

Research Article

Evaluation of allelic polymorphism of LEPR gene and its association with growth and carcass traits in Mazandaran native chicken

Hossein Attarchi ^{1*}, Mojtaba Tahmoorespoor ², Mojtaba Ahani Azari ³, Mokhtar Mohajer ⁴

¹ Poultry Department, Deputy of Livestock Production, Agricultural Jihad Organization of Golestan Province, Gorgan, Iran

² Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

³ Department of Livestock and Poultry Nutrition, Faculty of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

⁴ Animal Sciences Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran

Key Words

Gene
LEPR
Polymorphism
Traits
Native chicken

Abstract

Introduction: This study aimed to study polymorphism of the exon 7 region of the LEPR gene and its association with growth and carcass traits in Mazandaran native chicken.

Materials & Methods: For this purpose, 200 male chicks of Mazandaran native fowls reared in the same conditions and all were slaughtered at 12 weeks of age, were used. Traits before and after slaughter were measured and recorded. Before the destruction of all birds, blood sample and extraction of DNA from samples were performed by Cinnagen kit. Then, the desired locus of gene was amplified using specific primers and genotyped using PCR-RFLP method by BsrI specific enzyme. Phenotypic and genotypic data analysis conducted using statistical software of SAS9.2.

Results: The frequency of each allele (+) and (-) were estimated to be 0.675 and 0.325 in LEPR locus, respectively. Hardy-Weinberg equilibrium study using Chi-square test showed that the study population in loci is not in balance. The results showed a significant association between LEPR gene genotypes and the traits of abdominal cavity fat weight, intramuscular fat and meat pH ($P < 0.05$).

Conclusion: Based on the results of this research can be concluded that LEPR gene can be used as a candidate for growth and carcass traits in Mazandaran native fowls breeding programs.

Article info

* Corresponding Author's email:
hossein_attarchi@yahoo.com

Received: 31 May 2024

Reviewed: 5 July 2024

Revised: 7 September 2024

Accepted: 10 October 2024

مقاله علمی - پژوهشی

بررسی چندشکلی آلی ژن LEPR و ارتباط آن با صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران

حسین عطارچی^{۱*}، مجتبی طهمورث‌پور^۲، مجتبی آهنی‌آذری^۳، مختار مهاجر^۴^۱ گروه امور طیور، معاونت تولیدات دامی، سازمان جهاد کشاورزی استان گلستان، گرگان، ایران^۲ گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران^۳ گروه تغذیه دام و طیور، دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران^۴ موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

کلمات کلیدی

ژن
LEPR
چندشکلی
صفات
مرغ بومی

چکیده

مقدمه: پژوهش حاضر با هدف مطالعه چندشکلی ناحیه اگزون ۷ ژن LEPR و ارتباط آن با صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران انجام شد.

مواد و روش‌ها: برای این منظور تعداد ۲۰۰ قطعه جوجه خروس از مرغ‌های بومی مازندران پرورش داده شده در شرایط یکسان، در سن ۱۲ هفتگی کشتار شدند. صفات مورد بررسی، قبل و بعد از کشتار اندازه‌گیری و ثبت شدند. قبل از کشتار تمامی پرندگان نمونه خون تهیه و استخراج DNA از نمونه‌ها با استفاده از کیت شرکت سیناژن صورت گرفت. سپس جایگاه مورد نظر ژن LEPR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی آن تکثیر و تعیین ژنوتیپ توسط روش PCR-RFLP با آنزیم اختصاصی BsrI انجام گرفت. تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.2 انجام شد.

نتایج: فراوانی هریک از آلل‌های (+) و (-) در جایگاه مورد نظر ژن LEPR به‌ترتیب برابر با ۰/۶۷۵ و ۰/۳۲۵ برآورد شد. بررسی تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از آزمون کای مربع برای ژن LEPR نشان داد که جمعیت مورد مطالعه در جایگاه ژنی مورد نظر در تعادل نمی‌باشد. نتایج نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن LEPR با صفات وزن چربی حفره شکمی، چربی درون عضله‌ای و pH گوشت وجود دارد ($P < 0.05$).

بحث و نتیجه‌گیری: براساس نتایج حاصل از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که ژن LEPR می‌تواند در جایگاه مورد نظر به عنوان کاندید برای صفات رشد و لاشه در برنامه‌های اصلاح نژادی مرغ بومی مازندران مورد استفاده قرار گیرد.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول:

hossein_attarchi@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۱ خرداد ۱۴۰۳

تاریخ داوری: ۱۵ تیر ۱۴۰۳

تاریخ اصلاح: ۱۷ شهریور ۱۴۰۳

تاریخ پذیرش: ۱۹ مهر ۱۴۰۳

مقدمه

سوی دیگر انتخاب بر اساس ارزش های فنوتیپی برای صفات کیفیت گوشت قبل از کشتار امکان پذیر نمی باشد، لذا امروزه انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی برای افزایش بازده انتخاب و بهبود عملکرد تولیدی مدنظر می باشد و تلفیقی از روش های مرسوم انتخاب و روش های جدید مولکولی در آینده اصلاح نژاد طیور ترجیح داده خواهد شد (۵). در همین راستا نشانگر RFLP با توجه به تکرارپذیری و دقت بالای آن قادر به تشخیص چندشکلی در هر جایگاهی از ژنوم می باشد (۱۰). هدف از پژوهش حاضر، شناسایی چندشکلی موجود در ناحیه اگزون ۷ ژن LEPR، برآورد میزان فراوانی آللی و ژنوتیپی آن و بررسی رابطه بین چندشکلی این الگوهای ژنوتیپی با صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران با استفاده از تکنیک PCR-RFLP می باشد.

مواد و روش ها

در این پژوهش با استفاده از روش ارزیابی کلواک تعداد ۲۰۰ قطعه جوجه خروس تعیین جنسیت شده از مرغ های بومی مازندران با وزن اولیه یکسان ($37/8 \pm 0/6$) انتخاب شدند. تمامی جوجه ها در شرایط یکسان پرورش داده شده و در سن ۱۲ هفتگی کشتار شدند. برای اندازه گیری صفات مورد مطالعه با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت $0/1$ گرم، وزن زنده پرندگان در سن های ۴، ۸ و ۱۲ هفتگی اندازه گیری شد و پس از کشتار وزن لاشه، قلب، کبد، سنگدان، طحال و چربی حفره شکمی اندازه گیری گردید. نمونه های گوشت عضله سینه آن ها به مدت ۱۰ روز در فریزر با دمای -20 درجه سانتی گراد نگهداری شد و بعد از انجمادزایی در دمای محیط، صفات مربوط به کیفیت لاشه شامل pH، ظرفیت نگهداری آب و چربی داخل عضله ای اندازه گیری و ثبت گردید. برای تعیین pH گوشت از دستگاه pH متر بافتی استفاده شد. ظرفیت نگهداری آب با اندازه گیری وزن نمونه گوشت قبل و بعد از سانتریفیوژ به مدت ۴ دقیقه با سرعت 1500 دور در دقیقه و سپس قرار دادن آن در آن به مدت ۲۴ ساعت در دمای 70 درجه سانتی گراد و مجدد وزن کشی آن، با استفاده از فرمول مربوطه محاسبه گردید. برای اندازه گیری چربی داخل عضله ای از دستگاه سوکسله استفاده شد. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به مقدار ۲ میلی لیتر خون از ورید زیر بال، در تیوب های حاوی ماده ضد انعقاد EDTA گرفته و نمونه های خون اخذ شده تا زمان استخراج DNA در فریزر در دمای -20 نگهداری گردید. استخراج DNA از نمونه های خون با استفاده از کیت شرکت سیناژن و براساس دستور کار شرکت سازنده انجام شد. برای تعیین کمیت و کیفیت نمونه های DNA استخراج شده از دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز روی ژل آگارز استفاده گردید. به منظور تکثیر یک قطعه ۶۸۸ جفت بازی از ناحیه اگزون ۷ ژن LEPR از

مرغان بومی به دلیل مقاومت به شرایط نامناسب محیطی و بیماری ها یکی از مهم ترین ذخایر ژنتیکی هر کشور محسوب می شوند. در بسیاری از کشورهای در حال توسعه، خزانه ژنتیکی مرغان بومی هنوز پایه و اساس اصلاح نژاد در بخش طیور را تشکیل می دهند. البته اطلاعات اندکی در رابطه با ظرفیت ها و ویژگی های تولید و تولیدمثلی مرغان بومی وجود دارد (۶). بنابراین شناخت دقیق این ذخایر ژنتیکی می تواند مبنای دقیق تری برای برنامه های اصلاح نژادی در آینده و نتیجه دهی آن ها در زمان کوتاه تر و استفاده بهینه از منابع موجود در جهت افزایش تولید گردد (۳). صفات مهم اقتصادی توسط تعداد زیادی ژن که اثر برخی از آن ها زیاد و اثر برخی دیگر کم می باشد کنترل می شوند. مدل ژن عمده پیشنهاد می کند تعداد کمی ژن می تواند سهم عمده ای از تنوع ژنتیکی را به خود اختصاص دهد. پیشرفت های اخیر در ژنتیک مولکولی امکان شناسایی و تعیین توالی این ژن ها را فراهم نموده است. هم چنین پیشرفت های ژنتیکی در طول دهه های اخیر، بهبود قابل توجهی را در عملکرد طیور ایجاد نموده است (۷). براساس یافته های توالی یابی، ژن LEPR روی کروموزوم شماره ۸ مرغ قرار گرفته است و 30202 bp طول دارد (۲). لپتین هورمونی پلی پپتیدی است که به عنوان ماده مترشحه اصلی بافت چربی شناخته شده است و در تنظیم مصرف غذا، متابولیسم انرژی و تولیدمثل نقش دارد. هرچند منبع اصلی تولید و ترشح لپتین، بافت چربی می باشد ولی گیرنده های لپتین در بافت های مختلف بیان می شوند که نشان دهنده آن است که لپتین علاوه بر عملکرد مرکزی به صورت محیطی نیز عمل می کند. بافت چربی و عضلانی به عنوان دو بافت بسیار فعال و مهم متابولیکی از اهداف عمل لپتین در بدن می باشند. نشان داده شده است که لپتین در عضله اسکلتی، سطح لیپیدهای داخل سلولی را کاهش می دهد و هم چنین در بافت چربی لپتین لیپولیز را تحریک و از تجمع چربی جلوگیری می کند (۴، ۱۲). محققین با بررسی چند شکلی ژن LEPR در جوجه گوشتی، ارتباط معنی داری را بین ژنوتیپ های این ژن با صفات لاشه گزارش نمودند (۱۱). اگرچه روش انتخاب مرسوم بر اساس ارزش های فنوتیپی طیور به طور قابل توجهی سرعت رشد و تولید گوشت را در چند دهه گذشته افزایش داده است ولی به دلیل آن که 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 می یابد (۱). در سال های اخیر با استفاده از روش های مولکولی، امکان نقشه یابی ژن های موثر بر صفات اقتصادی فراهم شده و با کمک این روش ها می توان QTL های موثر بر صفت یا صفات را مشخص کرد (۱۳). از

آغازگرهای طراحی شده در صفحه Primer-BLAST از پایگاه NCBI استفاده گردید که توالی آن‌ها به صورت زیر می‌باشد:

F: 5'-TTACAGCCAGCAGTCACAGG-3

R: 5'-TCACCGCGCAGTCTCTATG-3

شرایط بهینه PCR با حجم نهایی ۱۲ میکرولیتر شامل ۶ میکرولیتر PCR Master Kite (شرکت سیناکلون)، آغازگرها هر کدام ۱/۵ میکرو لیتر با غلظت ۱۰ تا ۱۵۰ نانوگرم در میکرولیتر و ۷/۵ میکرولیتر آب مقطر دو بار تقطیر بود. تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از یک مرحله ابتدایی واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴۰ ثانیه و ۳۵ چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۵۹ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۶۰ ثانیه و یک دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰۰ ثانیه انجام شد. عمل هضم آنزیمی با حجم ۱۲ میکرولیتر شامل ۵ میکرولیتر از محصول PCR، ۲ میکرولیتر بافر 10X، ۱ میکرولیتر آنزیم برشی BsrI و ۴ میکرولیتر آب مقطر دوبار تقطیر در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد و برای ۱۶ ساعت بر روی محصول PCR انجام شد. برای مشاهده قطعات هضم شده و تعیین ژنوتیپ از الکتروفورز با ولتاژ ۱۲۰ و زمان ۴۵ دقیقه بر روی ژل آگارز ۲ درصد و رنگ آمیزی ژل با Safe Stain DNA استفاده شد که باندهای حاصل با دستگاه عکس برداری ژل داک مشاهده گردید. برای محاسبه فراوانی آلل‌ها، ژنوتیپ‌ها و آزمون کای مربع از نرم‌افزار Popgene32 استفاده گردید. داده‌های به دست آمده با استفاده از مدل آماری زیر در نرم‌افزار SAS 9.2 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + d_j + e_{ijk}$$

که در این مدل y_{ijk} : بردار مشاهدات مربوط به صفات رشد و لاشه، μ : اثر میانگین، G_i : اثر ثابت ژنوتیپ (++، -+ و -)، d_j : اثر ثابت روز رکوردگیری و e_{ijk} : اثرات باقی‌مانده می‌باشد. آنالیز واریانس با رویه GLM و مقایسه بین میانگین‌ها با آزمون توکی مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج

اندازه قطعه تکثیر شده بعد از انجام واکنش PCR برای ژن LEPR برابر ۶۸۸ جفت‌باز بوده است. در اثر برش آنزیم هضمی BsrI، قطعات ۶۸۸، ۴۹۲ و ۱۹۶ جفت‌بازی برای جایگاه مورد نظر ژن LEPR ایجاد شد (شکل ۱). در این تحقیق برای جایگاه مورد نظر در ژن LEPR سه ژنوتیپ ++، -+ و -- شناسایی شد که به ترتیب دارای فراوانی ۰/۵۴، ۰/۲۷ و ۰/۱۹ بودند و فراوانی آلل‌های + و - به ترتیب ۰/۶۷۵ و ۰/۳۲۵ بود. مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مختلف ژن LEPR برای صفات رشد و لاشه در مرغ بومی در جدول ۱ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن LEPR با صفات وزن چربی حفره شکمی، درصد چربی داخل عضله‌ای pH گوشت وجود دارد ($P < 0.05$). مقایسات میانگین نشان داد که به طور معنی‌داری در ژن LEPR، خروس‌های با ژنوتیپ -- دارای وزن چربی حفره شکمی، pH گوشت و درصد چربی داخل عضله‌ای بیش‌تری در مقایسه با ژنوتیپ ++ بودند ($P < 0.05$) ولی بین ژنوتیپ‌های ++ و -+ و هم‌چنین -- و -+ اختلاف معنی‌داری از لحاظ آماری وجود نداشت. در بقیه موارد بین ژنوتیپ‌ها و صفات مورد بررسی تفاوتی به لحاظ آماری مشاهده نشد (جدول ۱).

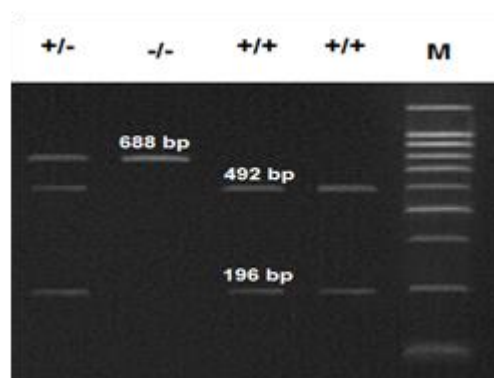
جدول ۱: مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مختلف ژن LEPR برای صفات رشد و لاشه (میانگین $\pm$ انحراف معیار) در مرغ بومی			
صفت	+/+	+/-	-/-
وزن زنده هفته ۴ (گرم)	۲۸۴/۹۳ $\pm$ ۱۷/۴۱	۲۸۷/۵۵ $\pm$ ۱۹/۲۵	۲۹۵/۷۹ $\pm$ ۱۸/۷۶
وزن زنده هفته ۸ (گرم)	۸۱۱/۷۲ $\pm$ ۳۷/۰۳	۸۱۶/۱۴ $\pm$ ۴۱/۹۶	۸۴۰/۲۳ $\pm$ ۳۹/۱۲
وزن زنده هفته ۱۲ (گرم)	۱۳۸۸/۶۵ $\pm$ ۵۷/۲۲	۱۴۲۷/۹۱ $\pm$ ۶۰/۰۷	۱۴۸۳/۷۰ $\pm$ ۶۱/۵۸
وزن لاشه (گرم)	۱۰۱۳/۲۱ $\pm$ ۴۸/۹۰	۱۰۲۹/۵۲ $\pm$ ۵۲/۶۸	۱۰۶۵/۶۸ $\pm$ ۵۱/۳۲
وزن قلب (گرم)	۱۰/۳۳ $\pm$ ۰/۷۵	۱۰/۴۱ $\pm$ ۰/۷۹	۱۰/۳۹ $\pm$ ۰/۸۱
وزن کبد (گرم)	۳۵/۶۱ $\pm$ ۱/۱۲	۳۵/۷۰ $\pm$ ۱/۳۰	۳۶/۴۲ $\pm$ ۱/۴۶
وزن سنگدان (گرم)	۳۱/۵۹ $\pm$ ۱/۵۱	۳۲/۲۶ $\pm$ ۱/۸۶	۳۳/۱۹ $\pm$ ۱/۷۲
وزن طحال (گرم)	۲/۵۵ $\pm$ ۰/۱۷	۲/۴۶ $\pm$ ۰/۲۰	۲/۴۳ $\pm$ ۰/۱۷
وزن چربی حفره شکمی (گرم)	۸/۳۷ $\pm$ ۰/۷۹ ^b	۹/۷۶ $\pm$ ۰/۸۴ ^{ab}	۱۱/۰۸ $\pm$ ۰/۸۹ ^a
pH گوشت	۵/۹۶ $\pm$ ۰/۲۹ ^b	۶/۲۱ $\pm$ ۰/۲۷ ^{ab}	۶/۷۵ $\pm$ ۰/۳۰ ^a
ظرفیت نگه‌داری آب (درصد)	۴۶/۸۷ $\pm$ ۱/۳۶	۴۶/۰۵ $\pm$ ۱/۱۵	۴۵/۳۹ $\pm$ ۱/۳۲
چربی داخل عضله‌ای (درصد)	۳/۳۰ $\pm$ ۰/۲۴ ^b	۳/۷۴ $\pm$ ۰/۲۸ ^{ab}	۴/۱۴ $\pm$ ۰/۲۷ ^a

در هر ردیف هر دو میانگین با حروف غیرمشابه، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد.

ژنی مورد نظر در ژن LEPR با برخی صفات رشد و لاشه (وزن چربی حفره شکمی، درصد چربی داخل عضله‌ای و pH گوشت) در مرغ بومی مازندران ارتباط معنی‌داری دارد. لذا انتخاب به کمک نشانگر می‌تواند به عنوان یک گزینه مطلوب برای بهبود برنامه‌های اصلاح نژادی مورد توجه قرار گیرد.

منابع

1. Bai, J.Y., Zhang, Q. and Jia, X.P., 2006. Comparison of different foreground and background selection methods in marker-assisted introgression. *Acta Genetica Sinica*. 33: 1073-1080. doi: 10.1016/S0379-4172(06)60144-3
2. Burt, D.W., Carrl, W., Fell, M., Law, A.S., Antin, P.B., Maglott, D.R., Weber, J.A., Schmidt, C.J., Burgess, S.C. and McCarthy, F.M., 2016. Gallus gallus isolate RJF #256 breed Red Jungle fowl, inbred line UCD001 chromosome 7, *Gallus gallus*-5.0, whole genome shotgun sequence. NCBI Reference Sequence: NC_006094.4. doi: 10.1159/000529376
3. Dehghan Zadeh, H., Mir Hosseini, S.Z. and Shad Parvar, A., 2004. Investigating the genetic diversity of Iran's native chickens using RAPD markers. *Journal of research and construction*. 62: 6-9. (In Persian)
4. Dyck, D.J., 2005. Leptin sensitivity in skeletal muscle is modulated by diet & exercise. *Exercise and sport sciences reviews*. 33(4): 189-194. doi: 10.1097/00003677-200510000-00007
5. Emara, M.G. and Kim, H., 2003. Genetic markers and their application in poultry breeding. *Poultry Science*. 82: 952-957. doi: 10.1093/ps/82.6.952
6. Ghazikhani Shad, A., Nejati Javaremi, A. and Mehrabani Yeganeh, H., 2007. Animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian native fowls. *Journal of Biological Sciences*. 10(16): 2787-2789. doi: 10.3923/pjbs.2007.2787.2789
7. Havenstein, G.B., Ferket, P.R. and Qureshi, M.A., 2003. Growth, livability and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*. 82: 1500-1508. doi: 10.1093/ps/82.10.1500
8. Kaczor, U., Poltowicz, K., Kucharski, M., Sitarz, A.M., Nowak, J., Wojtyśiak, D. and Zieba, D.A., 2016. Effect of ghrelin and leptin receptors genes polymorphisms on production results and physicochemical characteristics of *M. pectoralis superficialis* in broiler chickens. *Animal Production Science*. 56: 111-119. doi: 10.1071/AN15152
9. Lei, M., Luo, C., Peng, X., Fang, M., Nie, Q., Zhang, D., Yang, G. and Zhang, X., 2007. Polymorphism of Growth correlated gene associated with fatness and muscle fiber traits in chickens. *Poultry Science*. 86: 835-842. doi: 10.1093/ps/86.5.835
10. Naghavi, M., Ghareh yazi, B. and Hosseini Salkadeh, G., 2009. Molecular markers (3rd edition), Tehran University Press. 48 p. (In Persian)
11. Peixoto, O., Peri, E., Coldebella, A. and Tessmann, A., 2012. Influence of the A286G polymorphism in the LEPR gene on carcass traits in a paternal broiler line. *World's Poultry Science Journal, Supplement 1, Expanded Abstract - Poster Presentation*.
12. Ronti, T., Lupattelli, G. and Mannarino, E., 2006. The endocrine function of adipose tissue: an update. *Clinical Endocrinology*. 64(4): 355-365. doi: 10.1111/j.1365-2265.2006.02474.x
13. Tabibi, S., 2014. Molecular genetics and new breeding methods. First National Congress of Biology and Natural Sciences of Iran, Tehran. 364-358. (In Persian)
14. Wang, Y., Li, H., Zhang, Y., Li, Z. and Wang, Q., 2006. Analysis on Association of a SNP in the Chicken BR Gene with Growth and Body Composition Traits. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*. 12: 1706-1710. https://doi.org/10.5713/ajas.2006.1706



شکل ۱: الگوهای RFLP حاصل از برش با آنزیم BsrI برای ژن LEPR
M: نشانگر مولکولی ۱۰۰ جفت بازی. +/+, +/- و -/-: ژنوتیپ‌ها

بحث

در تحقیق حاضر برای جایگاه مورد نظر ژن LEPR بیشترین فراوانی ژنوتیپی آن مربوط به ژنوتیپ ++ و کمترین مربوط به ژنوتیپ -- بوده و همچنین بیشترین فراوانی آللی آن مربوط به آلل + و کمترین مربوط به آلل - است. بررسی تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از آزمون کای مربع نشان داد که جمعیت مورد مطالعه در جایگاه ژنی مورد نظر در تعادل نمی‌باشد. عدم تعادل هاردی واینبرگ در جمعیت مورد مطالعه، احتمالاً ناشی از کوچک بودن اندازه جمعیت مورد بررسی و یا سایر عوامل برهم زننده تعادل مانند انتخاب به دلیل اجرای برنامه‌های اصلاح نژادی برای این پرندگان می‌باشد. مطابق با نتایج حاصل از این تحقیق، محققین گزارش نمودند که بین چندشکلی ژن LEPR با صفت وزن چربی حفره شکمی و درصد چربی حفره شکمی در مرغ گوشتی ارتباط معنی‌داری وجود دارد (۱۴). هم چنین در پژوهشی دیگر، محققین در تحقیقی که بر روی آمیخته مرغ‌های لاین انجام دادند، ارتباط معنی‌داری بین چندشکلی ژن LEPR با صفت وزن چربی حفره شکمی به دست آوردند (۹). براساس گزارشی دیگر مطابق با نتایج این پژوهش، محققین بیان نمودند که بین چندشکلی ژن LEPR با صفات کیفی گوشت نظیر رنگ و pH گوشت در مرغ گوشتی ارتباط معنی‌داری وجود دارد (۸). علت ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن LEPR با صفات وزن چربی حفره شکمی، درصد چربی داخل عضله‌ای و pH گوشت را می‌توان این گونه توضیح داد که چندشکلی مورد بررسی در این پژوهش باعث تغییر توالی CAG به CCG در این ژن می‌شود. در نتیجه این تغییر توالی، اسید آمینه شماره ۱۱۳ از زنجیره ۱۱۶ اسید آمینه‌ای محصول این ژن نیز دستخوش تغییر می‌گردد. به این ترتیب که اسید آمینه گلوتامین به پرولین تغییر پیدا می‌کند. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که چندشکلی جایگاه