

بررسی اثرات مادری و ردیابی ژن‌های عمده موثر بر صفات کیفی داخل تخم مرغان بومی آذربایجان

مینا رنجبر^۱، صادق علیجانی^۲، سیدعلی میرقلنج^{۳*} و حسین دقیق کیا^۲

تاریخ دریافت: ۹۴/۳/۹ تاریخ پذیرش: ۹۵/۶/۲۳

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

^۲ دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

^۳ استادیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: Email: a_mirghelenj@yahoo.com

چکیده

زمینه مطالعاتی: ردیابی ژن‌های عمده موثر بر صفات کیفی تخم مرغ. **هدف:** بررسی اثرات مادری و ردیابی ژن‌های عمده صفات کیفی داخل تخم مرغان بومی آذربایجان **روش کار:** در تحقیق حاضر، پس از رکوردبرداری صفات کیفی داخلی تخم مرغ در جمعیت مرغ‌های بومی آذربایجان، احتمال تفرق ژن‌های عمده در صفات داخلی تخم مرغ به صورت مجزا با استفاده از یک مدل حیوانی تک متغیره و با استفاده از آنالیز بی‌زی و شاخص ژن عمده مورد آنالیز قرار گرفت. **نتایج:** بر اساس نتایج بدست آمده، شاخص ژن عمده محاسبه شده با استفاده از نتایج مدل تک متغیره تفرق ژن عمده برای صفات داخلی تخم مرغان بومی آذربایجان شامل وزن زرده، عرض زرده، ارتفاع زرده، pH زرده، pH سفیده، نسبت زرده به سفیده، ضریب زرده، درصد زرده و سفیده و در نهایت مقدار ماده خشک زرده و سفیده مورد تایید قرار گرفت. **نتیجه گیری نهایی:** با توجه به تأیید تفرق ژن عمده با روش شاخص ژن عمده و برای صفات کیفیت داخلی تخم مرغ، چنین نتیجه گیری می‌شود که احتمال تفرق ژن عمده موقعی که تمامی جمعیت در نظر گرفته می‌شود، برای صفات وزن زرده، عرض زرده، pH سفیده، وزن آلبومین، شاخص زرده و لکه خونی - گوشتی مورد تایید قرار می‌گیرد. بنابراین برای این صفات می‌توان با اجراء طرح‌های دقیق ردیابی ژن‌های عمده مانند طرح برادران - خواهران ناتنی در ایستگاه مرغ بومی آذربایجان غربی و استفاده از مارکرهای ریزماهواره، ژن‌های عمده را با دقت بالا ردیابی و ضمن تعیین میزان اثر این ژن‌ها، محل قرار گیری آنها بر روی کروموزوم‌ها را نیز دقیقاً تعیین نمود.

واژگان کلیدی: تفرق ژن، کیفیت، سفیده، مرغ بومی

مقدمه

دارند. تغییر ساختار ژنتیکی، با استفاده از روش‌های به‌گزینی و آمیخته‌گری، امکان پذیر است. در بین صفات نیز، ترکیب اجزای داخلی تخم مرغ چون مواد لازم برای

مرغ بومی آذربایجان یکی از نژادهایی است که از لحاظ تخم‌گذاری زیاد خوب نبوده و میزان کرچی بالایی

صفات اقتصادی مختلف تخم مرغ در مرغان بومی را مورد بررسی قرار دادند. در سال ۲۰۰۵ نیز آیوچیا و همکاران (۲۰۰۵) از MGI برای ردیابی ژن‌های عمده بر روی صفات تولید تخم مرغ و سن بلوغ جنسی مرغ‌ها استفاده کرده و به وجود ژن‌عمده برای این صفات پی بردند.

مزایای استفاده از روش شاخص ژن عمده عبارتند از: (۱) ساده‌تر بودن این روش نسبت به روش‌های دیگر (۲) در این روش زمان کمتری صرف می‌شود و (۳) در این روش هزینه کمتری صرف می‌شود. هدف این تحقیق، بررسی اثرات مادری و ردیابی ژن‌های عمده صفات کیفی داخل تخم مرغان بومی بود.

مواد و روش‌ها

برای انجام این تحقیق، از داده‌های مرکز مرغ بومی آذربایجان در ارومیه استفاده شد. صفاتی که مرغان بومی براساس آنها در این مراکز انتخاب می‌شوند شامل وزن ۸ و ۱۲ هفتگی، تعداد تخم مرغ در ۱۲ هفته اول تخمگذاری و وزن در سن بلوغ جنسی می‌باشد (کیانی منش ۱۳۷۸). طیور این مرکز به نسل شانزدهم خود رسیده و شامل سالن اصلاحی یک که جوجه‌های کمتر از ۴/۵ ماه در آن نگهداری می‌شوند و جوجه‌های دوهفته به پایین در سه پن حدود ۲۵۰۰ قطعه و دو هفته به بالا در دو پن حدود ۲۵۰۰ قطعه که در بستر نگهداری می‌شوند. سالن پرورش یا اصلاحی اصلی که مرغ و خروس‌های بالاتر از ۴/۵ ماه به بالا و با نسبت ۱۲ به ۱ در یک قفس به همراه لانه تخمگذاری چهارخانه‌ای نگهداری می‌شوند و کل مرغ و خروس‌ها در ۹۸ قفس نگهداری می‌شوند. برای شناسایی جوجه‌ها در هنگام هچ، شماره بال در سمت چپ و بعد از ۴/۵ ماه شماره پا زده می‌شد. صفات وزن بدن (در یک روزگی، ۸ و ۱۲ هفتگی و هنگام بلوغ جنسی)، تعداد تخم مرغ (در سه ماه اول تولید)، وزن تخم مرغ (در ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی) و سن بلوغ جنسی رکورد گیری می‌شوند

جنین را فراهم می‌کنند می‌توانند بر روی جوجه درآوری و کیفیت جوجه تأثیر مستقیمی داشته باشند (هارتمن و همکاران ۲۰۰۰). در این میان، تشخیص ژن‌های انفرادی (به خصوص ژن‌های عمده) می‌تواند کاربردهای مفیدی داشته باشد چرا که اولاً با مشخص کردن ژن‌های انفرادی می‌توان برنامه‌های انتخاب ژنتیکی حیوانات را به ویژه برای صفات با توارث پذیری پایین و صفاتی که فقط در یک جنس بیان می‌شوند را بالا برد (علیجانی و همکاران ۱۳۸۸)، ثانیاً تکنولوژی انتقال ژن می‌تواند آلل‌های ایجاد کننده بیماری‌های مضر را شناسایی و از ایجاد این بیماری‌ها جلوگیری نماید. ثالثاً نواقص موجود در تئوری نامحدود ژنی در تبیین صفات کمی برطرف شده تئوری‌های واقعی‌تر درک ما را از پدیده‌های ژنتیکی توسعه خواهد داد (فالکونر و مکی ۱۹۹۶). ساکس (۱۹۲۳) نشان داد که نشانگرهای ژنتیکی می‌توانند در تعیین عوامل ژنتیکی تأثیر گذار بر صفات کمی یا جایگاه صفات کمی (QTL) مورد استفاده قرار گیرند. یک روش ساده برای تشخیص ژن‌عمده، روش MGI است (کارلین و همکاران ۱۹۷۹). این روش بر اساس انحراف ارزش ژنتیکی هر فرزند از میانگین والدین و انحراف فرزند از هرکدام از والدین محاسبه می‌شود. برای اولین بار، این انحراف با استفاده از اندازه‌گیری مقدار فنوتیپی تعریف شد (کارلین و همکاران ۱۹۷۹). در سال‌های بعد فامولا (۱۹۸۶) این شاخص را بر اساس ارزش‌های اصلاحی با روش BLUP توضیح داد. این روش نسبت به دیگر روش‌های شناسایی ژن‌عمده آسان‌تر است و صرفه جویی در وقت و هزینه می‌شود (اویاکو و همکاران ۲۰۰۵). در گذشته نیز آزمایشات مختلفی، وجود ژن عمده موثر بر روی برخی صفات را گزارش و بررسی کرده‌اند. علیجانی و همکاران (۱۳۸۸) ژن‌های عمده موثر بر روی

^۱ جایگاه صفات کمی quantitative trait locus

^۲ Major gene index شاخص ژن عمده

در معادلات مختلط [۲]، بردارهای y ، \hat{b} و \hat{u} بترتیب نشاندهنده بردار رکوردها، بردار اثرات ثابت و بردار ارزشهای اصلاحی بوده، ماتریسهای X و Z به ترتیب ماتریسهای طرح ارتباط دهنده رکوردها به اثرات ثابت و تصادفی ارزش اصلاحی حیوانات بوده و ماتریسهای R و G نیز بترتیب ماتریسهای واریانس-کواریانس اثرات باقیمانده و ماتریس واریانس-کواریانس ارزشهای اصلاحی می‌باشد.

در عمل برای بدست آوردن شاخص ژن عمده از نرم افزارهای SAS، Foxpro و Excel استفاده شد. به این ترتیب که ابتدا فایل Solution بدست آمده از نرم افزار Gibbs1F90 را برای هر صفت با توجه به مدل برگزیده هر صفت جدا نموده (از بین ۸ مدل مورد بررسی در این مطالعه) و با استفاده از نرم افزار SAS ارزشهای اصلاحی استخراج و بصورت فایل متنی ذخیره شد. در انتها با استفاده از این فایل و برنامه نویسی در محیط Excel، شاخص ژن عمده در سه سطح ۰/۵، ۱ و ۲ برای پارامتر K بدست آمد. برای تایید تفرق ژن عمده از طریق شاخص ژن عمده ۳ شرط لازم عبارت بودند از:

(۱) مقدار MGI بزرگتر از ۱ شود. (۲) اختلاف بین مقدار $MGI(K)$ و $MGI(K)$ افزایش یابد (یعنی با افزایش k اختلاف بین $MGI(0/5)$ ، $MGI(1)$ و $MGI(2)$ افزایش یابد. (۳) با افزایش مقدار K مقدار $MGI(K)$ نیز افزایش یابد.

شاخص فوق برای خانواده‌هایی (خروس‌هایی) که بیش از ده فرزند داشتند نیز محاسبه شد.

نتایج و بحث

میانگین شاخص ژن عمده اندازه‌گیری شده برای صفات داخلی تخم مرغ توسط مدل تک متغیر در جدول ۱ نشان داده شده است. اگر چه این شاخص یکی از روش‌های آماری برای تشخیص ژن‌های عمده است، اما نسبت به سایر روش‌های آماری قدرت کمتری دارد زیرا این شاخص زمانی ژن عمده را تشخیص می‌دهد که ژن

(بی نام ۱۳۷۶). صفات عملکرد طیور تخمگذار بطور منظم تهیه شد و صفات مربوط به خصوصیات داخلی تخم مرغ نیز که اندازه‌گیری شدند عبارت بودند از: وزن تخم مرغ، ارتفاع سفیده، وزن سفیده، واحد‌ها، مقیاس رنگ زرده، وجود لکه خونی یا گوشتی، وزن زرده، عرض زرده، ارتفاع زرده، pH زرده، pH سفیده، ماده خشک زرده، ماده خشک سفیده، شاخص زرده، ضریب زرده، درصد زرده، درصد سفیده و نسبت زرده به سفیده.

روش محاسبه شاخص ژن عمده

برای محاسبه ارزش اصلاحی از تمامی اطلاعات موجود در فایل شجره و تمامی روابط خویشاوندی با در نظر گرفتن بهترین مدل استفاده شد، سپس با استفاده از فرمول زیر شاخص ژن عمده برای صفات به صورت جداگانه محاسبه شد:

[۱]

$$MGI(p, \alpha) = \frac{\sum_{i=1}^n \frac{1}{k_i} \sum_{j=1}^{k_i} \left[\left| a(O_{ij} - \frac{a(P) + a(M_i)}{2}) \right| \right]^\alpha}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{k_i} \sum_{j=1}^{k_i} \left[\left| a(O_{ij}) - a(P) \right|^{\alpha/2} \left| a(O_{ij}) - a(M_i) \right|^{\alpha/2} \right]^\alpha}$$

که در فرمول [۱]، ارزش اصلاحی فرزند i ام مادر i ام و P ارزش اصلاحی پدر و M_i ارزش اصلاحی مادر i ام است. n تعداد فرزندان پدر و k تعداد فرزندان مادر است و α پارامتر شناخته شده است که مقادیر ۰/۵، ۱ و ۲ را می‌گیرد (کارلین و همکاران ۱۹۷۹). برای ارزیابی MGI پارامتر انحراف بر سه سطح کوچک (۰/۵)، متوسط ($\alpha=1$) و بزرگ ($\alpha=2$) تأکید می‌شود. همان طور که در بالا آمده است این ارزش‌های اصلاحی نتاج و والدین که در معادله فوق مورد استفاده قرار گرفته‌اند با برآورد مؤلفه واریانس و کواریانس با روش بی‌زی و قرار دادن آن در معادلات مختلط [۲] بدست می‌آید.

[۲]

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

مازندران، برای هر چهار صفت سن بلوغ جنسی، وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی، میانگین وزن تخم در طول ۸۴ روز تخمگذاری و تعداد تخم گذاشته شده در طول دوره تولید تخم، تفرق ژن‌عمده را تأیید نمودند، در حالیکه برای جمعیت مرغ‌های بومی آذربایجان، وجود ژن‌عمده تنها برای صفت وزن تخم، تأیید شد. هاجا و همکاران (۲۰۰۵) با استفاده از آنالیز بیزی ژن‌های عمده‌ای که روی صفت بیماری استخوان در خوک‌ها اثر داشت را شناسایی کردند.

ایلاهی و همکاران (۲۰۰۴) با استفاده از آنالیز بیزی و نمونه‌گیری گیبس ژن‌های عمده موثر روی صفت سیالیت شیر را گزارش کردند. علیجانی و همکاران (۱۳۸۸) ژن‌های عمده تأثیرگذار بر روی چهار صفت اقتصادی سن بلوغ جنسی، وزن بدن، وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ تولیدی در دو مرکز اصلاح نژادی مازندران و آذربایجان غربی را با روش‌های مختلف آماری مورد ردیابی قرار دادند. نتایج آزمون نرمالیت‌ه حاکی از تفرق ژن‌ها برای چهار صفت اقتصادی در هر دو مرکز اصلاح‌نژادی بود.

آیوچیا و همکاران (۲۰۰۵) از شاخص ژن‌عمده برای ردیابی ژن‌های عمده بر روی صفات راندمان تولید تخم مرغ و سن بلوغ جنسی در لاین رد ایلند استفاده کرده و به وجود ژن‌عمده برای این صفات پی بردند. راجیلد و همکاران (۱۹۹۶) با استفاده از روش‌های آماری وجود ژن‌عمده موثر روی صفات تولید مثلی خوک‌های ماده را تشخیص دادند. لوسکی و همکاران (۲۰۰۱) حضور ژن عمده را برای صفت سن بلوغ جنسی و وزن بدن را با استفاده از تفرق ژن عمده در گله لگهورن که اثر فوق‌غلبه روی این صفت را داشت گزارش کردند.

عمده ۲۰٪ واریانس فنوتیپی را تشخیص دهد. در صورت امکان برای تشخیص دقیق این ژن‌ها بهتر است از روش تجزیه و تحلیل تفرق بیزی همراه با روش‌های ملکولی استفاده شود. آرچنت و همکاران (۲۰۰۳) طی بررسی حضور ژن عمده برای برخی صفات تولیدمثلی در خرگوش با انجام سه آزمون بارتلت، فین و آنالیز تفرق پیچیده به این نتیجه رسیدند که ژن عمده مؤثر برای صفات ظرفیت رحمی و تعداد رویان جایگزین شونده، وجود دارد. نتایج آنالیز تفرق پیچیده، حضور یک ژن‌عمده با اثر بزرگ را در صفات تعداد رویان جایگزین شونده و قابلیت زنده ماندن رویان، نشان داد که به ترتیب ۰/۴۷ و ۰/۳۹ از واریانس کل را توضیح می‌داد. هاگر و همکاران (۲۰۰۴) با استفاده از یک مدل مختلط به طور جداگانه، داده‌های دو لاین تحت انتخاب و یک لاین کنترل از یک جمعیت پایه مرغ‌ها را مورد بررسی قرار دادند. استنباط مدل به وسیله نمونه‌گیری گیبس برای داده‌های وزن بدن در ۲۰ و ۴۰ هفتگی و نیز میانگین وزن تخم تا ۴۰ هفتگی انجام شد. اثرات افزایشی و غالبیت ناشی از ژنوتیپ‌ها در لوکوس عمده برای همه صفات معنی‌دار اعلام شد ($P < 0/05$). همچنین واریانس افزایشی ناشی از لوکوس عمده در همه صفات معنی‌دار اعلام شد ($P < 0/05$). وان‌کام و همکاران (۲۰۰۶) با استفاده از یک مدل حیوانی با اثرات پلی ژنی و اثرات آلی QTL، داده‌های وزن ۴۸ هفتگی جوجه‌های گوشتی که از دو آزمایش بازدهی رشد و صفات لاشه بدست آمده بود را مورد بررسی قرار دادند و به این نتیجه رسیدند که این QTL احتمالی که در دامنه نشانگر مورد بررسی آنها فرض شده بود، عامل ۳۴ درصد واریانس ژنتیکی در نرها و ۲۴ درصد واریانس ژنتیکی در ماده‌ها در آزمایش بازدهی رشد و نیز عامل ۱۹ درصد واریانس ژنتیکی در نرها و ۶ درصد واریانس ژنتیکی در ماده‌ها در آزمایش صفات لاشه بوده است. علیجانی و همکاران (۲۰۱۰) در یک بررسی با استفاده از روش آنالیز تفرق بیزی، در جمعیت مرغ‌های بومی

برای صفات عرض زرده، وزن زرده، pH سفیده، وزن آلبومین، شاخص زرده و لکه خونی - گوشتی مورد تایید قرار می‌گیرد اما در صورتی که خانواده‌های ناتنی پدری با تعداد بیش از ۱۰ فرزند در نظر گرفته شود برای صفات رنگ زرده، وزن زرده، عرض زرده، ارتفاع زرده، pH زرده، pH سفیده، وزن آلبومین، واحد هاو، شاخص زرده، نسبت زرده به سفیده، تفرق ژن عمده مورد تایید قرار می‌گیرد. لازم به ذکر است که با استفاده از روش شاخص ژن عمده فقط تفرق کلی ژنها مورد تایید قرار می‌گیرد و مشخص نیست که این ژنها بر روی کدام کروموزوم ها بوده و میزان اثر آنها چه مقدار می‌باشد. با این حال با توجه به هزینه های زیاد کارهای مولکولی که دقیقترین روش‌ها برای ردیابی ژن‌های عمده می‌باشند، استفاده از این روش‌ها برای کاهش هزینه‌ها و بررسی‌های مقدماتی ضروری می‌باشد.

باید خاطر نشان ساخت که مرغان بومی از نظر ژنتیکی در مقایسه با نژادهای خارجی و یا مرغهای لاین که برای سالهای متوالی و در نسلهای متعدد تحت شدیدترین برنامه انتخابی بود هاند و بنابراین به همگنی ژنتیکی بالایی رسیده‌اند، تنوع ژنتیکی بالایی دارند. بنابر این محاسبه شاخص ژن عمده در کل جمعیت باید با دقت بالایی بررسی شود. بنابراین در این تحقیق علاوه بر محاسبه شاخص ژن عمده در کل جمعیت و بررسی اولیه برای حضور ژن عمده به وسیله این شاخص برای اطمینان از وجود یا عدم وجود ژن عمده بطور کل، پدرانی که بیش از ۱۰ فرزند داشتند، انتخاب شده و میانگین شاخص ژن عمده برای پدرانی که بیش از ۱۰ فرزند داشتند محاسبه و در جدول ۲ نشان داده شد. با توجه به جدول ۳ مشاهده می شود که با در نظر گرفتن معیارهایی که قبلاً اشاره شد، می‌توان نتیجه گرفت که موقعی که تمامی جمعیت در نظر گرفته می‌شود و با روش شاخص ژن عمده، تفرق ژن عمده

جدول ۱- میانگین MGI اندازه‌گیری شده در حیوانات برای صفات کیفی داخلی تخم مرغ توسط مدل تک متغیره

Table1- The average values of MGI in animals for internal egg quality traits using univariate animal model

لکه گوشتی (%) Spot	شاخص زرده (%) YI	واحد هاو HU	وزن آلبومین (گرم) AW	سفیده pH ApH	pH زرده YpH	ارتفاع زرده (میلی‌متر) YH	عرض زرده (میلی‌متر) YWIDTH	وزن زرده (گرم) YW	رنگ زرده Ycolor	ارتفاع سفیده (میلی‌متر) AH	سطوح K Levels of K
0.83031	0.85254	0.78922	0.96006	1.00508	0.65366	0.80059	0.94076	0.91193	0.70185	0.80213	MGI(0.5)
0.84056	0.98005	0.68268	1.00212	1.08243	0.53290	0.76771	0.95612	0.91761	0.62180	0.77965	MGI(1)
1.62717	1.18483	0.59501	1.24980	1.38042	0.49911	0.86078	1.09666	1.03536	0.64273	0.69278	MGI(2)

جدول ۲- میانگین MGI اندازه‌گیری شده برای پدران با بیش از ۱۰ فرزند

Table2- The average values of MGI for sire having more than 10 offspring

وزن خشک زرده (گرم) Ydry	وزن خشک سفیده (گرم) Adry	درصد زرده YP	درصد سفیده AP	نسبت زرده به سفیده (%) YC	شاخص زرده (%) YI	واحد هاو HU	وزن آلبومین (گرم) AW	سفیده pH ApH	ارتفاع زرده (میلی-متر) YH	عرض زرده (میلی‌متر) YWIDTH	وزن زرده (گرم) YW	رنگ زرده Ycolor	ارتفاع سفیده (میلی-متر) AH	سطوح K Levels of K		
1.029	1.051	1.047	1.027	1.052	1.067	1.068	0.789	0.926	1.035	1.085	1.035	1.052	1.033	1.013	0.802	MGI(0.5)
1.071	1.100	1.121	1.063	1.080	1.135	1.152	0.682	0.926	1.074	1.163	1.087	1.099	1.068	1.034	0.779	MGI(1)
1.133	1.160	1.300	1.157	1.112	1.253	1.402	0.595	0.987	1.124	1.317	1.171	1.157	1.132	1.031	0.692	MGI(2)

جدول ۳- میانگین MGI اندازه‌گیری شده برای پدرانی که دارای بیش از ۱۰ فرزند بوده و همچنین ژن عمده در صفات مورد بررسی آنها ردیابی شده است

Table3- The average values of MGI for sire having more than 10 offspring and also was detected major gene in their traits

وزن خشک زرده	وزن خشک سفیده زرده	درصد زرده AP	درصد زرده YP	ضریب زرده (%) YC	نسبت زرده به سفیده (%) Rya	شاخص زرده (%) YI	وزن آلبومین (گرم) AW	سفیده pH ApH	زرده pH YpH	ارتفاع زرده (میلی‌متر) YH	عرض زرده (میلی‌متر) YWIDTH	وزن زرده (گرم) YW	سطوح K Levels of K
1.02931	1.05	1.01834	1.02764	1.04922	1.06702	1.06840	1.09446	1.02291	1.08535	1.03517	1.04922	1.02847	MGI(0.5)
1.07123	1.10	1.07312	1.06387	1.09610	1.13597	1.15282	1.17930	1.06241	1.16335	1.08785	1.09463	1.06893	MGI(1)
1.13306	1.16	1.24792	1.15737	1.15734	1.25340	1.40287	1.27584	1.12790	1.31780	1.17127	1.14292	1.14306	MGI(2)

منابع مورد استفاده

بی نام. ۱۳۷۶. گزارش اداره کل پرورش و اصلاح نژاد طیور و زنبور، اهداف، دستورالعمل‌ها و روش‌هایی اجرایی طرح ملی مراکز پشتیبانی مرغ بومی. معاونت امور دام، وزارت جهاد سازندگی.

خاش ا. ۱۳۸۵. ارزیابی گاوهای نژاد مونبلیارد با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی. پایان‌نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام. دانشکده کشاورزی. دانشگاه تهران (پردیس ابوریحان).

صالحی‌نسب م. ۱۳۹۱. برآورد پارامترهای ژنتیکی و ردیابی ژنهای بزرگ‌اثر برای برخی صفات اقتصادی مرغهای بومی استان اصفهان با استفاده از روشهای مختلف آماری. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده ی علوم دامی. دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان.

علیجانی ص، نجاتی جوارمی ا، مهربانی یگانه ح، رحیمی ق و جانس ل ل ج. ۱۳۸۸. ردیابی ژن‌های عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی ایران با استفاده از روش‌های آماری. مجله ی پژوهش‌های علوم دامی، شماره ۲. صفحه‌های ۱۵-۲۷.

کیانی منش ح. ۱۳۷۸. برآورد ضرایب اقتصادی صفات مهم تولیدی در مرغان بومی مازندران. پایان‌نامه ی کارشناسی ارشد. دانشگاه مازندران.

Alijani S, Yegane Mehrabani H, Nejati Javaremi A, Rahimi GH and Janss LLG, 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.

Argente MJ, Blasco A, Ortega JA, Haley CS and Visscher PM, 2003. Analysis for the presence of major gene affecting uterine capacity in unilaterally ovariectomized rabbits. Genetics. 163: 1061-1068.

Falconer DS and Mackay TFC, 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th edition. London, Longman. 465p.

Famula TR, 1986. Identifying single genes of large effect in quantitative traits using best linear unbiased prediction. Journal of Animal Science 63: 68-76.

Hagger C, Janss LLG, Kadarmideen HN and Stranzinger G, 2004. Bayesian inference on major loci in related multigeneration selection lines of laying hens. Poultry Science 83: 1932-1939.

Haja N and Luc LG, 2005. Evidence of a major gene from Bayesian segregation analyses of liability to Osteochondral diseases in Pigs. Genetetic Science 71: 1195-1206.

Hartmann C, Johansson K, Strandberg E and Wilhelmson M, 2000. One generation divergent selection on large and small yolk proportion. British Poultry Science 41: 280-286.

Ilahi H and Kadarmideen HN, 2004. Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs sampling. Genetic Selection Evolution 36: 563-576.

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.

- Meyer K, 1997. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Livestock Production Science* 52: 187-199.
- Ochiai A, Ishida T, Oyama K and Mukai F, 2005. Trial for detecting carriers with major genes in a selected layer line. *Animal Science Journal* 76: 195-201.
- SAS Institute, 2003. *SAS/STAT User's Guide: Statistics*. Release 9.1. SAS Institute Inc.
- Van Kaam JBCHM, Bink MCAM, Maizon DO, Van Arendonk JAM and Quaas RL, 2006. Bayesian reanalysis of a quantitative trait locus accounting for multiple environments by scaling in broilers. *Animal Science* 84: 2009-2021.

Evaluation of maternal effects and detecting major genes affecting internal egg quality traits of Azerbaijan native chickens

M Ranjbar¹, S Alijani², SA Mirghelenj^{3*} and H Daghighkia²

Received: May 30, 2015 Accepted: September 13, 2016

¹MSc Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

²Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

³Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

*Corresponding author: Email: a_mirghelenj@yahoo.com

Abstract

BACKGROUND: Detecting major genes affecting internal egg quality traits. **OBJECTIVES:** Evaluation of maternal effects and detecting major genes affecting internal egg quality traits of Azerbaijan native fowls. **METHODS:** After data collection of internal egg quality traits from Azerbaijan native fowls, the probabilities of major genes segregation were separately studied in all traits with a univariate animal model using Bayesian analysis and major gene index (MGI) procedure. **RESULTS:** The major gene index calculated using outputs from univariate animal model and segregation of major genes was confirmed for internal egg quality traits including yolk weight, yolk width, albumen pH, yolk pH, yolk to albumen weight ratio, yolk index, yolk and albumen percentages and finally for yolk and albumen dry matter values in Azerbaijan native fowls. **CONCLUSION:** Given that major gene segregation was confirmed using MGI and for internal egg quality traits, it is concluded that probability of major gene segregation is confirmed for traits such as yolk weight, yolk width, albumen pH, albumen weight, yolk index and spot when is considered all population. Therefore, by using an accurate major gene detecting designs like half-sib family design in West Azerbaijan's native fowl breeding center and using molecular markers, it is possible to accurately detect the major genes for these traits and also determine the effects of these genes and their location on fowl chromosome, accurately.

Key Words: gene segregation, quality, albumen, native fowl