

## بررسی ژنتیکی برخی از صفات تولیدی مرغان بومی استان فارس با استفاده از روش‌های آماری

پروانه دیمی غیاث آبادی<sup>۱\*</sup> و صادق علیجانی<sup>۲</sup>

تاریخ دریافت: ۸/۸/۸۹

تاریخ پذیرش: ۳۰/۷/۹۰

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

۲- استادیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

\*مسئول مکاتبه: E-mail: p.deimi2009@gmail.com

### چکیده

در این تحقیق از رکوردهای مربوط به عملکرد مرغان بومی فارس که توسط مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی این استان و در طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۱ ثبت شده بود، استفاده شد. تفرق ژنهای عمده برای چهار صفت دارای اهمیت اقتصادی شامل سن بلوغ جنسی مرغان، وزن تخم‌مرغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن بدن آزمون شد. برای آزمون تفرق چهار روش مختلف آماری شامل آزمون نرمالیت، آزمون فین، آزمون همگنی واریانس درون خانواده‌ها (بارتلت و لون) و شاخص ژن عمده، بکار برده شد. در ابتدا برای تخمین پارامترهای ژنتیکی از مدل حیوانی تک متغیره و روش *REML* استفاده شد. بنابراین وراثت‌پذیری و ارزش‌های اصلاحی برای تمام حیوانات محاسبه گردید. در مرحله دوم روش ارزیابی ژنتیکی چند صفتی برای چهار صفت اقتصادی مورد استفاده قرار گرفت و پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی محاسبه شد. برای محاسبه شاخص ژن عمده از برآوردهای *BLUP* استفاده شد. ابتدا در یک ارزیابی ژنتیکی تک صفتی با روش *REML* وراثت‌پذیری صفات محاسبه و سپس با استفاده از ارزش‌های اصلاحی پیش بینی شده (برای نتاج و والدین) شاخص‌های ژن عمده برای صفات مختلف محاسبه گردید. نتایج حاصل از روش شاخص ژن عمده نشان داد که هیچ ژن عمده در حال تفرق برای صفات مورد نظر در این جمعیت وجود ندارد. میزان وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن بدن در مدل تک متغیره به ترتیب  $0.14 \pm 0.03$ ،  $0.14 \pm 0.06$ ،  $0.14 \pm 0.05$  و  $0.16 \pm 0.05$  بود. میزان وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن بدن در مدل چند متغیره به ترتیب  $0.14 \pm 0.05$ ،  $0.13 \pm 0.06$ ،  $0.14 \pm 0.03$  و  $0.14 \pm 0.05$  بود. نتیجه گیری می‌شود اگرچه روش‌های آماری مختلف از روش‌های اولیه شناخت ژنهای عمده می‌باشد، لیکن این روش‌ها دقت لازم را نداشته و بهتر است از روش‌های دقیق‌تر استفاده شود.

واژه‌های کلیدی: بهترین پیش بینی نااریب خطی، روش‌های مختلف آماری، ژن عمده، مرغان بومی فارس

## Genetic Dissection of Some Production Traits of Fars Province Native Chickens Using Statistical Methods

P Deimi<sup>1\*</sup> and S Alijani<sup>2</sup>

Received: 18 November, 2010 Accepted: 22 December, 2011

<sup>1</sup>M Sc Student, Department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran

<sup>2</sup>Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran

\*Corresponding author: Email: p.deimi2009@gmail.com

### Abstract

In this research performance records of the Fars province native chickens that were recorded in breeding station during 1988 to 2002 were used. Segregation of major genes for four economically important traits including sexual maturity, egg weight, egg number and body weight were tested. For segregation testing different statistical methods including normality test, Fain test, variance homogeneity test within families (Bartlett and Leven test) and major gene index test were applied. In first step for estimation of genetic parameters a single trait animal model genetic evaluation using REML method was used. Therefore, heritability of traits and breeding values of all animal's were calculated. In the second step a multiple trait genetic evaluation method for four studied traits were used and multiple traits genetic and phenotype parameters were estimated. Then by predicted BLUP breeding values of all animals (offspring and parents), major gene indices for all of traits were calculated. In conclusion, based on appropriate criteria, segregation of major genes for above mentioned traits in this population were not verified. Heritability values that were calculated with univariate model for sexual maturity, egg weight, egg number and body weight traits were  $0.53 \pm 0.014$ ,  $0.63 \pm 0.014$ ,  $0.33 \pm 0.014$  and  $0.53 \pm 0.016$ , respectively. Their multiple traits estimations were  $0.51 \pm 0.014$ ,  $0.64 \pm 0.013$ ,  $0.33 \pm 0.014$  and  $0.54 \pm 0.014$ , respectively. It was concluded although different statistical methods are initial recognition methods of major genes, but these methods did not show high precise and it is better to use another precise methods.

**Key Words:** Best Linear Unbiased Predictor, Fars Province Native Chicken Major Genes, statistical different method.

این تکنیک‌ها نیاز به هزینه زیادی دارد، بنابراین باید قبل از بکاربردن تکنیک‌های مولکولی از روش‌های آماری برای شناسایی اولیه آنها استفاده کرد. خوشبختانه متخصصین ژنتیک و آمار برای ردیابی ژنهای عمده بدون داشتن اطلاعات نشانگری و صرف هزینه برای تعیین ژنوتیپ حیوانات، روش‌های توانمندی را ابداع نموده‌اند. چنانچه یک ژن عمده در یک جمعیت در حال تفرق باشد، در آن صورت توزیع آن صفت می‌تواند از توزیع نرمال انحراف داشته باشد و از طرف دیگر در داخل خانواده‌های ناتنی، همگنی واریانس از بین خواهد رفت و همچنین بسته به ژنوتیپ والدین برای ژنگاه ژن

### مقدمه

پیشرفت ژنتیکی صفات کمی بر اساس این تئوری می‌باشد که این دسته از صفات تحت تأثیر تعداد زیادی ژن قرار گرفته که اثرات جزئی روی صفات مزبور دارند. تعدادی ژن با اثرات بزرگ بر روی بعضی از این صفات در سال‌های اخیر شناسایی شده‌اند. شناسایی ژنهای عمده<sup>۱</sup> اهمیت اقتصادی بزرگی برای برنامه‌های اصلاحی حیوانات دارد. با استفاده از تکنیک‌های مولکولی می‌توان این ژنها و جایگاه آنها را بر روی کروموزوم‌ها با دقت بیشتری تشخیص داد که کاربرد

<sup>1</sup>Major genes

بومی استان فارس با استفاده از روش‌های مختلف آماری و برآورد مؤلفه‌های ژنتیکی بود.

### مواد و روش‌ها

مرکز اصلاح نژاد و تکثیر مرغ بومی فارس در سال ۱۳۶۵ در محل شمس آباد در ۷۰ کیلومتری شمال شهرستان شیراز با هدف ترویج و اصلاح نژاد مرغ بومی آغاز به کار کرد. برای تشکیل جمعیت پایه به تعداد ۴۰۰۰ مرغ و خروس اقدام به جمع‌آوری تخم‌مرغ نطفه‌دار از نواحی گرمسیر، سردسیر و معتدل استان شد. برای دو سال (۱۳۶۷-۱۳۶۵)، داده‌برداری به صورت گله‌ای انجام شد و از سال ۱۳۶۷، گله مؤلد با تعداد ۲۳۶۶ قطعه مرغ و خروس تشکیل و داده‌برداری و ثبت آنها در سیستم قفس آغاز شد. در هر سال تعدادی مرغ و خروس براساس وزن بدن در ۱۲ هفتگی، تعداد تخم‌مرغ در سه ماهه اول تولید، سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم‌مرغ (هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲) به عنوان مؤلد نر و ماده انتخاب و داده‌برداری انفرادی و ثبت مشخصات شجره‌ای انجام شد. تعداد مرغ به خروس آمیزش به نسبت ۵ به ۱ بود و هر مرغ به صورت چرخشی در جایگاه مخصوص آمیزش با خروس قرار داده شده و سپس برای تخمگذاری به قفس منتقل شده است. داده‌برداری تخم‌مرغ به مدت سه ماه در قفس انفرادی انجام گرفته است. از سال ۱۳۷۷ به بعد، آمیزش با سیستم تصادفی ولی به روش تلقیح مصنوعی (با نسبت ۲۵ مرغ به ۱ خروس) انجام شده است. در این تحقیق داده‌های صفات وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، وزن تخم‌مرغ بین ۲۸ تا ۳۲ هفتگی، سن در اولین روز تخمگذاری و تعداد تخم‌مرغ تولید شده در سن ۱۲ هفتگی استفاده شد. داده‌ها مربوط به ۱۱ نسل بود که در طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۱ توسط مرکز اصلاح نژاد استان فارس جمع‌آوری شده بود. روش مورد استفاده در این تحقیق برای بررسی ژنهای عمده عبارت بودند از آزمونهای نرمالیه، آزمون فین، همگنی واریانس درون خانواده (شامل بارتلت و لون) و شاخص ژن عمده بود. برای این کار از شاخص ژن عمده فامولا بعد از محاسبه ارزش‌های اصلاحی (BV) برای صفات مختلف از مدل

عمده، مابین میانگین صفات برای خانواده‌ها و واریانس آنها رابطه خطی معنی‌داری وجود خواهد داشت. بر این اساس چندین روش آماری برای ردیابی ژنهای عمده پایه‌گذاری شده است. از آن جمله می‌توان به روش‌های مبتنی بر آزمون نرمال بودن داده‌ها (به عبارت صحیح باقیمانده‌ها)، همگنی واریانس داخل خانواده‌ها (آزمون بارتلت<sup>۲</sup> و لون<sup>۳</sup>) و رابطه خطی و انحنایی بین میانگین و واریانس داخل خانواده‌ها (آزمون فین<sup>۴</sup>) اشاره نمود. آرژنته و همکاران (۲۰۰۳) و لروی و السن (۱۹۹۲) نشان دادند که توانمندترین آزمونها برای نشان دادن ژنهای عمده، آزمون بارتلت و فین می‌باشد. در مطالعه‌ای، علیجانی و همکاران (۱۳۸۸) با استفاده از این روش‌ها نشان دادند که ژنهای عمده برای چهار صفت اقتصادی سن بلوغ جنسی مرغان، وزن تخم‌مرغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن بدن در مرغان آذربایجان غربی و مازندران وجود دارد. یک روش ساده برای تشخیص ژن عمده روش شاخص ژن عمده (MGI)<sup>۵</sup> می‌باشد. فرم کلی شاخص اولین بار برای فشار خون انسان محاسبه شد (کارلین و همکاران، ۱۹۷۹). MGI براساس انحراف ارزش اصلاحی هر فرزند از میانگین والدین و انحراف فرزند از هر کدام از والدین محاسبه شده است. برای اولین بار، این انحراف با استفاده از اندازه‌گیری مقادیرهای فنوتیپی تعریف شد (کارلین و همکاران، ۱۹۷۹). در سالهای بعد، فامولا (۱۹۸۶) شاخص را براساس ارزش‌های اصلاحی که با روش بهترین پیشگویی نالریب خطی اندازه‌گیری شد<sup>۶</sup> (BLUP) توضیح داد. اچپال و همکاران (۱۹۷۱) از شاخص ژن عمده برای ردیابی ژنهای عمده بر روی صفات راندمان تولید تخم‌مرغ (EP) و سن بلوغ جنسی (ASM) در لاین ردایلند استفاده کردند و به وجود ژن عمده برای این صفات پی‌بردند. هدف از این تحقیق، بررسی ژنهای عمده برای برخی از صفات مهم اقتصادی در مرغان

<sup>۱</sup>Bartlett

<sup>۲</sup>Levene

<sup>۳</sup>Fain

<sup>۴</sup>Major gene index

<sup>۵</sup>Best linear unbiased prediction

حالت تک متغیره ارزش‌های اصلاحی با استفاده از معادلات مختلط هندرسون از رابطه زیر بدست آمد:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

از نرم افزار DFREML برای برآورد ارزش‌های اصلاحی در این تحقیق استفاده شد.

### نرمالینه

در صورت تفرق ژن عمده تأثیرگذار بر صفات در یک جمعیت، انتظار می‌رود توزیع صفات مورد انتظار از توزیع نرمال انحراف داشته باشد. بنابراین برای انجام این آزمون پس از حذف مقادیر پرت، با استفاده از مدل آماری زیر برای صفات رکورد برداری شده بر روی مرغها تحت این آزمون قرار گرفتند:

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

که در آن  $Y_{ijk}$  نشان‌دهنده مشاهده مربوط به صفت،  $\mu$  میانگین کل جمعیت برای آن صفت،  $G_i$  اثر نسل‌آم است،  $H_j(G_i)$  اثر نوبت جوجه‌کشی  $j$ ام در نسل  $i$ ام و  $e_{ijk}$  اثر باقیمانده می‌باشد. مشاهدات برای اثرات ثابت تصحیح شده و باقیمانده‌ها تحت آزمون نرمال قرار گرفتند.

### آزمون همگنی واریانس در داخل خانواده

یکی از اثرات تفرق ژنهای عمده بر روی صفات این است که بسته به ژنوتیپ والدین در آن ژنگاه، آلل‌ها می‌توانند سبب ناهمگنی پراکندگی در داخل خانواده‌های تنی یا ناتنی پدري شوند. تعداد خانواده‌های ناتنی پدري در این تحقیق برای صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن بدن به ترتیب ۸۷۱، ۸۵۶، ۸۷۲ و ۸۳۰ بود. آزمون بارتلت و لون برای آزمون همگنی واریانس‌ها در داخل خروس‌ها استفاده شد. ابتدا با استفاده از مدل آماری زیر که برای صفت وزن بدن اثر جنسیت هم به آن اضافه شده بود رکورد ها برای تمامی اثرات سیستماتیک محیطی (مثل اثر جنسیت و غیره) تصحیح (با استفاده از مدل زیر) و سپس رکوردهای تصحیح شده یا همان باقی مانده‌ها

حیوان تک متغیره و چهار متغیره استفاده شد. با استفاده از این مدل ارزش‌های اصلاحی برای تمامی حیوانات محاسبه شد. شاخص ژن عمده به صورت زیر محاسبه شد.

$$MGI(K) = \frac{\sum_{i=1}^n [ |O_i - .5(S_i + Di)|^K ]}{\sum_{i=1}^n (|O_i - S_i|^{\frac{K}{2}} |O_i - D_i|^{\frac{K}{2}})}$$

در این رابطه  $O$ ،  $S$  و  $D$  به ترتیب ارزش‌های اصلاحی فرزندان و پدر و مادر می‌باشند که با روش BLUP هندرسون تخمین زده شده‌اند (هندرسون ۱۹۹۷). تعداد فرزندان پدر و مادر و  $k$  پارامتر شناخته شده است که می‌تواند مقادیر ثابت ۱/۵ و ۲ بگیرد (کارلین و همکاران، ۱۹۷۹). در ارزش‌های حاصل شده از معادلات مختلط هندرسون می‌توان فنوتیپ‌ها را تصحیح کرده و ارزش‌های اصلاحی یا BV را محاسبه نمود. لازم به ذکر است که برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی از تمامی اطلاعات موجود در فایل شجره و تمامی روابط خویشاوندی در یک مدل حیوانی استفاده شد. مدل مختلط حیوانی که در این تحقیق برای صفت وزن بدن مورد استفاده واقع شد، بصورت زیر بود، برای صفات سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ نیز همین مدل استفاده شد و لیکن اثر جنسیت از مدل حذف شد.

$$y_{ijkl} = \mu + G_i + H_j(G_i) + S_K + A_{ijkl} + e_{ijkl}$$

در این رابطه که  $Y_{ijkl}$  صفت مشاهده شده،  $\mu$  میانگین،  $G_i$  اثر ثابت نسل،  $H_j(G_i)$  اثر نوبت جوجه‌کشی در داخل نسل برای صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ می‌باشد که برای صفت وزن بدن اثر جنسیت  $S_K$  به اثرات ثابت اضافه شد.  $A_{ijkl}$  اثرات تصادفی و  $e_{ijkl}$  اشتباه یا باقیمانده‌ها است.

ابتدا با استفاده از روش REML مولفه‌های واریانس و کوواریانس برآورد و سپس از آنها در معادلات مختلط برای برآوردهای ارزش‌های اصلاحی استفاده شد. در

می‌باشد. بنابراین معنی‌داری ضرایب این رابطه می‌تواند نشان‌دهنده وجود ژن عمده برای صفت مورد نظر باشد. این آزمون به آزمون فین معروف است (علیجانی و همکاران ۱۳۸۸؛ آرژنته و همکارا، ۲۰۰۳ و لروی و السن ۱۹۹۲). برای انجام این آزمون ابتدا با استفاده از مدل آماری زیر که برای صفت وزن بدن اثر جنسیت هم به آن اضافه شده بود رکورد ها برای تمامی اثرات سیستماتیک محیطی (مثل اثر جنسیت و غیره) تصحیح و سپس رکوردهای تصحیح شده یا همان باقی مانده ها برای آزمونهای مثل همگنی واریانس در داخل خانواده های ناتنی پدري یا ديگر آزمونها مورد استفاده قرار گرفتند.

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

در این تحقیق از نرم افزار SAS و EXCEL برای ویرایش آماده‌سازی و تجزیه و تحلیل داده‌ها استفاده شد.

### نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی برای صفات رکوردبرداری شده در مرکز مرغان بومی استان فارس (به غیر از صفت تعداد تخم‌مرغ که به خاطر تفاوت مرغها از نظر تعداد روزهای تخم‌گذاری می‌باشد) آورده نشده است، در جدول ۱ درج شده است. همانطور که از این جدول مشاهده می‌شود، میزان پراکنندگی وزن بدن در مقایسه با سایر صفات بیشتر می‌باشد.

برای آزمونهای مثل همگنی واریانس در داخل خانواده های ناتنی پدري یا ديگر آزمونها مورد استفاده قرار گرفتند.

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

در آزمون بارتلت از آماره زیر استفاده گردید (علیجانی و همکاران ۱۳۸۸؛ نجاتی و همکاران، ۱۳۸۰ و اویماری و همکاران ۱۹۹۶):

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

در آماره فوق  $s_i$  برابر با واریانس نمونه‌ای برای  $i$ امین خانواده ناتنی پدري بوده و  $df_i$  درجه آزادی  $(n_i - 1)$  برای خانواده  $i$ ام می‌باشد. تعداد افراد در خانواده  $i$ ام و  $k$  نیز برابر با تعداد خانواده‌ها می‌باشد.

### آزمون فین

در صورت وجود ژن عمده، خانواده‌هایی که درون آنها ژن عمده در حال تفرق می‌باشد، به عبارتی خانواده‌هایی که هر دو والد یا یکی از آنها هتروزیگوت است در مقایسه با خانواده‌هایی که هر دو والد هموزیگوت می‌باشد یعنی  $aa * aa$  /  $AA * AA$  دارای میانگین (تنها در مقایسه والدین با ژنوتیپ هموزیگوت برای آلل کم ارزش) و واریانس بزرگتری خواهند بود. در حالی که در خانواده‌های گروه دوم میانگین عملکرد فرزندان بزرگ خواهد بود (در جهت مثبت یا منفی) و لیکن واریانس آنها کمتر می‌باشد. براین اساس با تفرق ژن عمده، ما بین میانگین (X) خانواده‌ها و واریانس آنها (V) یک رابطه خطی انحنایی به شکل زیر می‌توان برقرار نمود.

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

در این رابطه V نشان‌دهنده واریانس داخل خانواده‌های ناتنی پدري بوده و  $\mu$  نیز برابر با میانگین خانواده‌ها

جدول ۱- آماره‌های توصیفی صفات اقتصادی مرغان بومی استان فارس.

صفت	تعداد رکورد	میانگین	ضریب تغییرات %	بیشترین	کمترین
وزن بدن ۱۲ هفتگی خروسها (گرم)	۵۶۵۱	۱۰۸۶	۱۵/۹۶	۱۶۷۰	۳۶۰
وزن بدن ۱۲ هفتگی مرغها (گرم)	۲۳۰۴۸	۷۸۰/۱۴	۱۶/۶۴	۱۴۰۰	۳۰۰
وزن تخم‌مرغ (گرم)	۲۳۲۳۹	۴۳/۸۴	۶/۹۷	۵۸/۹۶	۳۰/۴
سن بلوغ جنسی (روز)	۲۳۸۱۵	۱۶۶/۶۴۸	۸/۳۲	۲۶۸	۸۸

تفرق ژن یا ژنهای عمده تلاثرگذار بر روی این صفات باشد، چرا که بدون وجود ژن عمده مؤثر بر روی این صفات انتظار داریم که واریانس درون خانواده‌های ناتنی پدری همگون باشد.

در جدول شماره ۲ نتایج مربوط به آزمون همگنی واریانس آمده است به دلیل شباهت نتایج آزمون لون با آزمون بارتلت تنها نتایج آزمون دوّم گزارش شده است. همانطور که از این جدول مشخص است، برای اکثر صفات واریانس درون خانواده‌های خروسها در سطح ۱٪ با همدیگر تفاوت معنی‌داری داشته و این می‌تواند در اثر

جدول ۲- نتایج آزمون همگنی واریانس (بارتلت) درون خانواده‌های ناتنی پدری مرغان بومی استان فارس.

صفت	مقدار $\chi^2$	تعداد خانواده‌های ناتنی پدری
وزن بدن ۱۲ هفتگی (گرم)	۵۶۱۵/۱**	۸۳۰
سن بلوغ جنسی (روز)	۳۵۵۳/۹**	۸۷۱
وزن تخم‌مرغ (گرم)	۱۲۶۹**	۸۵۶
تعداد تخم‌مرغ (روز)	۸۶۸۴/۹**	۸۷۲

\*\*معنی‌داری در سطح ۱٪

رابطه معنی‌دار دیده نمی‌شود و این داده‌ها ژن عمده را تأیید نمی‌کند. لازم به ذکر است که ضرایب خطی و عرض از مبدأ برای صفت وزن بدن در مقایسه با سایر صفات بیشتر می‌باشد.

نتایج آزمون فین به عنوان دومین آزمون توانمند در جدول شماره ۳ آمده است. همانطور که از این جدول مشخص است برای اکثر صفات رابطه خطی - انحنایی بین واریانس داخل خانواده‌ها و میانگین آنها بسیار معنی‌دار ( $P < 0.01$ ) است تنها برای صفت وزن تخم‌مرغ

جدول ۳- ضرایب رگرسیون آزمون فین برای صفات مختلف اقتصادی ایستگاه استان فارس.

صفت	عرض از مبدأ	رگرسیون خطی	رگرسیون درجه دوم
وزن بدن ۱۲ هفتگی (گرم)	۱۱۱۳۷/۲۲**	۲۷/۵۴**	۰/۳۹**
سن بلوغ جنسی (روز)	۱۵۰/۹۴**	۵/۶۴**	۰/۵۴**
وزن تخم‌مرغ (گرم)	۷/۸۴**	۰/۴۸**	-۰/۰۲۲ <sup>ns</sup>
تعداد تخم‌مرغ (روز)	۴۶/۷۵**	۰/۲۱ <sup>ns</sup>	۱/۰۰۲۴**

ns: غیر معنی‌دار \* : معنی‌داری در سطح ۵٪ \*\* : معنی‌داری در سطح ۱٪

۳- با افزایش K مقدار MGI نیز افزایش یابد. همانطور که از این جدول مشاهده می‌شود با توجه به معیارهای اشاره شده در بالا می‌توان نتیجه گرفت که با روش شاخص ژن عمده تفرق ژن عمده برای صفات تعداد تخم‌مرغ، سن بلوغ جنسی، وزن بدن و وزن تخم‌مرغ ژن مورد تأیید قرار نگرفت.

جدول ۴ میزان MGI محاسبه شده را برای صفات مهم اقتصادی مرغان بومی استان فارس توسط آنالیز تک متغیره و چهار متغیره نشان می‌دهد. لازم به ذکر است که برای تأیید تفرق ژن عمده از طریق شاخص ژن عمده، سه معیار به صورت زیر تعریف می‌شود.

۱- مقدار MGI بزرگتر از ۱ شود.

۲- اختلاف بین مقدار  $MGI(k)$  و  $MGI(k)'$  افزایش یابد. (یعنی با افزایش (k) اختلاف بین  $MGI(0.5)$  و  $MGI(1)$  و  $MGI(2)$  افزایش یابد).

جدول ۴- میزان MGI اندازه گیری شده مرغان بومی استان فارس توسط مدل تک متغیره و چند متغیره.

صفت	MGI(0.5)	MGI(1)	MGI(2)	MGI(0.5)	MGI(1)	MGI(2)
	تک متغیره			چهار متغیره		
تعداد تخم‌مرغ	۰/۸۱	۰/۷۱	۰/۶	۰/۷۴	۰/۶۳	۰/۵۳
سن بلوغ جنسی (روز)	۰/۸۵	۰/۷۵	۰/۶۵	۰/۷۴	۰/۶۲	۰/۵۱
وزن بدن (گرم)	۰/۸۴	۰/۷۶	۰/۶۹	۰/۸۴	۰/۷۵	۰/۶۷
وزن تخم‌مرغ (گرم)	۰/۸۵	۰/۷۷	۰/۷۰	۰/۸۳	۰/۷۳	۰/۶۳

۰/۶۴ بود. نیک‌بین (۱۳۷۷) وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن و وزن تخم‌مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی با استفاده از مدل چند متغیره در مرغان بومی فارس ۰/۳۴، ۰/۱۹، ۰/۳۷، ۰/۳۱، ۰/۴۰ و ۰/۳۹ گزارش کردند. کمالی (۱۹۹۵) با استفاده از آنالیز تک متغیره وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن و وزن تخم‌مرغ در سن ۳۰ و ۳۲ هفتگی در مرغان بومی فارس ۰/۵۵، ۰/۲۹، ۰/۷ و ۰/۵۲ گزارش کرد. قاضی‌حانی و همکاران (۲۰۰۷) وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن و میانگین وزن تخم‌مرغ در سن ۳۰ و ۳۲ هفتگی با استفاده از آنالیز چند متغیره ۰/۵۲، ۰/۳۴، ۰/۵۴ و ۰/۶۳ گزارش کردند.

جدول ۵ میزان وراثت‌پذیری صفات مهم اقتصادی مرغان بومی استان فارس (تعداد تخم‌مرغ، سن بلوغ جنسی، وزن بدن و وزن تخم‌مرغ) را با دو مدل تک متغیره و چند متغیره نشان می‌دهد. همانطور که در این جدول مشاهده می‌شود بیشترین میزان وراثت‌پذیری با هر دو مدل (تک متغیره و چند متغیره)، صفت وزن تخم‌مرغ داشت و کمترین میزان وراثت‌پذیری را صفت تعداد تخم‌مرغ داشت. در این تحقیق با استفاده از مدل تک متغیره میزان وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن در ۱۲ هفتگی و میانگین وزن تخم‌مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی به ترتیب  $0.14 \pm 0.053$ ،  $0.14 \pm 0.033$ ،  $0.16 \pm 0.053$  و  $0.14 \pm 0.014$  بود و با استفاده از مدل چند متغیره برابر با  $0.14 \pm 0.051$ ،  $0.14 \pm 0.033$ ،  $0.14 \pm 0.054$  و  $0.13 \pm 0.014$

جدول ۵- میزان وراثت‌پذیری با دو مدل تک متغیره و چند متغیره.

وراثت‌پذیری	وراثت‌پذیری	صفت
چند متغیره	تک متغیره	
$0.33 \pm 0.14$	$0.33 \pm 0.14$	تعداد تخم‌مرغ (روز)
$0.51 \pm 0.14$	$0.53 \pm 0.14$	سن بلوغ جنسی (روز)
$0.54 \pm 0.14$	$0.53 \pm 0.16$	وزن بدن ۱۲ هفتگی (گرم)
$0.64 \pm 0.13$	$0.63 \pm 0.14$	وزن تخم‌مرغ (گرم)

تخم‌مرغ به ترتیب  $0.69$ - و  $0.9$ - بود. همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ  $0.21$ - بود. در مطالعه قاضی‌خانی و همکاران (۲۰۰۷) نیز میزان همبستگی بالایی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی  $0.11$ - و تعداد تخم‌مرغ  $0.17$  وجود نداشت، ولی بین صفت وزن بدن و وزن تخم‌مرغ میزان همبستگی  $0.51$  نسبتاً بالا بود، میزان همبستگی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ به ترتیب  $0.98$  و  $0.08$  بود و میزان همبستگی بین وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ  $0.18$  بود. نتایج این تحقیق جوابهای مشابهی با مطالعه قاضی‌خانی (۲۰۰۷) داشت.

جدول ۶ میزان همبستگی ژنتیکی بین صفات را نشان می‌دهد. همانطور که از این جدول مشاهده می‌شود همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن بدن با صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ به ترتیب برابر با  $0.11$ -،  $0.5$  و  $0.3$  بود. همبستگی ژنتیکی منفی بین صفت وزن بدن و سن بلوغ جنسی نشان می‌دهد که بهبود در یک صفت موجب پیشرفت در صفت دیگر نمی‌شود. میزان وراثت‌پذیری بالای وزن بدن و وزن تخم‌مرغ و همچنین همبستگی ژنتیکی بالا و مثبت بین این صفات نشان داد که با انتخاب برای وزن بدن، وزن تخم‌مرغ نیز افزایش می‌یابد. همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی با صفات تعداد تخم‌مرغ و وزن

جدول ۶- همبستگی ژنتیکی بین صفات در ایستگاه فارس.

صفت اول	صفت دوم	همبستگی ژنتیکی
وزن بدن ۱۲ هفتگی (گرم)	سن بلوغ جنسی (روز)	$-0.11$
	وزن تخم‌مرغ (گرم)	$0.5$
	تعداد تخم‌مرغ (روز)	$0.3$
سن بلوغ جنسی (روز)	وزن تخم‌مرغ (گرم)	$0.09$
	تعداد تخم‌مرغ (روز)	$-0.69$
تعداد تخم‌مرغ (روز)	وزن تخم‌مرغ (گرم)	$-0.21$

$0.1$  بود. همبستگی فنوتیپی بین صفت سن بلوغ جنسی با صفات وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ به ترتیب برابر با  $0.11$  و  $0.63$ - بود که این همبستگی در تحقیق قاضی‌خانی و همکاران (۲۰۰۷) برابر با  $0.15$  و  $0.5$ - بود. همبستگی بین تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ  $0.1$ - بود. این همبستگی در تحقیق قاضی‌خانی و همکاران (۲۰۰۷) برابر با  $0.26$ - بود.

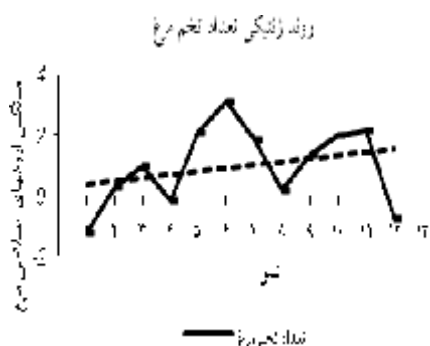
جدول ۷ میزان همبستگی فنوتیپی بین صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی استان فارس را نشان می‌دهد. همبستگی فنوتیپی بین صفت وزن بدن با صفات سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ به ترتیب برابر با  $0.16$ ،  $0.1$  و  $0.36$  بود. که در تحقیق قاضی‌خانی و همکاران (۲۰۰۷) این همبستگی‌ها به ترتیب برابر با  $0.21$ ،  $0.13$  و



جدول ۷- همبستگی فنوتیپی بین صفات در ایستگاه فارس

صفت اول	صفت دوم	همبستگی فنوتیپی
وزن بدن ۱۲ هفتگی (گرم)	سن بلوغ جنسی (روز)	۰/۱۶
	وزن تخم‌مرغ (گرم)	۰/۳۶
	تعداد تخم‌مرغ (روز)	۰/۱
سن بلوغ جنسی (روز)	وزن تخم‌مرغ (گرم)	۰/۱۱
	تعداد تخم‌مرغ (روز)	-۰/۶۳
تعداد تخم‌مرغ (روز)	وزن تخم‌مرغ (گرم)	-۰/۱

اصلاحی پرندگان برای این صفت ۱/۳۸- گزارش کردند. روند ژنتیکی برای صفت تعداد تخم‌مرغ در مرغها افزایشی بود و ضریب تابعیت ارزش اصلاحی پرندگان برای این صفت ۰/۱ بود (شکل ۲). در مطالعهٔ قربانی و همکاران (۱۳۸۵) این ضریب ۰/۱۷ گزارش شد.



شکل ۲- روند ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ.

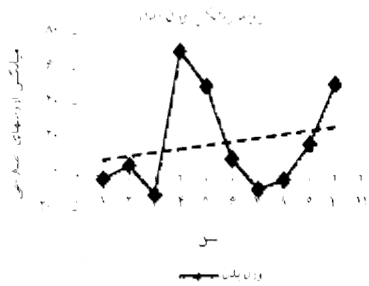
جنسیت که تنها برای این صفت داده‌ها مربوط به ۱۱ نسل بود، افزایشی بود. ضریب تابعیت میانگین ارزش اصلاحی ۲/۰۱ بود. (شکل ۴). در مطالعهٔ قربانی و همکاران (۱۳۸۵) این روند ۲۲/۷۳ گزارش شد.

شکل‌های مربوط به روند ژنتیکی هر صفت از طریق رسم متوسط ارزش اصلاحی بر ۱۲ نسل بدست آمد. شکل ۱ روند ژنتیکی سن بلوغ جنسی را نشان می‌دهد. روند ژنتیکی برای صفت سن بلوغ جنسی در مرغها کاهش‌ی بود. این کاهش برابر با ۰/۷۶- روز در هر نسل بود. قربانی و همکاران (۱۳۸۵) ضریب تابعیت ارزش

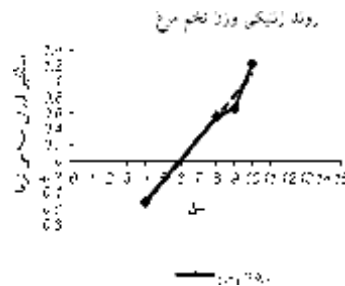


شکل ۱- روند ژنتیکی صفت سن بلوغ جنسی.

روند ژنتیکی برای صفت وزن تخم‌مرغ در مرغها مثبت بود و ضریب تابعیت ارزش اصلاحی پرندگان برای این صفت ۰/۰۵۶ و نزدیک به صفر بود (شکل ۳). در مطالعهٔ قربانی و همکاران (۱۳۸۵) این روند ۰/۰۴ گزارش شد. روند ژنتیکی وزن بدن ۱۲ هفتگی بدون در نظر گرفتن



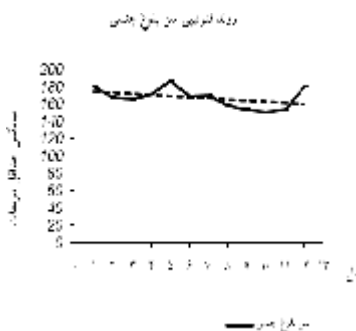
شکل ۴ - روند ژنتیکی صفت وزن بدن



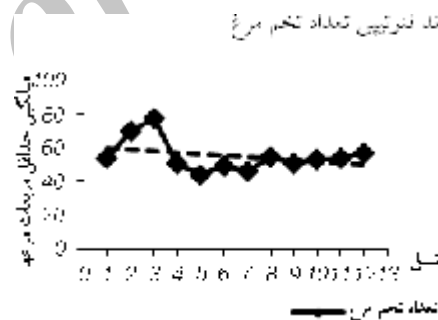
شکل ۳ - روند ژنتیکی صفت وزن تخم مرغ

سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن تخم مرغ و وزن بدن به ترتیب  $1/35$ ،  $0/86$ ،  $0/03$  و  $32/58$  بود که این نتایج در تحقیق قربانی و همکاران (۱۳۸۶) به ترتیب  $0/32$ ،  $1/89$ ،  $0/3$  و  $12/16$  گزارش شد.

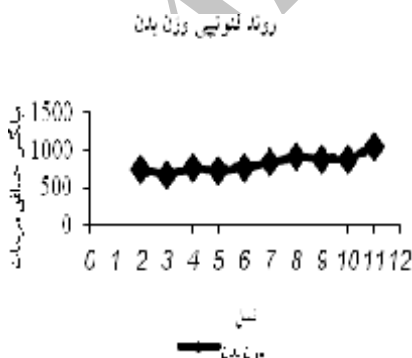
شکل‌های مربوط به روند فنوتیپی هر صفت از طریق رسم میانگین حداقل مربعات بر ۱۲ نسل به دست آمد. شکل‌های ۵، ۶، ۷ و ۸ به ترتیب روند فنوتیپی تعداد تخم مرغ، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و وزن بدن را نشان می‌دهد. ضریب تابعیت میانگین حداقل مربعات



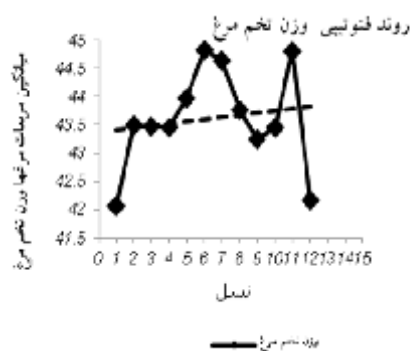
شکل ۶ - روند فنوتیپی صفت سن بلوغ جنسی ..



شکل ۵ - روند فنوتیپی صفت تعداد تخم مرغ



شکل ۸ - روند فنوتیپی صفت وزن بدن .



شکل ۷ - روند فنوتیپی صفت وزن تخم مرغ.

دقت لازم را ندارند پیشنهاد می‌شود در صورت امکان برای تشخیص دقیق این ژنها از روش تجزیه و تحلیل تفرق بیزی همراه با روش‌های مولکولی استفاده شود.

نتیجه گیری  
اگر چه روش‌های آماری مختلف از روش‌های اولیه شناخت ژنهای عمده می‌باشد، لیکن چون این روش‌ها

## منابع مورد استفاده

- علیجانی ص، نجاتی جوارمی ا، مهربانی یگانه ح، رحیمی ق و جی یانس ا، ۱۳۸۸. ردیابی ژنهای عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی ایران با استفاده از روش‌های آماری. نشریه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز. شماره ۲. صفحات ۱۶ تا ۲۷.
- قربانی ش، مرادی م، ضمیری م ج و کمالی م ع، ۱۳۸۶. بررسی عملکرد و پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصاد مرغ بومی فارس و تخمین میزان ضرایب هم خونی در آنها. نشریه پژوهش و سازندگی. شماره ۷۵. صفحات ۲۶ تا ۳۲.
- 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 آبیان. موسسه تحقیقات علوم دامی کرچ. صفحات ۲۷۲ تا ۲۸۲.
- نیکبین س، ۱۳۷۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی مرغان بومی استان فارس. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس. صفحه ۱۰۶.
- 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.
- Elston RC, Stewart J, 1971. A general model for the analysis of pedigree data. *Human Heredity* 21: 523-542.
- Famula TR, 1986. Identify single gene of large effect in quantitative traits using best linear unbiased prediction. *Journal of Animal Science* 63: 67-76.
- GhazikhaniShad A, Nejati A and Mehrabani Yeganeh H, 2007. animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian Native Fowls. *Journal of Biology Science* 10: 2787-2789.
- Godadar 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.
- Henderson CR, 1977. Best linear unbiased prediction of breeding values not in the model for records. *Journal of Dairy Science*.60, 783-787.
- Karlin S, Carmelli D and Williams R, 1979. Index measures for assessing the model of inheritance of continuously distributed traits: I. Theory and justification. *Theoretical Population Biology* 16: 81-106.
- Kamali MA, 1995. Development of selection indices for indigenous hens of Iran. M.Sc.Thesis, Godollo University Hungary.
- Leroy P and Elsen JM, 1992. Simple test statistics for major gene detection: A numerical comparison. *Theoretical Applied Genetics* 83: 635-644.
- Ochial A, Ishida T, Oyama k and Mukai F, 2005. Trial for detecting carriers with major genes in a select layer line. *Journal of Animal Science* 76: 195-201.
- 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.