

## ردیابی ژن‌های عمده موثر بر صفات عملکردی مرغان بومی فارس با استفاده از روش تفرق بیزی

- مختارعلی عباسی (نویسنده مسئول)

دانشیار، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور.

- صادق علیجانی

دانشیار، دانشگاه تبریز.

تاریخ دریافت: شهریور ۱۳۹۳ تاریخ پذیرش: فروردین ۱۳۹۴

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۲۲۴۱۵۶۶۹

Email: pmaz\_abbasi@yahoo.com

### چکیده

در تحقیق حاضر، ساختار ژنتیکی مرغان بومی فارس از نظر تفرق ژن‌های موثر بر صفات وزن بدن در ۸ هفتهگی (BW)، سن بلوغ جنسی (ASM)، وزن تخم مرغ (EW) و تعداد تخم مرغ (EN) مورد بررسی قرار گرفت. داده‌های مورد استفاده شامل اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای فنوتیپی جمع‌آوری شده در مرکز اصلاح نژاد مرغان بومی فارس بود. ابتدا برای کلیه صفات (بجز تعداد تخم مرغ)، تبدیلات باکس-کاکس انجام شد. ردیابی ژن عمده با استفاده از ناحیه بالاترین چگالی پسین واریانس ژنتیکی ژن عمده در جمعیت انجام شد. با استفاده از آنالیز تفرق بیزی یک مدل با عوامل غیر ژنتیکی (نسل-نوبت جوجه‌کشی و جنسیت به عنوان اثرات ثابت و طول دوره تخم‌گذاری به عنوان کواریت برای صفت تعداد تخم مرغ) و عوامل ژنتیکی (پلی ژنی به عنوان اثر تصادفی و ژنگاه ژن عمده دو آلی به عنوان اثر ثابت) برای داده‌ها برازش شد. توزیع‌های پسین حاشیه‌ای پارامترهای مدل با استفاده از تکنیک نمونه‌گیری گیبس و نرم افزار iBay بدست آمد. براساس آزمون‌های تشخیصی، برای آنالیز هر صفت دو زنجیره بزرگ و برای هر زنجیره نیز تعداد نمونه گیبس، دوره قلق‌گیری و فاصله بین نمونه‌ای به ترتیب ۵۰۰۰۰، ۵۰ و ۵۰ در نظر گرفته شدند. نتایج آنالیز بیزی در پژوهش حاضر برای صفت سن بلوغ جنسی، شواهدی مبنی بر تفرق ژن عمده را نشان داد اما برای صفات وزن بدن در ۸ هفتهگی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ تفرق ژن عمده مشاهده نشد. بنابراین پیشنهاد می‌شود علاوه بر انجام روش‌های آزمایشگاهی مبنی بر تأیید نتایج به دست آمده در مورد صفت سن بلوغ جنسی، روش‌ها و راهکارهای دیگر نیز به منظور تعیین ژن عمده در این جمعیت برای سایر صفات به کار گرفته شود.

Animal Science Journal (Pajouhesh &amp; Sazandegi) No 107 pp: 211-218

**Detection of major gene for productive traits in Fars native fowls using Bayesian segregation approach**Abbasi, M.A<sup>1\*</sup>, Alijani, S<sup>2</sup>

1: Associate Professor of Animal Science Research Institute, Karaj, Iran.

2: Associate Professor of Tabriz University, Tabriz, Iran.

\*Corresponding author: Email: pmaz\_abbasi@yahoo.com, Tel: +989122415669

**Received: August 2014****Accepted: April 2015**

In the current study, major gene segregation for body weight at 8 weeks of age (BW8), age at sexual maturity (ASM), average egg weight during 84 days of laying (EW) and number of eggs laid during egg production period (EN) traits were evaluated using data which was collected from Fars Native Breeding Center. Cox Box transformation was applied for all traits except for EN. Major gene detection was achieved by using highest posterior density region for genetic variance of major gene in the population. Therefore, a Bayesian segregation analysis model including non-genetic effects (generation-hatch, sex as fixed and laying period as covariate) and genetic effects (polygenic and biallelic major gene locus as random and fixed ones, respectively) was fitted on the data. The marginal posterior distribution of the model parameters were obtained by Gibbs sampling using iBay software. Based on diagnostic tests for each trait, two large chains were considered. For each chain, the number of Gibbs samples, burn in, and thinning interval were equal to 500000, 50000 and 50, respectively. The Bayesian segregation analysis revealed the evidence for major gene segregation for ASM. For other traits there were not the same results. It is also recommended that the laboratory methods should be applied to verify the present results as well as additional methods for major gene detection for variety of traits in the same population.

**Key words:** Fars native Fowls, Performance traits, Major gene, Bayesian segregation.**مقدمه**

بدون داشتن اطلاعات نشانگری و صرف هزینه برای تعیین ژنوتیپ حیوانات، روش های آماری توانمندی وجود دارند که محققین مختلف از آن ها برای ردیابی ژن عمده استفاده کرده اند (Alijani و همکاران، 2010). چنان چه یک ژن عمده در یک جمعیت در حال تفرق باشد، در آن صورت توزیع آن صفت می تواند از توزیع نرمال انحراف داشته باشد و از طرف دیگر در داخل خانواده های ناتنی همگنی واریانس از بین خواهد رفت و همچنین بسته به ژنوتیپ والدین برای ژنگاه ژن عمده، بین میانگین صفات برای خانواده ها و واریانس آن ها رابطه خطی معنی داری وجود خواهد داشت. بر این اساس آزمون های نرمالیت، بارتلت، فین و log-anova برای به دست آوردن شواهد اولیه برای وجود ژن عمده استفاده می شوند، ولی این آزمون ها فاقد توانمندی لازم هستند (Uimari و همکاران، 1997). این آزمون ها معمولاً با روش های آماری دیگر مورد ارزیابی قرار می گیرند. آنالیز تفرق بیزی به عنوان توانمندترین روش آماری برای ردیابی ژن های

برای سال های زیادی، متخصصین اصلاح نژاد دام ساختار ژنتیکی حیوانات را از طریق انتخاب ژنتیکی براساس اطلاعات فنوتیپی و ثبت شجره تغییر داده اند. این نوع ارزیابی ژنتیکی مبتنی بر تئوری ژن های نامحدود 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. علی رغم فرضیات غلط تئوری پلی ژنی، این تئوری منجر به پیشرفت قابل توجهی در عملکرد حیوانات شده است. ژن های عمده ژن هایی هستند که بخش زیادی از تنوعات ژنتیکی داخل جمعیت را باعث می شوند. شناسایی ژن های عمده اهمیت اقتصادی زیادی برای برنامه های اصلاحی حیوانات از طریق شناسایی افراد برتر برای یک صفت خاص و نیز افزایش پاسخ به انتخاب دارند (Liu و همکاران، 2011). دقیق ترین روش ها برای ردیابی ژن های عمده مبتنی بر استفاده از اطلاعات مولکولی است، لیکن دست یابی به این نوع اطلاعات نیاز به هزینه زیادی دارد. اما برای ردیابی ژن های عمده

جنسی می باشد. Pan و همکاران (۲۰۰۱) نیز تفرق ژن عمده اثر برای صفت تعداد سلول های بدنی شیر در گاو را با استفاده از تجزیه و تحلیل تفرق بیزی در داده های مزرعه ای و شبیه سازی شده تایید کردند.

با توجه به اهمیت موضوع و دسترس بودن داده های فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان بومی فارس، تحقیق حاضر به منظور بررسی احتمال تفرق ژن های عمده تاثیرگذار بر صفات عملکردی در مرغان بومی فارس انجام شد.

### مواد و روش‌ها

مرکز اصلاح نژاد و تکثیر مرغ بومی فارس در سال ۱۳۶۵ در ۷۰ کیلومتری شمال شهرستان شیراز در محل شمس آباد شروع به کار کرد. برای تشکیل جمعیت پایه به تعداد ۴۰۰۰ مرغ و خروس، اقدام به جمع آوری تخم مرغ نطفه دار از نواحی گرمسیر، سردسیر و معتدل استان شد. برای دو سال (۱۳۶۷-۱۳۶۵)، داده برداری به صورت گله ای انجام شد. فعالیت اصلی مرکز از سال ۱۳۶۷ با تعداد ۲۳۶۶ قطعه مرغ و خروس تحت رکورد آغاز گردید. در هر سال، تعدادی مرغ و خروس براساس وزن بدن در ۱۲ هفتگی، تعداد تخم مرغ در سه ماهه اول تولید، سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم مرغ (هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲) به عنوان مولد نر و ماده انتخاب و داده برداری انفرادی و ثبت مشخصات شجره‌ای انجام گردید. نسبت تعداد مرغ به خروس در آمیزش ها ۵ به ۱ بوده و هر مرغ به صورت چرخشی در جایگاه مخصوص آمیزش با خروس قرار داده شد. داده برداری تخم مرغ به مدت سه ماه در قفس انفرادی انجام شد. خصوصیات آمار توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

عمده، بدون استفاده از نشانگرهای ژنتیکی شناخته شده است. در این روش که بر اساس قاعده احتمال شرطی پایه گذاری شده است میزان عدم قطعیت در مورد مقدار حقیقی پارامترها با استفاده از توزیع احتمالات بیان می شود. به طوری که احتمال پسین برای پارامترهای ناشناخته، به شرط داده های مشاهده شده متناسب با حاصل ضرب احتمال پیشین پارامتر ناشناخته مورد نظر در تابع درستنمایی آن می باشد. در نتیجه استنباط بیزی فواصل احتمالی را برای پارامترهای ناشناخته همانند مولفه های واریانس، وراثت پذیری، فراوانی آللی ژن عمده و فاصله QTL با نشانگر را به شکل توزیع احتمالات ارائه می دهد (Alijani و همکاران، 2010). در حیوانات اولین بار Janss و همکاران (۱۹۹۵)، با به کار بردن تکنیک نمونه گیری گیسس، روش آنالیز تفرق در شجره های حیوانی را برای نشان دادن ژن های با اثر عمده بسط دادند. Argente و همکاران (۲۰۰۳) با انجام تجزیه تحلیل بیزی بر روی داده های مربوط به خرگوش ژن عمده را برای صفات ظرفیت رحم، تعداد رویان جایگزین شونده، قابلیت زنده ماندن رویان، نرخ تخمک گذاری، قابلیت زنده ماندن جنین و قابلیت زنده ماندن پیش از زایش گزارش کردند. Alijani و همکاران (۲۰۱۰)، با استفاده از روش های مختلف آماری نشان دادند که برای برخی از صفات مهم اقتصادی نظیر سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ، وزن بدن و تعداد تخم مرغ در مرغان بومی استان مازندران و آذربایجان غربی ژن عمده وجود دارد.

Szwaczkowski و Szydlowski (۲۰۰۱)، با استفاده از انجام آنالیز تفرق بدون تعیین ژنوتیپ نشانگری و به کار بردن مدل مختلط در مرغ تخمگذار، گزارش کردند که ژن عمده، عامل بوجود آورنده یک سوم واریانس ژنتیکی برای صفت وزن بلوغ

جدول ۱- آمار توصیفی صفات مورد مطالعه

صفات	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات (%)
وزن بدن در ۸ هفتگی (گرم)	۱۵۱۹۲	۶۳۸	۱۱۷	۱۸/۳
سن بلوغ جنسی (روز)	۱۰۴۱۳	۱۷۹/۸	۱۶/۶	۹/۲
وزن تخم مرغ (گرم)	۱۰۲۸۴	۶۲/۷	۱۶/۰۴	۲۵/۵
تعداد تخم مرغ	۱۰۹۲۵	۵۱/۶	۳/۸	۷/۴

عمده می باشد (Janss و همکاران، ۱۹۹۵؛ Alijani و همکاران، ۲۰۱۰). توزیع پیشین یکنواخت برای اثرات ثابت (b) و توزیع پیشین نرمال با میانگین صفر برای اثرات تصادفی پلی ژنی (a) و برای مقادیر  $m, p, \sigma_a^2, \sigma_e^2$  مقادیر اولیه حدسی به کار برده شد. همچنین، ژنوتیپ های اولیه به صورت هتروزیگوت در نظر گرفته شدند. برای به دست آوردن توزیع های پسین حاشیه ای برای هر کدام از پارامترها، از تکنیک نمونه گیری گیبس<sup>۱</sup> و نرم افزار iBay (Janss, 2007) استفاده شد. با توجه به اهمیت طول دوره نمونه گیری، فاصله بین نمونه ای<sup>۲</sup> و دوره قلق گیری<sup>۳</sup> در نتایج نمونه گیری، آزمون های تشخیصی به منظور تعیین این پارامترها با استفاده از نرم افزار Gibbsit (Raftery and Lewis, 1992) انجام شد. با استفاده از نتایج این آزمون، برای هر صفت و برای هر آنالیز دو زنجیره بزرگ به طول ۵۰۰۰۰۰ تکرار و برای هر زنجیره نیز دوره قلق گیری برابر با ۵۰۰۰۰ تکرار و فاصله بین نمونه ای ۵۰ به کار برده شد. وراثت پذیری و واریانس ژنوتیپی ژنگاه ژن عمده با استفاده از پارامترهایی که به طور مستقیم در هر کدام از تکرارهای نمونه گیری گیبس تولید شده بودند، محاسبه شدند. واریانس کل ژنگاه ژن عمده با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد (Falconer and MccKay, 1996):

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

به منظور محاسبه ناحیه بالاترین چگالی پسین<sup>۴</sup> یا HPDR برای سطح ۹۵٪ پارامترهایی نظیر وراثت پذیری پلی ژنی، وراثت پذیری افزایشی ژنگاه ژن عمده و نسبت کل واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت ژنگاه ژن عمده به کل واریانس، از نرم افزار PostGibbs استفاده شد (Alijani و همکاران، ۲۰۱۰). چنان چه HPDR ۹۵٪ برای واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده برای هر کدام از صفات مورد مطالعه، مقدار صفر را شامل نمی شد، در این صورت تفرق ژن عمده برای صفت مربوطه تأیید و در غیر این صورت تفرق ژن عمده برای آن صفت رد شده و مدل صرفاً پلی ژنی تأیید می گردید. همچنین، برای کنترل نتایج مثبت اشتباه<sup>۵</sup>، از روش آزمون جایگشتی<sup>۶</sup> استفاده شد (Churchil and Doerge, 1994).

به منظور جلوگیری از اثرات مقادیر پرت بر روی آنالیز تفرق و با توجه به اثراتی که عوامل غیر ژنتیکی می توانند بر روی چولگی توزیع رکوردهای صفات داشته باشند و حساسیتی که آنالیز تفرق بیزی نسبت به این نوع چولگی دارد (Uimari و همکاران، ۱۹۹۷ و Alijani و همکاران، ۲۰۱۰)، داده ها با استفاده از فرمول زیر تحت تبدیل باکس-کاکس قرار گرفتند:

$$y = \begin{cases} \frac{\lambda}{x-1} & \lambda \neq 0 \\ \log(x) & \lambda = 0 \end{cases}$$

در این فرمول، متغیر X برابر با مشاهده اولیه یا رکوردی است که برای حیوان بدست آمده و Y هم برابر با مقدار تبدیل شده آن با استفاده از پارامتر تبدیل  $\lambda$  می باشد. مقدار پارامتر تبدیل برای هر کدام از صفات با استفاده از روش حداکثر درستنمایی و نرم افزار SAS (SAS Institute, 2001)، به طور جداگانه تعیین گردید. برای انجام آنالیز تفرق بیزی یک مدل با اثرات غیر ژنتیکی شامل اثرات نسل-نوبت جوجه کشی، جنس برای صفت بدن و متغیر کمکی طول دوره تخم گذاری برای صفت تعداد تخم مرغ و نیز اثرات ژنتیکی شامل اثرات پلی ژنی به عنوان اثر تصادفی و ژنگاه ژن عمده دو آلی به عنوان اثر ثابت، برای داده ها به صورت زیر برازش شد.

$$y = Xb + Za + ZWm + e$$

که در این مدل، y برابر با بردار مشاهدات تبدیل شده، b برابر با بردار اثرات ثابت، a برابر با بردار اثرات تصادفی پلی ژنی، m بردار اثرات ژنوتیپی افزایشی (a) و غالبیت (d) ناشناخته ژنگاه ژن عمده به صورت  $m=(a,d-a)$  و e بردار اثرات تصادفی باقیمانده است. ماتریس های X و Z حاوی ضرایبی هستند که مشاهدات را به اثرات ثابت و تصادفی ارتباط می دهند، و ماتریس W، ماتریسی است که تعیین کننده ژنوتیپ برای حیوانات بوده و تمامی عناصر آن صفر و یک می باشند، به طوری که در هر ردیف این ماتریس تنها یک مقدار برابر با یک وجود دارد و مابقی صفر هستند. عدد یک نشان دهنده وجود ژنوتیپ برای حیوان مربوطه می باشد. بنابراین بردار Wm برداری است که در برگرنده اثرات ژنگاه ژن

## نتایج و بحث

پلی ژنی، واریانس ژنتیکی کل ژنگاه ژن عمده (افزایشی به علاوه غالبیت) و نسبت های واریانس آورده شده است. انحراف معیارهای محاسبه شده از توزیع های پسین برای اکثر پارامترهای صفات پائین بود.

برای صفت سن بلوغ جنسی در جمعیت مرغان بومی مرکز فارس، نسبت واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده از نسبت واریانس تبیین شده توسط اثرات پلی ژنی بیشتر بوده و در واقع بیشتر واریانس که برای این صفت در این جمعیت دیده می شود توسط تفرق ژن عمده تبیین می شود. Szwaczkowski و Szydlowski (۲۰۰۱)، گزارش کردند که در سویه های لگهورن و نیوهمشایر، صفات وزن بدن و سن بلوغ جنسی دارای مدل توارث مختلط می باشند. همچنین برای صفات تولید و میانگین وزن تخم مرغ مدل توارث پلی ژنی را ارائه دادند. این محققین پیشنهاد کردند که اثر غلبه ی بزرگی در ژن عمده ی مؤثر بر صفت سن بلوغ جنسی در هر دو سویه قابل ردیابی است. موقعی که برای این صفت در این جمعیت، نسبت کل واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده از کل واریانس با میزان نسبت واریانس افزایشی این ژنگاه از کل واریانس (وراثت پذیری خاص) مقایسه می شود، مشاهده می گردد که برای این صفت اثرات افزایشی ژنگاه ژن عمده بخش اصلی اثرات این ژن می باشد (جدول ۲). Szwaczkowski (۱۹۹۳) نیز با استفاده از آنالیز تفرق بیزی در صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن و تعداد تخم مرغ، ژن های عمده ای را در لاین تخم گذار ردآیلندرد ردیابی کردند. برخلاف نتایج حاصل شده در پژوهش حاضر، Alijani و همکاران (۲۰۱۰)، مدل توارث پلی-ژنی را برای سن بلوغ جنسی در مرغ های بومی آذربایجان غربی پیشنهاد کردند. برای صفت وزن تخم مرغ شرایط خاصی وجود داشت به طوری که برای این صفت اثرات بخش پلی ژنی معنی دار نشد و ناحیه HPDR ۹۵٪ برای اثرات پلی ژنی صفر را در برداشت (جدول ۲).

ردیابی ژن های عمده که صفات اقتصادی مهم را در این حیوانات تحت تاثیر قرار می دهند، می تواند تاثیر قابل توجهی بر روی پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی این حیوانات داشته باشد (Argente و همکاران، ۲۰۰۳). زیرا فرض بر این است که این جایگاه ها، قسمت عمده ای از واریانس ژنتیکی صفت را توجیه کرده و بیشترین سهم را در کنترل صفت نسبت به سایر مناطق ژنومی به عهده دارند (Alijani, 2010). پارامترهای نمونه گیری گیس با یک زنجیره و با چندین پارامتر مختلف از جمله پارامتر فاصله بین نمونه ای، دوره قلق گیری و کل تکرار های نمونه گیری گیس به ترتیب در دامنه های ۱۹-۳۳، ۹۹-۲۲۸ و ۷۹۷۵۶-۲۲۷۸۹۷ تکرار برای هر کدام از صفات به طور جداگانه محاسبه شدند. بنابراین، در اکثر موارد به صورت کاملاً محافظه کارانه، پارامترهای فاصله بین نمونه ای، تکرارهای قلق گیری و تعداد کل تکرارهایی که در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفتند، بیشتر از حداکثر مقادیری بود که با روش Raftery و Lewis (۱۹۹۲) به دست آمد. با استفاده از آنالیز تفرق بیزی برای صفت سن بلوغ جنسی رکوردگیری شده در جمعیت فارس، شواهدی مبنی بر تفرق ژن عمده مشاهده شد. برای دیگر صفات اقتصادی مهم، یعنی وزن بدن، وزن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ که در این ایستگاه رکوردبرداری شده بودند، ناحیه HPDR ۹۵٪ برای پارامتر واریانس ژنتیکی ژنگاه ژن عمده صفر را شامل می شد. این امر نشان دهنده عدم تفرق ژن عمده برای این صفات در جمعیت مورد مطالعه بود (Alijani و همکاران، ۲۰۱۰).

خصوصیات توزیع های پسین حاشیه ای برای برخی از پارامترهای مدل توارثی پیچیده (مدل شامل اثرات پلی ژنی و ژن عمده) که مستقیماً از نرم افزار به دست می آیند و برخی دیگر از پارامترهایی که از روی آن ها محاسبه شدند، برای صفات مورد بررسی در جدول ۲ آورده شده است. در این جدول میانگین، انحراف معیار، نواحی با بالاترین چگالی پسین یا HPDR ۹۵٪ از توزیع های پسین حاشیه ای، برای پارامترهای واریانس باقی مانده، واریانس

جدول ۲- خصوصیات توزیع های پسین حاشیه ای برای اثرات ژنگاه ژن عمده و نسبت های واریانس برای جمعیت فارس (در مقیاس تبدیل شده)

لپامتر	P.M.	P.S.D.	RHPDR 95%	LHPDR 95%	صفت
$\sigma_e^2$	۰/۰۰۰۲۷	۰/۰۰۰۰۱	۰/۰۰۰۲۵	۰/۰۰۰۰۳	سن بلوغ جنسی
$\sigma_{poly}^2$	۰/۰۰۰۱۸	۰/۰۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱۵	۰/۰۰۰۲۲	
$\sigma_{major}^2$	۰/۰۰۰۰۲	۰/۰۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱۶	۰/۰۰۰۲۵	
$h_{poly}^2$	۰/۲۷۶	۰/۳۳۳	۰/۲۶۷	۰/۲۸۵	
$h_{major}^2$	۰/۳۰۷	۰/۳۳۳	۰/۲۸۵	۰/۳۲۴	
$\sigma_e^2$	۹۶/۵۸	۲/۲۶	۹۱/۹	۱۰۶/۸۸	وزن بدن
$\sigma_{poly}^2$	۶۲/۱۱	۳/۱۰	۵۵/۳۱	۷۳/۳۵	
$\sigma_{major}^2$	۵۱۲/۲۲	۲۷/۶۱	۴۷۹/۲۵	۶۲۶/۳۰	
$h_{poly}^2$	۰/۰۹۲۵	۰/۰۹۴	۰/۰۸۸	۰/۰۹	
$h_{major}^2$	۰/۷۶۳	۰/۸۳۷	۰/۷۶۵	۰/۷۷۶	
$\sigma_e^2$	۰/۰۰۲۲	۰/۰۰۰۰۸	۰/۰۰۱۸۹	۰/۰۰۲۵	تعداد تخم مرغ
$\sigma_{poly}^2$	۰/۰۰۰۷۷	۰/۰۰۰۰۵	۰/۰۰۰۰۶	۰/۰۰۰۹۸	
$\sigma_{major}^2$	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۰۰۳۵	۰/۰۰۰۲۶۲	۰/۰۰۰۵۳۹	
$h_{poly}^2$	۰/۱۱	۰/۰۴۱	۰/۱۱	۰/۱۱۷	
$h_{major}^2$	۰/۵۷	۰/۲۹	۰/۶۰	۰/۵۱	
$\sigma_e^2$	۰/۰۰۰۰۲	۰/۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۱۹	۰/۰۰۰۰۲۱	وزن تخم مرغ
$\sigma_{poly}^2$	۰۰۰۰	۰۰۰۰	۰۰۰۰	۰۰۰۰	
$\sigma_{major}^2$	۰/۰۰۰۰۴۳	۰/۰۰۰۰۱۴	۰/۰۰۰۰۰۲	۰/۰۰۰۰۷۲	
$h_{poly}^2$	۰	۰	۰	۰	
$h_{major}^2$	۰/۶۸	۱	۰/۰۹۵	۰/۷۷	

P.M: میانگین پسین، P.S.D: انحراف استاندارد مونت کارلو پسین و 95% RHPDR و 95% LHPDR به ترتیب نواحی سمت راست و سمت چپ بالاترین چگالی پسین در سطح ۹۵٪ بدست آمده از توزیع های پسین حاشیه ای،  $h_{poly}^2$  و  $h_{major}^2$  به ترتیب نسبت های واریانس پلی ژنی، واریانس افزایشی ژنگاه ژن عمده و واریانس کل ژنگاه ژن عمده (نسبت واریانس افزایشی و غالبیت ژن عمده) به واریانس کل

عوامل غیر ژنتیکی این نتایج بدست آمده باشد، پایین است (Maki و همکاران ۲۰۰۴). علاوه بر این، با استفاده از مشاهدات تبدیل باکس - کاکس شده، تا حدود زیادی اثرات عوامل غیر ژنتیکی بر روی توزیع باقیمانده رکوردهای صفات کاهش داده شده و از این رو تفرق ژن عمده برای این صفات محتمل تر است. البته اثرات غالبیت بر روی صفات نیز علت دیگر تفرق ژن عمده در جمعیت هایی با انتخاب شدید، به ویژه در طیور می باشد که در

مقایسه اثر افزایشی و غالبیت ژنگاه ژن عمده (۰/۰۱۶) در مقایسه با (۰/۰۱۲) نشان داد که بخش عمده واریانس ژنتیکی ژنگاه مربوط به اثر افزایشی است. از آن جا که نواحی HPDR ۹۵٪ برای واریانس ژنتیکی ژن عمده در آزمون جایگشتی برای صفات سن بلوغ جنسی جمعیت فارس شامل عدد صفر نشد، بنابراین برای این صفات، می توان چنین نتیجه گیری کرد که احتمال اینکه تفرق ژن برای صفات مورد مطالعه در این جمعیت واقعی نبوده و در اثر

شود در ایستگاه اصلاح نژاد مرغان بومی فارس با استفاده از نمونه گیری استاندارد و روش های آزمایشگاهی نظیر استفاده از نشانگرهای ملکولی، ریزتراشه ها و داده های توالی یابی نسل بعد (NGS)، نتایج بدست آمده مورد بررسی قرار گیرند. همچنین پیشنهاد می شود، تحقیق حاضر در سایر مراکز مرغ بومی نیز با استفاده از اطلاعات جمع آوری شده اجرا شده و یافته های لازم و تکمیلی به منظور تعیین مناطق ژنومی درگیر و کنترل کننده صفات مهم اقتصادی به کار گرفته شود.

مورد یافته تحقیق حاضر این امر صادق است. باید خاطر نشان کرد که تقریباً تمامی روش های آماری ردیابی ژن های عمده که از اطلاعات مولکولی استفاده نمی کنند دارای مشکل پایین بودن توان آماری هستند.

بنابراین قبل از استفاده از نتایج این روش ها، می بایست در یک سری آزمایش ها با استفاده از اطلاعات نشانگری مناسب، این نتایج تایید و سپس در ارزیابی های ژنتیکی مانند انتخاب به کمک نشانگر یا MAS مورد استفاده قرار گیرند. بنابراین پیشنهاد می

جدول ۳ - میانگین های پسین حاشیه ای و انحراف معیار اثرات افزایشی (a) و غالبیت (d) در ژنکاه های ژن عمده معنی دار و درجه غالبیت آنها ( $\frac{d}{a}$ )

نسبت d به a	اثر غالبیت (d)		اثر افزایشی ژن (a)		فراوانی آللی		خصوصیات آماری
	P.SD.	P.M.	P.SD	P.M	P.SD	P.M	
۰/۷۵	۰/۰۰۰۱	۰/۰۱۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۱	۰/۲۰	ASM

### نتیجه گیری

نتایج پژوهش حاضر می تواند به عنوان مقدمه ای بر نقشه یابی تفرق ژنی باشد. استفاده از نتایج این قبیل مطالعات می تواند منجر به تعیین نقشه راه و صرفه جویی زیاد در زمان، بودجه و امکانات شود. در این مطالعه برای صفت سن بلوغ جنسی شواهدی مبنی بر تفرق ژن عمده یافت شد. بنابراین لازم است ژن های کاندید و مناطق ژنومی کنترل کننده این صفت به صورت نقشه یابی دقیق و با استفاده از روش های آزمایشگاهی تعیین شوند. سپس جهش های مؤثر (عامل) احتمالی شناسایی شده و در برنامه انتخاب مولدین این نژاد مورد استفاده قرار گیرند.

### پاورقی:

- 1-Gibbs Sampling
- 2-Thining Interval
- 3-Burn In
- 4- Highest Posterior Density Range
- 5- False Discovery Rate
- 6-Permutation Test

### منابع

Alijani, S. (2010) Major genes detection in farm animals using statistical Bayesian and molecular methods. PhD Thesis. Tehran University, Karaj, Iran. 142 pp

Alijani, S., Mehrabani-Yeganeh, H., Nejati Javaremi, A., Rahimi, G.H. and Janss, L.L.G. (2010) Bayesian segregation analysis to detect major genes influencing four economically important traits in two Iranian native pedigreed chickens. *The 10th Iranian Statistical Conference*. University of Tabriz. Tabriz. Iran.

Argente, M.J., Blasco, A., Ortega, J.A., Haley, C.S., Visscher, P. M. (2003) Analysis of the presence of a major gene affecting uterine capacity in unilaterally overioctomized rabbits. *Genetics*. 163: 1061-1068.

Churchill, G.A. and Doerge, R.W. (1994) Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*. 138(3): 963-971.

Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. 4<sup>th</sup> edn. Longman. Group: Essex.

Janss, L.L.G., Thompson, R. and Van Arendonk, J.A.M. (1995) Application of Gibbs sampling for inference in a mixed major gene - polygenic inheritance model in animal populations. *Journal of Theoretical and Applied Genetics*. 91: 1137-1147.

- Janss, L.L.G. (2007) iBay manual version 1.33. <http://www.lucjanss.com/Docs/iBayManual133.pdf>.
- Liu, W., Li D., Liu, J., Chen, S., Qu, L., Zheng, J., Xu, G. and Yang, N. (2011). A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in White Leghorn and brown-egg dwarf layers. *PLoS One*, 6(12).
- Maki, K., Janss, L.L.G., Groen, A.F., Liinamo, A.E. and Ojala, M. (2004) An indication of major genes affecting hip and elbow dysplasia in four Finnish dog population. *Heredity*. 92(5): 402-408.
- Pan, Y., Boettcher, P.J. and Gibson, J.P. (2001) Bayesian segregation analysis of somatic cell score of Ontario holster in cattle. *Journal of Dairy Sci.* 84: 2796-2802.
- Raftery, A.E., Lewis S. (1992) How many iteration in the Gibbs sampler?, pp. 763-773 in Bayesian statistics 4, edited by J. O. Berger, J. M. Bernardo, A. P. Daiwid and A. F. M. Smith. Oxford University Press, Oxford.
- SAS Institute. 2001. SAS/STAT User's Guide: Statistics. Release 8.2. SAS Institute Inc., Cary, NC
- Szwaczkowski, T. (1993) Identification of major animal genes in field collected data by use of statistical methods. A review. *Journal of Animal and Feed Sciences*. 2: 91-103.
- Szydlowski, M. and Szwaczkowski, T. (2001) Bayesian segregation analysis of production traits in two strains of laying chickens. *Poultry Science*. 80: 125-131.
- Uimari, P., Kemp, S. J., Dekkers, J. C. M., Teale, A. J. and Kennedy, B. W. (1997) Sensitivity of segregation analysis to data structure and transformation: a case study of trypanotolerance in mice. *Heredity*, 78: 424-432.

■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■ ■