاران ۱۳۸۰). اطلاعات جزئی تر در مورد داده های مورد استفاده در این تحقیق در جدول شماره یک آورده شده است. لازم به ذکر است که با توجه به حساسیت روشهای ردیابی ژنهای عمده به توزیع داده ها، ابتدا داده های دورافتاده با روش باکس پلات^{۱۰}

که نیازمند هزینه زیادی نیستند، استفاده نمود تا در نهایت ژنهای عمده تاثیرگذار بر صفات کمی به صورت کلی مشخص شوند. سپس در ادامه با استفاده از روشهای مولکولی جایگاه دقیق آنها را مشخص نمود. خوشبختانه متخصصین ژنتیک و آمار برای ردیابی ژنهای عمده بدون داشتن اطلاعات نشانگری و صرف هزینه برای تعیین ژنوتیپ حیوانات، روشهای توانمندی را ابداع نموده اند. چنانچه یک ژن عمده در یک جمعیت در حال تفرق باشد، در این صورت توزیع آن صفت می تواند از توزیع نرمال دارای انحراف باشد و از طرف دیگر در داخل خانواده های تنی و ناتنی واریانسهای ناهمگنی برقرار خواهد بود. همچنین بسته به ژنوتیپ والدین برای ژنگاه ژن عمده، مابین میانگین صفات برای خانواده ها و واریانس داخل آنها یک رابطه خطی-انحنایی^۱ معنی داری وجود خواهد داشت. بر این اساس چندین روش آماری برای ردیابی ژنهای عمده پایه گذاری شده است. از آن جمله می توان به روشهای مبتنی بر آزمون نرمال بودن داده ها (به عبارت صحیح باقیمانده ها)، همگنی واریانس داخل خانواده ها (آزمون بارتلت^۲ و آزمون لون^۳) و رابطه خطی- انحنایی بین میانگین و واریانس داخل خانواده ها (آزمون فین^۴) و آزمون برازش توزیع های مختلط و مقایسه آن با توزیع های ساده تر (آزمون مختلط^۵) اشاره نمود. لروی و السن (۱۹۹۴) نشان دادند که توانمندترین آزمونها برای نشان دادن ژنهای عمده، آزمونهای بارتلت و فین می باشند. همینطور اویماری و همکاران (۱۹۹۶) با استفاده از شبیه سازی کامپیوتری ثابت کردند که آزمون مختلط توانمندترین آزمون برای داده های جمع آوری شده در حیوانات مزرعه ای با ساختار آشیانه ای می باشد.

^۶Egg number

^۷Egg weight

^۸Body weight

^۹Age at first egg laying

^{۱۰}Box-plot

^۱Curvilinear

^۲Bartlett

^۳Levene

^۴Fain

^۵Mixture test

ب: روش آزمون همگنی واریانس

یکی از اثرات تفرق ژن عمده برای یک صفت این است که بسته به ژنوتیپ والدین در آن ژنگاه، آلهامی توانند باعث عدم همگنی پراکندگی در داخل خانواده های تنی یا ناتنی بشوند. در مورد مرغان بومی با توجه به سیستم آمیزش اعمال شده که در آن هر خروس در گله ای مجزا با تعدادی مرغ آمیزش نموده و تعداد نتاج برای خروسها زیاد بود، خانواده های ناتنی پدری مد نظر قرار گرفتند. در تحقیق حاضر حداقل تعداد نتاج برای خانواده های ناتنی پدری ۱۰ قطعه در نظر گرفته شد.

برای آزمون همگنی واریانسها در داخل خروسها از آزمونهای بارتلت و لون استفاده شد. در آزمون بارتلت از آماره زیر استفاده گردید (اویماری و همکاران ۱۹۹۶ و کاراکا ۲۰۰۵ الف):

$$\frac{\left(\sum_{i=1}^k df_i\right) \log\left(\sum_{i=1}^k df_i s_i^2 / \sum_{i=1}^k df_i\right) - \sum_{i=1}^k df_i \log(s_i^2)}{1 + \left(\sum_{i=1}^k \left(\frac{1}{df_i}\right) - 1 / \sum_{i=1}^k df_i\right) / 3(k-1)}$$

در آماره فوق s_i^2 برابر با واریانس نمونه ای برای i امین خانواده ناتنی پدری بوده و df_i درجه آزادی (n_i-1) برای خانواده i ام می باشد. n_i تعداد افراد در خانواده i ام و k نیز برابر با تعداد خانواده ها می باشد.

آزمون لون که به عنوان یک آزمون استاندارد برای همگنی واریانس بکار می رود بر اساس تجزیه واریانس متغیرهای پراکندگی با نام Z_{ij}^1 که به صورت توان دوم تفاوت هر کدام از مشاهدات از میانگین گروه خودش تعریف شده، یعنی،

$$Z_{ij}^1 = (y_{ij} - \bar{y}_i)$$

پایه گذاری شده است (کمال ۲۰۰۵). در رابطه فوق y_{ij} برابر با عملکرد i امین نتاج از i امین خانواده ناتنی بوده

حذف و سپس از تبدیلهای آماری استفاده شد. از نرم افزارهای Excel، محیط برنامه نویسی VBA و SAS (۲۰۰۳) برای ویرایش، آماده سازی و تجزیه و تحلیل آماری داده ها استفاده شد. در تحقیق حاضر به منظور ردیابی ژنهای عمده از چهار روش به شرح ذیل استفاده شده است.

الف: روش آزمون نرمال بودن توزیع صفات

همان طوریکه قبلا بیان گردید در صورت تفرق ژن عمده تاثیر گذار بر صفات در یک جمعیت، انتظار می رود توزیع صفات مورد نظر از توزیع نرمال انحراف داشته باشد. بنابر این برای انجام این آزمون پس از حذف مقادیر دور افتاده، با استفاده از مدل آماری زیر (برای صفات رکورد برداری شده بر روی مرغها):

$$y_{ijk} = \mu + G_i + H_j(G_i) + e_{ijk}$$

که در آن y_{ijk} نشان دهنده مشاهده مربوط به صفت، μ میانگین کل جمعیت برای آن صفت، G_i اثر نسل i ام، $H_j(G_i)$ اثر نوبت جوجه کشی j ام آشیانه شده در نسل i ام و e_{ijk} اثر باقیمانده می باشد، مشاهدات برای اثرات ثابت تصحیح شده و باقیمانده ها تحت آزمون نرمال بودن قرار گرفتند. با توجه به تعداد داده ها از آماره کولموگروف-اسمیرنوف^۱ برای آزمون نرمال بودن داده ها استفاده شد (SAS نسخه ۹). برای اینکه تاثیر عواملی به غیر از عامل ژن عمده بر روی رکورد صفات تصحیح شود، تبدیل باکس-کاکس^۲ نیز بر روی داده ها صورت گرفت. سپس باقیمانده های داده های تبدیل شده نیز تحت آزمون قرار گرفتند. لازم به ذکر است که در مورد صفت وزن بدن، اثر جنسیت و اثر متقابل آن با نسل و نوبت جوجه کشی و در مورد صفت تعداد تخم مرغ، اثر کوواریت تعداد روزهای تخم گذاری، به لیست اثرات ثابت موجود در مدل فوق اضافه گردید.

^۱Kolmogorov-Smirnov

^۲Box-Cox

مختلط شناخته می‌شود (هوشله ۱۹۸۸ و اویماری و همکاران ۱۹۹۶). در این آزمون با در نظر گرفتن فرض های وجود ژن عمده و فرض مقابل (یعنی عدم وجود ژن عمده)، تابع درستنمایی براساس این فرضیه ها و برای رکوردهای تصحیح شده صفات، تشکیل شده و با حداکثر سازی آنها با الگوریتم E.M.^۱ و با استفاده از آزمون نسبت درستنمایی (یا شاخص BIC^۲ که همان درستنمایی تصحیح شده برای تعداد پارامترها می باشد) و توزیع X^2 ، آزمون های معنی داری صورت می گیرد. برای مثال با فرض وجود یک ژن عمده برای صفت مورد نظر و در نظر گرفتن یک توزیع مختلط مرکب از سه توزیع نرمال، لگاریتم تابع درستنمایی به شکل زیر خواهد بود:

$$\log L(y) = \sum_{i=1}^N \log \left\{ \sum_{j=1}^3 (k_j f(y_i - m_j, s^2)) \right\}$$

در تحقیق حاضر برای اعمال این آزمون برای صفات اقتصادی مرغان بومی از نرم افزار MIXMOD تحت زبان MATLAB (نسخه ۷/۰۵) استفاده شد. در این روش برای صفات مورد نظر با در نظر گرفتن توزیع هایی بصورت توزیع نرمال منفرد، توزیع مختلط با دو توزیع نرمال و توزیع مختلط با سه توزیع نرمال، تجزیه کلاستر انجام شده و آزمونهای معنی داری با استفاده از آماره BIC صورت گرفت. سپس بهترین توزیع با کمترین شاخص BIC برای داده ها برآزش شد (بیارناکی و همکاران ۲۰۰۶).

نتایج و بحث

آماره های توصیفی برای صفات رکورد برداری شده در مراکز مرغ بومی استانهای مازندران و آذربایجان غربی (به غیر از صفت تعداد تخم مرغ تولیدی که بخاطر تفاوت مرغها از نظر تعداد روزهای تخم گذاری آورده نشده است) در جدول شماره یک

و \bar{y}_i نیز برابر با میانگین خانواده نانتی پدری i ام می باشد.

ج: روش آزمون فین

در صورت وجود ژن عمده، خانواده هایی که در آنها ژن عمده در حال تفرق می باشد (به عبارتی خانواده هایی که هر دو والد یا یکی از والدین هتروزیگوت است در مقایسه با خانواده هایی که هر دو والد هموزیگوت می باشد، یعنی $(AA * AA / * aa)$ دارای میانگین (تنها در مقایسه با والدین با ژنوتیپ هموزیگوت برای آل کم ارزش) و واریانس بزرگتری خواهند بود. در حالی که در خانواده های گروه دوم میانگین عملکرد فرزندان بزرگ خواهد بود (در جهت مثبت یا منفی) ولیکن واریانس آنها کمتر می باشد. بر این اساس با تفرق ژن عمده، مابین میانگین خانواده ها (μ) و واریانس آنها (V) یک رابطه خطی - انحنایی به شکل زیر می توان برقرار نمود.

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

در این رابطه V نشاندهنده واریانس داخل خانواده های نانتی پدری بوده و μ نیز برابر با میانگین خانواده ها می باشد. بنابراین معنی داری ضرایب این رابطه می تواند نشاندهنده وجود ژن عمده برای صفت مورد نظر باشد. این آزمون به آزمون فین معروف است (لروی و السن ۱۹۹۲ و آرژنته و همکاران ۲۰۰۳).

د: روش آزمون مختلط

با توجه به اینکه ژنوتیپهای مختلف برای ژنگاه ژن عمده دارای میانگینهای مختلفی می باشند، در این صورت انتظار می رود رکوردهای تصحیح شده برای آن صفت، به جای یک توزیع نرمال منفرد دارای توزیعی مختلط از توزیع های نرمال با نسبت های K_1 ، K_2 و K_3 باشد. بنابراین در این حالت می توان یک توزیع مختلط را برای داده ها برآزش نمود. این آزمون با نام آزمون

¹Expectation- Maximization

²Bayesian Information Criterion

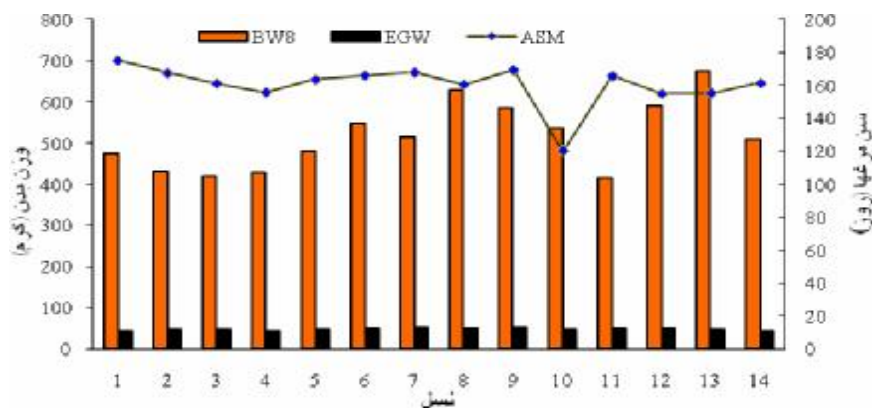
است. در مورد مرکز اصلاح نژادی مازندران در طی ۱۴ نسل پیشرفت نسبتاً خوبی برای صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی صورت گرفته است. ولیکن برای صفت وزن تخم مرغ این پیشرفت تا نسلهای ۸ و ۹ بوده و بعد از آن کاهش یافته است. اما در مورد آذربایجان غربی تنها در مورد صفت وزن بدن پیشرفت نسبتاً خوبی مشاهده می گردد ولیکن در مورد صفت سن بلوغ جنسی و وزن تخم مرغ پیشرفتی وجود نداشته و حتی در مورد صفت اول میانگین این صفت افزایش یافته است که شاید بتوان علت آن را همبستگی ژنتیکی منفی بین صفات رشد و تولید مثل بیان نمود. باید اضافه نمود که در مورد مرکز آذربایجان غربی همانند مرکز مازندران از ابتدا همه صفات رکورد برداری نشده اند و مثلاً صفت سن بلوغ جنسی فقط از نسل ۴ به بعد و وزن تخم مرغ هم از نسل دوم به بعد رکورد برداری شده است.

درج شده است. همانطوریکه از این جدول مشخص است وزن بدن در دو ایستگاه در سنین متفاوت اندازه گیری شده است. در هر دو مرکز اصلاح نژادی میزان پراکنندگی برای صفت وزن بدن در مقایسه با سایر صفات بیشترین می باشد.

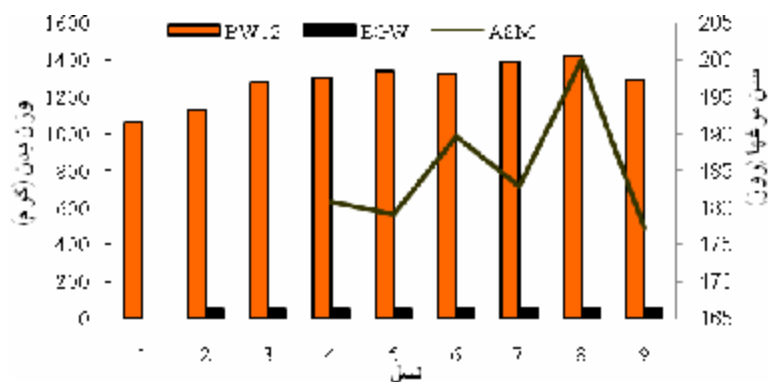
نکته قابل توجه این است که مرغان بومی آذربایجان غربی در مقایسه با مرغان استان مازندران با داشتن سن بلوغ جنسی بالاتر (۱۸۴/۷۷ روز در مقایسه با ۱۵۹/۹۴ روز) و همینطور وزن تخم مرغ بالاتر (۵۱/۰۵ گرم در مقایسه با ۴۷/۲۰ گرم) و شاید وزن بدن بالاتر، بیشتر خصوصیات مرغان گوشتی را دارا می باشند. لازم به ذکر است که اطلاعات موجود در این جدول همانطوریکه از شکل‌های ۱ و ۲ مشخص است به ترتیب از داده های ۱۴ و ۹ نسل در مراکز اصلاح نژادی مازندران و آذربایجان غربی بدست آمده

جدول 1- آماره های توصیفی برای صفات اقتصادی مرغان بومی استانهای مازندران و آذربایجان غربی

استان	صفت	تعداد رکورد	میانگین	ضریب تغییرات %	بیشترین	کمترین
مازندران	وزن بدن 8 هفتگی خروسها (گرم)	9550	635,62	23,65	1300	210
	وزن بدن 8 هفتگی مرغها (گرم)	39015	498,56	20,53	1020	120
	سن در اولین تخمگذاری (روز)	35603	159,94	11,75	235	90
	وزن تخم مرغ (گرم)	35603	47,20	9,13	67,8	27,7
آذربایجان غربی	وزن بدن 12 هفتگی خروسها (گرم)	9471	1521,76	12,37	2300	780
	وزن بدن 12 هفتگی مرغها (گرم)	15407	1211,11	12,07	1900	680
	سن در اولین تخمگذاری (روز)	6670	184,77	10,05	244	133
	وزن تخم مرغ (گرم)	8283	51,05	7,82	67,9	36



شکل ۱- مقادیر میانگین فنوتیپی برای صفات مختلف اقتصادی در نسلهای متوالی برای مرکز اصلاح نژاد مرغان بومی مازندران



شکل ۲- مقادیر میانگین فنوتیپی برای صفات اقتصادی مختلف در نسلهای متوالی برای مرکز اصلاح نژاد مرغان بومی آذربایجان غربی

تبدیل، مقدار یکسانی می باشد و این بدین علت است که برای این صفت مقدار لامبدا (λ) یعنی پارامتر تبدیل باکس-کاکس با روش حداکثر درستنمایی برابر با مقدار ۱ بدست آمد و این نشان دهنده عدم نیاز به تبدیل باکس-کاکس برای این صفت بود. محققین زیادی (اویماری و همکاران ۱۹۹۶؛ ۱۹۹۷ و ماکی و همکاران ۲۰۰۴) توصیه نموده اند که برای کاهش خطای نوع اول (I) و عدم گزارش ژن عمده کاذب از تبدیل باکس-کاکس استفاده شود. معنی داری آماره آزمون نرمالیته کولموگروف-اسمیرنوف برای اکثر صفات اقتصادی می تواند علائم اولیه وجود ژن عمده برای این صفات باشد. چراکه وجود ژن عمده برای یک صفت منجر به این می شود که، با توجه به میانگین فنوتیپی مختلف

با بکار بردن آزمونهای نرمال بودن داده ها برای باقیمانده های حاصل از مدل آماری برای صفات، آماره های هر چهار آزمون نرمالیته در سطح یک درصد معنی دار بود. حتی پس از تبدیل باکس-کاکس بر روی رکوردهای تصحیح شده صفات هم، آماره ها در همان سطح معنی دار بودند. در جدول شماره ۲ تنها آماره کولموگروف-اسمیرنوف آورده شده است. ولیکن در اکثر موارد نتایج سه آزمون دیگر با این آزمون یکی بود. همانطوریکه از جدول فوق مشخص است برای اکثر صفات پس از تبدیل باکس-کاکس آماره مورد نظر کوچکتر شده است ولیکن هنوز در سطح ۱ درصد معنی دار می باشد. در جدول شماره ۲ برای صفت EGN مرغان بومی استان مازندران آماره آزمون قبل و بعد از

برای ژنوتیپهای متفاوت آن ژن، توزیع داده ها از حالت نرمال خارج شده و بصورت ترکیبی از چند توزیع نرمال درآید و برای پیدا کردن توزیع های انفرادی می

بایست از روشهای کاملتر و توانمند تر، همانند آزمون مختلط که در بخشهای بعدی آورده شده است، استفاده نمود.

جدول 2- آماره کولموگروف-اسمیرنوف برای آزمون نرمال بودن باقیمانده صفات قبل و بعد از تبدیل باکس-کاکس

مازندران		آذربایجان غربی		صفت
بعد از تبدیل باکس-کاکس	قبل از تبدیل باکس-کاکس	بعد از تبدیل باکس-کاکس	قبل از تبدیل باکس-کاکس	
0.037	0.044	0.021	0.045	ASM
0.031	0.042	0.020	0.031	BW
0.035	0.042	0.026	0.035	EGW
0.069	0.069	0.056	0.046	EGN

صفات انتظار می رود واریانس در داخل خانواده های ناتنی خروسها با همدیگر همگون باشد. اما با تفرق ژن (های) عمده، بسته به ژنوتیپ والدین، واریانس داخل خانواده ها با همدیگر متفاوت خواهند بود. مثلاً در خانواده هایی که هر دو والد برای ژنگاه ژن عمده هموزیگوت باشند واریانس فنوتیپی برای صفات مورد نظر نتایج آنها کمتر از واریانس فنوتیپی نتایج خانواده هایی خواهند بود که یکی یا هر دو والدین برای ژنگاه ژن عمده هتروزیگوت می باشند.

در جدول شماره ۳ نتایج مربوط به آزمون همگنی واریانس بارتلت برای خانواده های ناتنی پدری گزارش شده است. به دلیل شباهت نتایج آزمون لون با آزمون بارتلت تنها نتایج آزمون دوم گزارش شده است. همانطوریکه از این جدول مشخص است برای اکثر صفات واریانس داخل خانواده ای خروسها در سطح ۱ درصد با هم دیگر تفاوت معنی دار داشته و این می تواند در اثر تفرق ژن یا ژنهای عمده تاثیر گذار بر روی این صفات باشد. چراکه بدون وجود ژن عمده برای این

جدول 3- نتایج آزمون همگنی واریانس بارتلت در خانواده های ناتنی پدری دو مرکز

مازندران		آذربایجان غربی		استان
تعداد خانواده های ناتنی پدری	مقدار χ^2	تعداد خانواده های ناتنی پدری	مقدار χ^2	صفت
1064	4358,0	444	639,2	ASM
1062	6646,2	577	1877,0	BW
1079	5700,3	369	680,8	EGW
۱۰۵۹	۳۶۹۵,۵	۳۰۰	۶۶۸,۵	EGN
1059	3695,5	300	668,5	EGN

که مولفه واریانس ژنتیکی برای تمام افراد یکسان است ولیکن با وجود ژن عمده، استفاده از این معادلات می

لازم به ذکر است که یکی از فرضیاتی که در روش BLUP و معادلات مختلط هندرسون می شود، این است

خانواده‌ها و میانگین آنها بسیار معنی دار ($P < 0.01$) است. تنها برای صفات سن بلوغ جنسی مرغها و تعداد تخم مرغ تولیدی در مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی آذربایجان غربی، رابطه درجه دوم معنی دار نمی باشد. با توجه به اهمیت رابطه درجه دوم بین واریانس و میانگین خانواده‌ها در آزمون فین، به نظر می رسد که برای صفات فوق الذکر در مرکز آذربایجان غربی فرض صفر مورد قبول واقع شده و این داده‌ها وجود ژن عمده را تایید نمی نمایند. لازم به ذکر است که برای صفت وزن بدن در هر دو مرکز اصلاح نژادی مقادیر ضرایب خطی و عرض از مبدا در مقایسه با صفات دیگر بزرگتر بدست آمده است که با توجه به جدول شماره ۱ و در نظر گرفتن میانگین و ضریب تغییرات این صفت این امر امکان پذیر است. با استفاده از نتایج این روش و در نظر گرفتن اینکه با تایید تفرق ژن عمده برای صفات مورد نظر، خانواده‌هایی که در آنها ژن عمده در حال تفرق است دارای میانگینهای متوسط و واریانسهای بزرگ بوده و برعکس خانواده‌های والدین دارای ژنوتیپ هموزیگوت دارای میانگینهای بزرگ (مثبت یا منفی) و واریانسهای کوچک می باشند، با مرتب کردن خانواده‌ها برای این دو پارامتر، میتوان با انتخاب مابین خانواده‌ها توان آزمون آماری در مطالعات مولکولی را بالا برد.

بایست با احتیاط صورت گیرد و به نظر می رسد تئوری توارث مختلط یا تئوریهای دیگر بهتر جوابگو باشند. در موقعی که تعداد نتاج برای خروسها ۵۰ قطعه در نظر گرفته شد نتایج مشابهی بدست آمد. با توجه به این نتایج می توان خانواده‌های ناتنی پدری را بر اساس میزان واریانس در داخل آنها مرتب نموده و احتمالات تقریبی نسبی را برای هتروزیگوت بودن والدین برای ژنهای عمده محاسبه نمود. با در نظر گرفتن اینکه با این روش جایگاه ژن عمده و میزان اثر آن مشخص نمی شود و همینطور یکی از عوامل تاثیر گذار بر توان آماری در آزمایشات ردیابی QTL ها با روشهای مولکولی، هتروزیگوت بودن پدران و مادران می باشد، بدین طریق می توان در انتخاب خروسها از احتمالات نسبی برای هتروزیگوت بودن استفاده نمود. در مراحل بعدی می توان، ژنهای عمده تاثیر گذار بر این صفات اقتصادی را، با استفاده از پدرانی که احتمال هتروزیگوت بودن آنها بیشتر است در قالب طرحهای ناتنی پدری یا تنی - ناتنی، با هزینه کمتر و دقت بیشتر پیگیری و مکان و میزان اثر آنها را برآورد نمود.

نتایج آزمون فین به عنوان دومین آزمون توانمند برای نشان دادن ژنهای عمده در جدول شماره ۴ آورده شده است. همانطوریکه از این جدول مشخص است برای اکثر صفات رابطه خطی - انحنایی مابین واریانس داخل

جدول ۴- ضرایب رگرسیون آزمون فین برای صفات مختلف اقتصادی در استانهای مختلف

ضریب	عرض از مبدا		رگرسیون خطی		رگرسیون درجه دوم	
	آذربایجان غربی	مازندران	آذربایجان غربی	مازندران	آذربایجان غربی	مازندران
ASM	244.6**	157/0**	5.5**	1.60**	0.1 ^{ns}	0.3**
BW	529859.22**	4718.5**	1065.2**	17.5**	0.6**	0.6**
EGW	10.4**	12.1**	0.8**	0.9**	.3**	0.2*
EGN	90.4**	143.8**	6.5**	-2.7*	0.1 ^{ns}	1.3*

ns: غیر معنی دار * : معنی دار در سطح 5 درصد ** : معنی دار در سطح 1 درصد

یافته های اویماری و همکاران (۱۹۹۶) توانمندترین آزمون در میان روشهای آماری، به غیر از آنالیز تفرق، برای نشان دادن ژنهای عمده در جمعیتهای دامی، روش آزمون مختلط می باشد بنابراین به نظر می رسد نتایج این روش برای صفات فوق الذکر قابل اعتماد تر باشد. ولیکن بر اساس یافته این محققین این روش علیرغم توانمند بودن، نسبت به اثرات عوامل غیر ژنتیکی دیگری که می توانند منجر به چاولگی و ایجاد توزیع مختلط برای داده ها شوند، حساس است. از طرف دیگر از عوامل مهم دیگری که می توانند بر روی نتایج کلیه این روشها تاثیر بگذارند تعداد خانواده ها و میزان بزرگی خانواده ها می باشد که خوشبختانه در مورد دادهای این دو مرکز این شرایط وجود نداشت. چراکه اولاً با استفاده از روشهای آماری مناسب همانند حذف دادهای پرت، که تعداد آنها نیز در هر دو ایستگاه زیاد بود و همینطور انجام تبدیل داده ها، شرایط تا آنجایی که امکان داشت بهینه سازی شد و حجم داده ها نیز از نظر تعداد خانواده ها و همینطور تعداد نتاج در خانواده های ناتنی پدری، نسبتاً زیاد بود. بطوریکه به عنوان مثال در مورد مرکز اصلاح نژادی مازندران تعداد خانواده های ناتنی و تعداد نتاج آنها به ترتیب بطور متوسط بیش از ۵۰۰ و ۲۰ بود. درمورد مرکز آذربایجان غربی نیز علی رغم اینکه تعداد در مقایسه با مرکز مازندران کمتر بود ولیکن هنوز برای تحقیق حاضر مناسب بود.

نتایج آزمون مختلط برای صفات اقتصادی رکوربرداری شده در مراکز اصلاح نژادی در جدول شماره ۵ نمایش داده شده است. یکی از اثرات تفرق ژن عمده برای صفات اقتصادی این است که بسته به تعداد آللهای این ژنگاه، توزیع صفات (که برای اثرات دیگر تصحیح شده اند) بجای یک توزیع نرمال ترکیبی از دو یا چند توزیع نرمال خواهد بود. در مورد چهار صفت اقتصادی، در هر دو ایستگاه، آماره BIC برای توزیع های مختلطی با بیش از یک توزیع نرمال کمترین مقدار بود و این بطور کلی نشاندهنده تفرق ژن یا ژنهای عمده برای صفات مورد نظر است که این با نتایج روشهای قبلی کاملاً تطابق دارد. نکته قابل توجه این است که در این جدول میانگین صفات از سمت چپ به راست افزایش پیدا می کند و برای اکثر صفات توزیع کلی مرکب از دو توزیع نرمال با نسبتهای موجود در ستون آخر می باشد. علاوه بر این یک رابطه کلی نسبتاً معکوس بین این نسبت ها از نظر میانگین برای صفات با همبستگی ژنتیکی منفی، مثلاً وزن بدن و صفات تولید تخم مرغ یا تعداد تخم مرغ و وزن تخم مرغ وجود دارد و شاید این به نوعی بیان کننده همبستگی ژنتیکی منفی برای این صفات باشد. برای برخی از صفات همانند وزن بدن و وزن تخم مرغ در مرکز اصلاح نژاد مازندران مقدار BIC برای توزیع مرکب با سه توزیع نرمال کمترین بود، اگرچه در مورد این صفات نیز میزان این شاخص بسیار نزدیک به توزیع مختلط با دو توزیع نرمال بود. با توجه به اینکه بر اساس

جدول ۵- نتایج آزمون مختلط برای صفات اقتصادی مختلف در دو مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی

استان	صفت	تعداد رکورد	حد اقل BIC	تعداد توزیعها	نسبتها
مازندران	ASM	35771	286515	3	0.45 0.55 0.00
	BW	35665	194184	3	0.42 0.45 0.13
	EGW	49157	569233	3	0.43 0.20 0.37
آذربایجان غربی	EGN	36087	284597	2	0.34 0.66 0.00
	ASM	6607	55199	2	0.53 0.47 0.00
	BW	24878	311366	2	0.52 0.48 0.00
	EGW	8283	43777	2	0.8 0.2 0.00
	EGN	6530	47619	2	0.12 0.88 0.00

نتیجه گیری

با این روشها امکان پذیر نمی باشد و از طرف دیگر احتمال نتایج مثبت اشتباه بالاست لذا به نظر می رسد می توان با استفاده از روشهای آماری توانمندتر، همانند آنالیز تفرق بیزی، توام با آنالیزهای مبتنی بر اطلاعات مولکولی، این ژنها را بطور دقیقتری ردیابی کرد.

با توجه به نتایج اکثر آزمونهای آماری برای ردیابی ژنهای عمده، مبنی بر تفرق ژنهای عمده تاثیر گذار بر صفات مهم اقتصادی مرغان بومی در این تحقیق احتمال وجود چنین ژنهایی در این جمعیتها بالاست. لیکن از آنجایی که تعیین مکان و میزان تاثیر این ژنهای عمده

منابع مورد استفاده

- نجاتی جوارمی ا، کیائی منش ح ر و کمالی م ع، ۱۳۸۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی ایران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان. موسسه تحقیقات علوم دامی. کرج. صفحه های ۲۸۲-۲۷۵.
- Argente MJ, Blasco A, Ortega JA, Haley CS and Visscher PM, 2003. Analyses for the presence of a major gene affecting uterine capacity in unilaterally ovariectomized rabbits. *Genetics* 163: 1061-1068.
- Biernacki C, Celeux G, Govaert, G and Langrognet F, 2006. Model-based cluster and discriminant analysis with the MIXMOD software. *Computational Statistics & Data Analysis* 51: 587-600.
- Cemal I and Karaca O, 2005a. Power of some statistical tests for detection of major genes in quantitative traits: I. Tests of variance homogeneity. *Hayvan Üretim* 46: 40-46.
- Cemal I and Karaca O, 2005b. Power of some statistical tests for detection of major genes in quantitative traits: II. Tests of normality. *Hayvan Üretim* 46: 47-56.
- Falconer DS and Mackay TFC, 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed, Longman. UK.
- Goddard ME, 2001. The validity of genetic models underlying quantitative traits. *Livestock Production Science* 72: 117-127.
- Hill WH and Knott S, 1990. Identification of major gene with large effects. pp. 447-494 in *advances in statistical methods for genetic improvement of livestock*, edited by D. Gianola and K. Hammond. Springer- verlag. Berlin.
- Hoeschele I, 1988. Statistical techniques for detection of major genes in animal breeding. *Theoretical Applied Genetics* 76: 311-319.
- Leroy P and Elsen JM, 1992. Simple test statistics for major gene detection: A numerical comparison. *Theoretical Applied Genetics* 83: 635-644.

Mäki K, Janss LLG, Groen AF, Liinama AE and Ojala M, 2004. An indication of major genes affecting hip and elbow dysplasia in four Finush dog populations. *Heredity* 92: 402-408.

SAS institute, 2003. *SAS/STAT Users Guide* (ver 9). SAS Institute, Inc., Cary, NC.

Sax K, 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics* 8: 522-560.

Uimari P, Kennedy BW and Dekkers JCM, 1996. Power and sensitivity of some simple tests for detection of major genes in outbred population. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 113: 17-28.

Uimari P, Kemp SJ, Dekkers JCM, Teale AJ and Kennedy BW, 1997. Sensitivity of segregation analysis to data structure and transformation: A case study of tripanotolerance in mice. *Heredity* 78: 424-432.