Archive of SID

بررسی ارتباط ژن IGFBP2 با صفات رشد و چربی لاشه در سویه طیور گوشتی آرین

علی جوانروح علی‌آباد[۱]، حمید رضا سیدآبادی*[۱]، سیروس امیری‌نیا[۲]

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۱۱/۴

تاریخ پذیرش :۱۳۸۹/۱۲/۲۰

چکیده

هرچند انتخاب مرسوم بر اساس ارزش‌های فنوتیپی در جوجه‌های گوشتی موجب بهبود در سرعت رشد و بازده تولید گوشت در طی چند دهه گذشته شده است، ولی بدلیل همبستگی منفی بین صفات تولیدی و شایستگی، امروزه اصلاح نژاد در طیور با مشکل مواجه شده است. لذا انتخاب چند صفتی برای بهبود همزمان در این صفات تنها بر اساس انتخاب فنوتیپی مشکل می‌باشد. بنابراین انتخاب بر اساس نشانگرهای مولکولی می‌تواند برای افزایش بازده انتخاب و بهبود عملکرد تولیدی مناسب باشد. هدف از انجام این تحقیق، تعیین چند شکلی ژن IGFBP2 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 وD) نمونه خون تهیه و استخراج DNA از نمونه‌ها صورت گرفت. سپس ژنوتیپ حیوانات با استفاده از روشPCR-RFLP و آنزیم برشیPvuI و Eco۷۲I تعیین گردید. برای تأیید نتایج حاصل از PCR-RFLP برخی نمونه‌ها از هر ژنوتیپ تعیین توالی مستقیم شدند. مقایسه میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ‌های مختلف نشان داد که چند شکلی ژن IGFBP2 با صفات درصد وزن ران و درصد وزن لاشه ارتباط معنی‌داری دارد. براساس نتایج حاصل از تحقیق حاضر می‌توان نتیجه گرفت که ژن IGFBP2 می‌تواند به عنوان ژن کاندید برای صفات ترکیبات لاشه در برنامه‌های اصلاح نژادی لاین طیور گوشتی آرین مورد استفاده قرارگیرد. لذا پیشنهاد می‌شود با توجه به شناسائی جهش‌های جدید در این جایگاه، تحقیقات بیشتری با تأکید بر تمام چند شکلی‌ها صورت گیرد تا درک درستی از وظایف این ژن حاصل شود.

کلمات کلیدی: IGFBP2، صفات رشد، ترکیبات لاشه، چندشکلی،PCR-RFLP.

۱- محقق بخش بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی‌کشور، کرج

۲- عضو هیئت علمی‌بخش بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی‌کشور، کرج

* عهده دار مکاتبات

www.SID.ir

Archive of SID

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 تغذیهٔ بشر از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. به همین دلیل در چند دههٔ گذشته تولید گوشت مرغ در بسیاری از کشورهای جهان از جمله ایران رشد زیادی داشته است و پیش بینی می‌شود که در آینده نیز ادامه یابد. برای افزایش تولید عمودی علاوه بر روش‌های نوین مدیریت، بهداشت و تغذیه، استفاده از روش‌های علمی‌اصلاح نژاد به همراه تکنیک‌های مولکولی ضروری می‌باشد.

عمده عملکرد هورمون رشد بواسطه هورمون فاکتورهای رشد شبه انسولین (IGF) در طیور انجام می‌گیرد. هورمون‌های IGF تنظیم کننده های مهمی‌در تحریک رشد، سنتز پروتئین و تکثیر و تمایز سلول ها در انواع سلول‌های مختلف محسوب می‌شوند(۱۳). در سرم خون گونه های مختلف بیش از ۹۹ درصد از مولکولIGF به صورت ترکیب با ۷ نوع پروتئین خاص با تمایل بالا به IGF وجود دارد که فعالیت های بیولوژیکی هورمون IGF را تنظیم می‌کنند. گرچه IGFBP3 بیشترین نوع ترکیب پروتئین اتصالی به IGF محسوب می‌شود (۵)، اما IGFBP2 به سطح پروتئین جیره حساس بوده و با ایجاد کمپلکس IGF –IGFBP2 نقش مهمی در تعدیل اثر محرک رشدی IGF1 در طیور و نشخوارکنندگان دارا می‌باشد (۷). ساختار ژن IGFBP2 در نشخوارکنندگان و طیور به صورت حفاظت شده بوده و دارای طولی به اندازه ۳۸ کیلو باز و بر روی کروموزوم ۷ طیور قرار دارد (۱۴). این ژن شامل ۴ اگزون و ۳ اینترون بوده و یک هورمون پلی پپتیدی با ۲۷۵ اسید آمینه را کد می‌نماید. ژن IGFBP2 در بیشتر بافت های بدن از جمله کبد، عضله، قلب و روده بیان می‌شود (۱۴). با توجه به نتایج مطالعه ناگو و همکاران (۲۰۰۱)، میزان بیان ژن IGFBP2 در جوجه های تغذیه شده در مقایسه با جوجه هایی که به مدت ۲ روز در محرومیت غذایی بوده‌اند پایین‌تر می‌باشد. این مسئله نشان می‌دهد که بیان این ژن با شرایط تغذیه‌ای مختلف، متفاوت می‌باشد. برای اولین بار لئی و همکاران (۲۰۰۵)، ۵ SNP را در ژن IGFBP2 در نسل دوم جمعیت حاصل از تلاقی دو لاین آزمایشی مورد مطالعه قرار دادند. در تحقیقی دیگر، لئی و همکاران (۲۰۰۷)، جهش‌های موجود در دو جایگاه C1032T و G729T را با استفاده از روش PCR-RFLP و توالی یابی مستقیم بر روی اینترون ۲ ژن IGFBP2 در دو لاین تجاری طیور مطالعه نمودند. خادم و همکاران (۲۰۱۰)، ارتباط چند شکلی تک نوکلئوتیدی ژن‌های IGF-1، IGFII و IGFBP2 را با صفات تولیدی در جمعیت مرغان بومی‌مازندران مورد مطالعه قرار دادند.

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، دقت انتخاب کاهش می‌یابد(۱). 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

www.SID.ir

Archive of SID

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 (۲). استفاده از ژن‌های عمده وQTL 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 می شود منجر به افزایش پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به انتخاب می‌گردد. با توجه به وجود ارتباط معنی دار بین ژن IGFBP2 با صفات رشد و چربی در طیور و از آنجا که تاکنون تحقیقی بر روی بررسی ارتباط چند شکلی این ژن با صفات رشد و ترکیبات لاشه در سویه های تجاری طیورگوشتی درکشور انجام نگرفته است، انجام این تحقیق و استفاده از نتایج آن در برنامه‌های اصلاح نژادی ضروری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

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.

جمع‌آوری نمونه‌ها:

برای مطالعه چند شکلی ژن IGFBP2 از پرندگان نسل ۱۵ گله تجاری آرین، 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 هچ 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 اندازه گیری و ثبت گردیدند. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به مقدار ۲ میلی‌لیترخون از سیاهرگ ناحیه مثلثی زیر بال، در تیوب‌های حاوی ماده ضد انعقادEDTA گرفته شد و نمونه‌های خون اخذ شده به آزمایشگاه بیوتکنولوژی مؤسسه تحقیقات علوم دامی‌کشور انتقال و تا زمان استخراجDNA در فریزر°C۲۰- نگهداری شدند. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل به روش بهینه شده و تغییر یافتهٔ استخراج نمکی انجام گردید (۴). کمیت و کیفیت نمونه‌های DNA استخراج شده به کمک دستگاه اسپکتروفتومتر-نانودراپ (Nano-Drop2000) بررسی گردید. بر اساس اطلاعات ژنومی‌از توالی ژن IGFBP2 آغازگرهای مورد نظر در موقعیت اینترون ۲ این ژن انتخاب شدند. توالی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق

www.SID.ir

Archive of SID

به صورت زیر می‌باشد:

آغازگر ۱ (G729T):

Forward: 5/ GGGCATTTATATCTGAGGAACAC 3/

Reverse: 5/ GGCAAAGAGCAACCCAACAC 3/

آغازگر ۲ (C1032T):

Forward: 5/ TTTGGTTGAGTCCTAGGCTTG 3/

Reverse: 5/ GGCGTACTACACTGCAGAGG 3/

پس از آزمایش غلظت‌های مختلف اجزا PCR، شرایط بهینه PCR با حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر به صورت بافر PCR 1X ، MgCl2 ۲ میلی مولار، آغازگرها ۰/۲۵ میکرو مولار، 200 dNTPs میکرو مولار، یک واحد آنزیم Taq پلیمر از و DNA الگو به میزان ۱۵۰ ng در هر واکنش PCR بدست آمد. برنامه حرارتی مناسب برای آغازگرها به صورت: واسرشته سازی اولیه در ۹۴ درجه سیلسیوس به مدت ۴ دقیقه و ۳۵ سیکل شامل: واسرشته سازی اولیه در ۹۴ درجه سیلسیوس به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها در دمای ۶۰ درجه سیلسیوس به مدت ۱ دقیقه برای آغازگر ۱ و ۶۲ درجه سیلسیوس به مدت ۱ دقیقه برای آغازگر ۲ و مرحله بسط در دمای ۷۲ درجه سیلسیوس به مدت ۱ دقیقه انتخاب و بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سیلسیوس به مدت ۸ دقیقه در نظر گرفته شد. پس از تکثیر جایگاهG729T ، یک قطعه ۳۷۹ جفت بازی حاصل شد. عمل هضم آنزیمی‌با حجم ۱۰ میکرولیتر با استفاده از آنزیم برشیPvu I (۱۰ واحد آنزیمی‌در هر واکنش) در دمای ۳۷ درجه سیلسیوس و در طول شب بر روی محصول PCR انجام شد. برای جایگاهC1032T ، پس از تکثیر یک قطعه ۵۲۷ جفت بازی حاصل شد. عمل هضم آنزیمی با حجم ۱۰ میکرولیتر با استفاده از آنزیم برشیEco72I (۱۰ واحد آنزیمی در هر واکنش) در دمای ۳۷ درجه سیلسیوس و در طول شب بر روی محصول PCR انجام شد. برای مشاهده قطعات هضم شده از ژل آگارز ۳ درصد و ولتاژ ۱۵۰ به مدت ۵ ساعت استفاده شد. رنگ آمیزی ژل با اتیدیوم بروماید صورت گرفت و قطعات تکثیر شده زیر لامپ UV مشاهده گردیدند.

اطلاعات بدست آمده با استفاده از مدل آماری زیر و با روش GLM در نرم افزار آماریSAS ver.9 آنالیز و مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت:

$$y_{ijkl} = \mu + Genotype_i + Sex_j + Line_k + Sire(Line) + dam\ (Line\ Sire) + e_{ijkl}$$

www.SID.ir

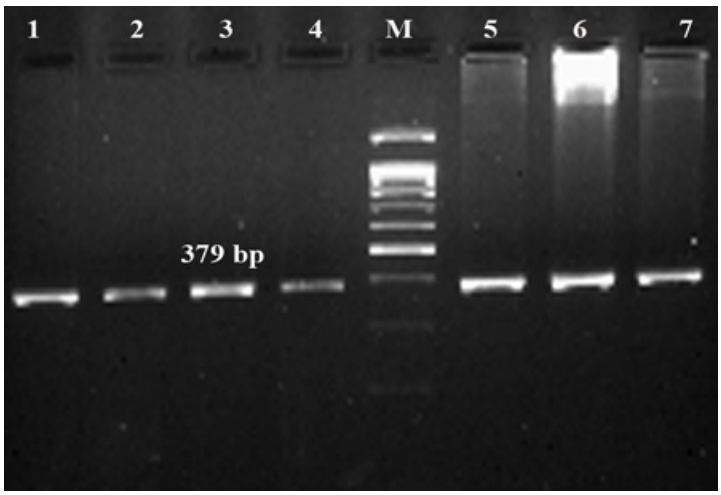
Archive of SID

در این مدل; y^{ijkl}: ارزش فنوتیپی صفات مورد مطالعه، μ: میانگین ارزش های فنوتیپی صفات و e: اثر باقیمانده می باشد. 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.

ارزش های فنوتیپی صفات مورد نظر در سطوح مختلف ژنوتیپ‌های جایگاه‌های مورد مطالعه با استفاده از میانگین حداقل مربعات داده‌های (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.

نتایج

جهش G →T بر روی اینترون ۲ ژن IGFBP2 ، یک جایگاه برش برای آنزیم PvuI ایجاد می‌کند. وجود باز تیمین (T) در توالی نوکلئوتیدی، امکان برش را برای آنزیم فراهم کرده و وجود باز گوانین (G) مانع از هضم قطعه تکثیر شده توسط آنزیم می‌شود. بنابراین هضم محصول ۳۷۹ جفت باز تکثیر شده با آنزیم PvuI باعث ایجاد یک قطعه ی برش نیافته (۳۷۹ جفت باز) برای ژنوتیپ AA، دو قطعه برش خورده ۳۰۲ و ۷۷ جفت باز برای ژنوتیپ هموزیگوت BB و سه قطعه ۳۷۹، ۳۰۲ و۷۷ جفت باز برای ژنوتیپ هتروزیگوت AB می‌شود که در این تحقیق برای جایگاه G729T تمام نمونه ها دارای فرم جهش نیافته (AA) بودند (شکل شماره۱). برای تأیید نتایج حاصل از PCR-RFLP ، برخی از نمونه‌ها تعیین توالی گردیدند. با بررسی نتایج تعیین توالی، نتایج حاصل از PCR-RFLP مورد تأیید قرار گرفت.

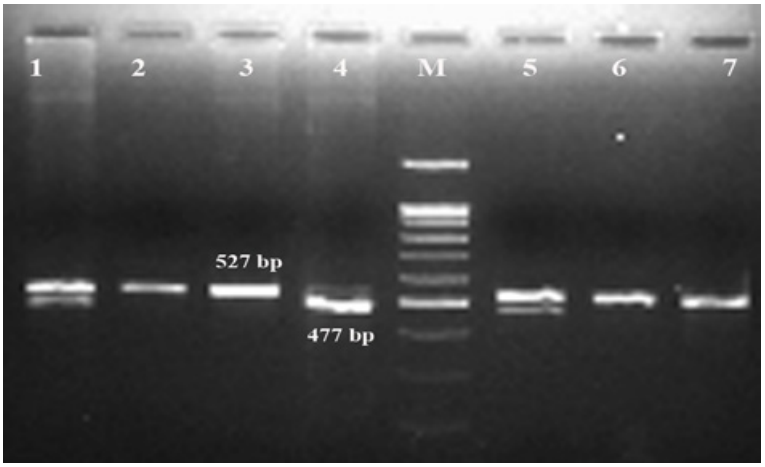


شکل ۱- الگوی PCR-RFLP قطعات هضم شده جایگاه G729T ژن IGFBP2 با استفاده از آنزیم برشی PvuI. شماره های ۱تا ۷: ژنوتیپ AA و M : سایز مارکر با فواصل ۱۰۰ جفت باز

www.SID.ir

Archive of SID

برای جایگاه C1032T، جهش C→T بر روی اینترون ۲ ژن IGFBP2 ، یک جایگاه برش برای آنزیم Eco72I ایجاد می‌کند. 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 ۵۲۷ جفت باز تکثیر شده با آنزیم Eco72I باعث ایجاد یک قطعه ی برش نیافته (۵۲۷ جفت باز) برای ژنوتیپ AA، دو قطعه برش خورده ۴۷۷ و ۵۰ جفت باز برای ژنوتیپ هموزیگوت BB و سه قطعه ۵۲۷، ۴۷۷ و ۵۰ جفت باز برای ژنوتیپ هتروزیگوت AB می‌شود که در این تحقیق برای جایگاه C1032T هر سه ژنوتیپ مشاهده شد (شکل شماره ۲). 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- الگوی PCR-RFLP قطعات هضم شده جایگاه C1032T ژن IGFBP2 با استفاده از آنزیم برشی Eco72I. شماره های ۲، ۳، ۶ و ۷ ژنوتیپ AA ، شماره های ۱ و۵ ژنوتیپ AB ، شماره ۴ ژنوتیپ BB و M : سایز مارکر با فواصل ۱۰۰ جفت باز

فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده در جمعیت مورد مطالعه برای جایگاه C1032T در جدول شماره ۱ نشان داده شده است. در خطوط A، Bو D 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 سه خط A، B و D بزرگتر از ارزش بحرانی جدول کای مربع (۳/۸۴۱) بوده و نشان داد که توزیع ژنوتیپ ها در این خطوط از تعادل خارج می‌باشد (درجه آزادی ۲ و سطح احتمال P<۰/۰۵).

www.SID.ir

Archive of SID

جدول شماره ۱- فراوانی مشاهده شده ژنوتیپی و آللی در جایگاه C1032T

جمعیت	فراوانی ژنوتیپی						فراوانی آللی	
	AA		AB		BB		A	B
	تعداد	فراوانی	تعداد	فراوانی	تعداد	فراوانی	فراوانی	فراوانی
خطA	۲۱	۰/۲۹	۲	۰/۰۳	۵۰	۰/۶۸	۰/۳	۰/۷
خطB	۳۹	۰/۴۶	۴	۰/۰۵	۴۱	۰/۴۹	۰/۴۹	۰/۵۱
خطC	۳۶	۰/۶۱	۱	۰/۰۱۷	۲۲	۰/۳۷	۰/۶۲	۰/۳۸
خطD	۸	۰/۱۲	۲۱	۰/۳	۴۱	۰/۵۸	۰/۲۷	۰/۷۳

جدول شماره ۲- آزمون کای مربع برای بررسی توزیع ژنوتیپ ها

جمعیت	آماره χ^2	$Pr>\chi^2$
خط A	۶۵	۰/۰۰
خط B	۶۹/۶۷	۰/۰۰
خط C	۵۵/۹۳	۰/۱۱۷
خط D	۳/۹۳	۰/۰۴۷

چند شکلی درجایگاه C1032T با صفات درصد وزن لاشه و درصد وزن ران ارتباط معنی داری داشت ($P<۰/۰۵$). نتایج نشان داد که پرندگان با ژنوتیپ BB برای صفات درصد وزن لاشه و درصد وزن ران نسبت به دیگر ژنوتیپ ها دارای میانگین حداقل مربعات بالاتری می‌باشند (جدول شماره ۳). بنابراین می‌توان مطابق با برنامه اصلاحی برای هر خط، نسبت به افزایش یا کاهش فراوانی هر یک از آلل‌های A و B اقدام نمود.

جدول شماره ۳- میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ های IGFBP برای صفات رشد و ترکیبات بدن

صفت	P-value	AA	AB	BB
وزن بدن در ۶ هفتگی	۰/۳۳	۲۵۰۰/۴±۲۵/۴۷	۲۵۴۳/۷±۲۰/۶۵	۲۵۰۲/۰۴±۵۱/۴۶
وزن لاشه	۰/۳۶	۱۷۲۷/۲±۱۸/۲	۱۷۵۵/۷±۱۴/۶۶	۱۷۶۴/۴±۳۶/۵
وزن عضله سینه	۰/۵۳	۵۷۹/۴±۶/۴۸	۵۷۸/۷±۵/۲	۵۶۸/۸±۱۲/۷
وزن ران	۰/۰۸	۴۸۵±۶/۱۲	۵۰۶/۳±۴/۹	۵۲۸/۱±۴/۲۱
ون بال	۰/۰۹	۲۰۰/۶± ۱۹/۳۵	۲۰۳/۸۶±۱/۳	۱۹۵/۷±۴/۲۱
وزن پشت	۰/۱۸	۴/۸ ±۳۸۰/۵۴	۳۹۰/۶±۳/۹	۳۸۰/۴±۹/۷۶
وزن چربی شکمی	۰/۶۸	۲۶/۸±۱/۰۲	۲۶/۵±۰/۹	۲۵/۷±۲/۲
درصد وزن لاشه	۰/۰۳۹	۶۸/۸۲±۰/۴۶b	۶۸/۹۷±۰/۳۸b	۷۱/۲۵±۰/۹۴a
درصد وزن عضله سینه	۰/۱۹	۲۳/۰۲±۰/۲	۲۲/۷۶±۰/۱۵	۲۲/۷۴±۰/۴
درصد وزن ران	۰/۰۰۳	۱۹/۴۲±۰/۱۵a	۱۹/۹±۰/۱۲b	۲۰/۷±۰/۱c
درصد وزن بال	۰/۵۵	۸/۰۵±۰/۰۶	۸±۰/۰۵	۷/۹±۰/۱
درصد وزن پشت	۰/۳۲	۱۵/۲۲±۰/۰۴	۱۵/۳±۰/۱	۱۵/۶±۰/۳
درصد وزن چربی شکمی	۰/۲۵	۱/۰۴±۰/۰۴	۰/۹۶±۰/۰۳	۰/۹۳±۰/۰۸

www.SID.ir

Archive of SID

بحث

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 شناسائی 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 شناسائی و تعیین توالی این ژن‌ها را فراهم نموده است (۳). به همین منظور، ژن IGFBP2 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.

فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده برای جمعیت مورد مطالعه نشان داد که در خطوط A، B و D فراوانی آلل B بیشتر از آلل A می‌باشد. با وجود بالا بودن فراوانی آلل B نسبت به آلل A در جمعیت‌های مذکور، تفاوت در فراوانی آللی مشاهده شده ممکن است از استراتژی های مختلف انتخابی تعیین شده در هر جمعیت ناشی شده باشد. مشابه با تحقیق حاضر، خادم و همکاران (۲۰۱۰)، فراوانی آلل B را بیشتر از آلل A (به ترتیب ۰/۶۳ و ۰/۳۷) در جمعیت مورد مطالعه گزارش نمودند. در تحقیقی مشابه که توسط لنگ و همکاران (۲۰۰۹)، بر روی ۵ لاین گوشتی چین انجام گرفت، فراوانی آلل A بیشتر از آلل B گزارش شد که با نتایج تحقیق حاضر متفاوت می‌باشد. این تنوع در فراوانی آللی می تواند ناشی از جمعیت های متفاوت مورد مطالعه باشد.

مقایسه تعداد افراد مشاهده شده و مورد انتظار برای هر ژنوتیپ در هر ۴ خط (A، B، C، D) نشان داد که خطوط A، B و D از نظر جایگاه مورد مطالعه از تعادل خارج می‌باشد. این عدم تعادل با توجه به انتخاب شدید که برای صفات تولیدی در این جمعیت‌ها صورت می‌گیرد قابل توجیه می‌باشد. در تحقیق صورت گرفته توسط خادم و همکاران (۲۰۱۰)، فراوانی های ژنوتیپی جایگاه اینترون ۲ ژن IGFBP2 در جمعیت مرغ بومی‌مازندران در تعادل هاردی واینبرگ می‌باشد که این مغایرت می‌تواند ناشی از برنامه‌های انتخاب متفاوت در این جمعیت‌ها برای صفات تولیدی باشد.

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 محیطی می‌باشد (۱۵). در تحقیق لئی و همکاران (۲۰۰۵)، بر روی ۴۳۴ قطعه جوجه گوشتی مربوط به جمعیت نسل دوم حاصل از تلاقی دو لاین گوشتی تحقیقاتی، با استفاده از روش PCR-RFLP و تعیین توالی، نشان داده شد که چند شکلی ناشی از تبدیل باز C به T در اینترون ۲ ژن IGFBP2، به طور معنی داری تنها با صفت وزن بدن در ۷ هفتگی مرتبط است ($P<0/05$). لنگ و همکاران (۲۰۰۹)، در تحقیقی که بر روی ۵ سویه مرغ بومی‌چینی انجام دادند، ارتباط معنی داری بین چند شکلی ژن IGFBP2، با صفات وزن و درصد چربی احشائی که با نتایج تحقیق حاضر مغایرت دارد. برخلاف نتایج تحقیق حاضر، لی و همکاران

www.SID.ir

Archive of SID

(۲۰۰۶)، در تحقیقی که بر روی لاین گوشتی تجاری انجام دادند ارتباط معنی داری بین چند شکلی ژن IGFBP2، با صفات رشد و ترکیبات لاشه گزارش کردند. در تحقیق صورت گرفته توسط خادم و همکاران (۲۰۱۰)، در جمعیت مرغ بومی‌مازندران هیچ ارتبط معنی‌داری بین چندشکلی تک نوکلئوتیدی ژن IGFBP2 با صفات تولیدی مشاهده نشد. یکی از دلایل مغایرت نتایج این تحقیقات با نتایج تحقیق حاضر، احتمالاً ناشی از تفاوت در برنامه‌های اصلاحی اجرا شده در این جمعیت‌ها در مقایسه با جمعیت‌های مورد بررسی در تحقیق حاضر و یا یکسان نبودن فاز پیوستگی بین نشانگر و QTL در جمعیت‌های مورد مطالعه 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 پرنده مدنظر 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 IGFBP2 با برخی از صفات ترکیبات لاشه ارتباط معنی‌داری دارد. لذا می‌توان با استفاده اطلاعات بدست آمده از جایگاه فوق در شاخص‌های بهینه انتخاب، ضمن افزایش صحت انتخاب، پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به انتخاب را برای صفات مذکور افزایش داد. با این حال اگر چه اطلاعات حاصل از چند شکلی‌های یک جایگاه ژنی به منظور مطالعه تاثیر آن با صفات مورد نظر حائز اهمیت است ولی نمی‌تواند به تنهایی به عنوان یک معیار انتخاب در شرایط عملی مورد استفاده قرار گیرد و لازم است اطلاعات حاصل از نتایج تحقیق در جایگاه فوق در کنار اطلاعات حاصل از سایر جایگاه‌ها تجزیه و تحلیل شود و انجام تحقیقات بیشتر در این زمینه در آینده ضروری به نظر می‌رسد.

www.SID.ir

Archive of SID

منابع

1. Burt D.W., Dey B.R., Paton I.R., Morrice D.R and Law, A.S. 1995. The chicken transforming growth factor-beta 3 gene: genomic structure, transcriptional analysis, and chromosomal location. DNA Cell Biology, 14:111-23.

2. Emara M.G and Kim H. 2003. Genetic markers and their application in poultry breeding. Poultry Science, 82:952–957.

3. Falconer D. S and Mckay T. F. C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman Sel., Harlow, UK.

4. Javanrouh A., Banabazi M.H., Esmaeilkhanian 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.

5. Jones J. I and Clemmons D. R. 1995. Insulin-like growth factors and their binding proteins: Biological actions. Endocrinol. Rev, 16:3–34.

6. Khadem A., Hafezian H and Rahimi-Mianji G. 2010. Association of single nucleotide polymorphisms in IGFI, IGF-II and IGFBP-II with production traits in breeder hens of Mazandaran native fowls breeding station. African Journal of Biotechnology, 9: 805-810.

7. Kita K., Nagao K., Taneda N., Inagaki Y., HIrano K., Shibata T., Yaman M. A., Conlon M. A and Okumura J. 2002. Insulin-like growth factor binding protein-2 gene expression can be regulated by diet manipulation in several tissues of young chickens. Journal of Nutrition, 132:145–151.

8. Lei M.M., Nie Q.H., Peng X., Zhang D.X and Zhang X.Q. 2005. Single nucleotide polymorphisms of the chicken insulin-like factor binding protein 2 gene associated with chicken growth and carcass traits. Poultry Science, 84: 1191-1198.

9. Lei M., Luo C., Peng X., Fang M., Nie Q., Zhang D., Yang G and Zhang X. 2007. Polymorphism of growth-correlated genes associated with fatness and muscle fiber traits in chickens. Poultry Science, 86:835–842.

10. Leng L., Wang S., Li Z., Wang Qand Li H. 2009. A polymorphism in the 3′-flanking region of insulin-like growth factor binding protein 2 gene associated with abdominal fat in chickens. Poultry Science, 88: 938–942

www.SID.ir

Archive of SID

11. Li Z.H., Li H., Zhang H., Wang S., Wang Q and Wang Y. 2006. Identification of a single nucleotide polymorphism of the insulinlike growth factor binding protein 2 gene and its association with growth and body composition traits in the chicken. Journal of Animal Science, 84:2902–2906.

12. Nagao K., Yaman A.M., Murai A., Sasaki T., Saito N., Okumura J and Kita K. 2001. Insulin administration uppresses an increase in insulin-like growth factor binding protein-2 gene expression stimulated by fasting in the chicken. British Poultry Science, 42:501–504.

13. Scanes C. G., Proudman J. A and Radecki S. V. 1999. Influence of continuous growth hormone insulin-like growth factor I administration in adult female chickens. General and Comparative Endocrinology, 114:315–323.

14. Schoen T. J., Mazuruk K., Waldbillig R. J., Potts J., Beebe D. C., Chader G. J and Rodriguez I. R. 1995. Cloning and characterization of a chick embryo cDNA and gene for IGF-binding protein-2. Journal of Molecular Endocrinology, 15:49–59.

15. 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.

www.SID.ir