2025, 1(1): 21-24

JAER

Journal of Animal Environmental Reaserch

Journal homepage: http://www.journalaer.com

Research Article

Evaluation of polymorphism of IGFBP3 gene and its association with growth and carcass traits in Mazandaran native rooster

Hossein Attarchi [*1], Mojtaba Tahmoorespoor [2], Mojtaba Ahani Azari [3], Mokhtar Mohajer [4]

[1] *Deputy of Animal Production Improvement, 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 Animal Science, Faculty of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran*
[4] *National Animal Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran*

Key Words

Polymorphism
Native rooster
Gene
Growth traits
Carcass
IGFBP3

Abstract

Introduction: This study aimed to study polymorphism of the exon 1 region of the IGFBP3 gene and its association with growth and carcass traits in Mazandaran native rooster.

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 specific enzyme. Phenotypic and genotypic data analysis conducted using statistical software of SAS9.2.

Results: Phenotypic and genotypic data analysis conducted using statistical software of SAS9.2. The frequency of each allele (+) and (-) were estimated to be 0.805 and 0.195 in IGFBP3 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 IGFBP3 gene genotypes and the traits of live weight at 8 weeks and abdominal fat weight ($P<0.05$).

Conclusion: Based on the results of this research can be concluded that IGFBP3 gene can be used as a candidate for growth and carcass traits in Mazandaran native rooster breeding programs.

Article info

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

Received: 16 June 2024
Reviewed: 18 July 2024
Revised: 18 September 2024
Accepted: 21 October 2024

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]

[DOI: 10.22034/aer.1.1.21]

مقاله علمی - پژوهشی

بررسی چندشکلی ژن IGFBP3 و ارتباط آن با صفات رشد و لاشه در خروس بومی مازندران

حسین عطارچی[۱]، مجتبی طهمورث‌پور[۲]، مجتبی آهنی‌آذری[۳]، مختار مهاجر[۴]*

[۱] معاونت بهبود تولیدات دامی، سازمان جهاد کشاورزی استان گلستان، گرگان، ایران

[۲] گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

[۳] گروه علوم دامی، دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

[٤] موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

کلمات کلیدی

چندشکلی
خروس بومی
ژن
صفات رشد
لاشه
IGFBP3

چکیده

مقدمه: پژوهش حاضر با هدف مطالعه چندشکلی ناحیه اگزون ۱ ژن IGFBP3 و ارتباط آن با صفات رشد و لاشه در خروس بومی مازندران انجام شد.

مواد و روش‌ها: برای این منظور تعداد ۲۰۰ قطعه جوجه خروس 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 از تمامی پرندگان نمونه خون تهیه و استخراج DNA از نمونه‌ها با استفاده از کیت شرکت سیناژن صورت گرفت. سپس جایگاه مورد نظر ژن IGFBP3 با استفاده از آغازگرهای اختصاصی آن تکثیر و تعیین ژنوتیپ توسط روش PCR-RFLP با آنزیم اختصاصی آن 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 IGFBP3 به‌ترتیب برابر با ۰/۸۰۵ و ۰/۱۹۵ برآورد شد. بررسی تعادل هاردی−واینبرگ با استفاده از آزمون کای‌مربع برای ژن IGFBP3 نشان داد که جمعیت مورد مطالعه در جایگاه ژنی مورد نظر در تعادل نمی‌باشد. نتایج نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن IGFBP3 با صفات وزن زنده در ۸ هفتگی و وزن چربی حفره شکمی وجود دارد ($P<0/05$).

بحث و نتیجه‌گیری: براساس نتایج حاصل از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که ژن IGFBP3 می‌تواند در جایگاه مورد نظر به‌عنوان کاندید برای صفات رشد و لاشه در برنامه‌های اصلاح نژادی خروس بومی مازندران مورد استفاده قرار گیرد.

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول:
hossein_attarchi@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۲۷ خرداد ۱٤۰۳
تاریخ داوری: ۲۸ تیر ۱٤۰۳
تاریخ اصلاح: ۲۸ شهریور ۱٤۰۳
تاریخ پذیرش: ۳۰ مهر ۱٤۰۳

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]

[DOI: 10.22034/aer.1.1.21]

مقدمه

مرغان بومی به دلیل مقاومت به شرایط نامناسب محیطی و بیماری‌ها یکی از مهم‌ترین ذخایر ژنتیکی هر کشور محسوب می‌شوند. 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 (۷). بنابراین شناخت دقیق این ذخائر ژنتیکی می‌تواند مبنای دقیق‌تری برای برنامه‌های اصلاح نژادی در آینده و نتیجه دهی آن ها در زمان کوتاه تر و استفاده بهینه از منابع موجود در جهت افزایش تولید گردد (۵). صفات مهم اقتصادی توسط تعداد زیادی ژن که اثر برخی از آن‌ها زیاد و اثر برخی دیگر کم می‌باشد کنترل می‌شوند. مدل ژن عمده پیشنهاد می کند تعداد کمی ژن می‌تواند سهم عمده‌ای از تنوع ژنتیکی را به خود اختصاص دهد. پیشرفت‌های اخیر در ژنتیک مولکولی امکان شناسایی و تعیین توالی این ژن‌ها را فراهم نموده است. هم‌چنین پیشرفت‌های ژنتیکی در طول دهه‌های اخیر، بهبود قابل توجهی را در عملکرد طیور ایجاد نموده است (۹). بر اساس یافته های توالی یابی، ژن IGFBP3 روی کروموزوم شماره ۲ مرغ قرار گرفته است و bp ۱۵۵۷۴ طول دارد (۲). هورمون‌های IGF در مایعات بیولوژیکی به یکی از ۶ پروتئین باند شونده (IGFBP) متصل می‌شوند که عمده‌ترین آن‌ها پروتئین تیپ ۳ می باشد. این پروتئین ها نقش های متفاوتی در تنظیم فعالیت بیولوژیکی IGF ایفاء می کنند(۴). پروتئین باندشونده تیپ ۳ به‌عنوان حامل IGF عمل کرده و نیمه‌عمر آن را طولانی‌تر می کند. در سطح سلولی IGFBP ها می‌توانند سبب فعال یا غیرفعال شدن فعالیت بیولوژیکی هورمون IGF شوند (۸). ژن پروتئین باند شونده به فاکتور رشد شبه انسولین تیپ ۳ ژن ساختاری و مسئول اثرات متعددی از ژن IGF1 است (۳). در پژوهشی، محققین چندشکلی ژن IGFBP3 را با صفات وزن بدن و تولید مثل در مرغ بومی بررسی و یک رابطه معنی دار بین وزن ۸ و ۱۰ هفتگی و ژنوتیپ های حاصل از ژن IGFBP3 را گزارش نمودند(۱۲). اگرچه روش انتخاب مرسوم براساس ارزش های فنوتیپی طیور به‌طور قابل توجهی سرعت رشد و تولید گوشت را در چند دهه گذشته افزایش داده است ولی به‌دلیل آن‌که انتخاب فنوتیپ برتر همواره به‌معنای انتخاب ژنوتیپ برتر نیست و بسته به‌میزان دخالت واریانس محیطی در واریانس فنوتیپی، اختلاف بین فنوتیپ و ژنوتیپ وجود خواهد داشت، دقت انتخاب کاهش می یابد (۱). در سال‌های اخیر با استفاده‌از روش‌های مولکولی، امکان نقشه‌یابی ژن های موثر بر صفات اقتصادی فراهم شده و با کمک این روش‌ها می‌توان QTLهای موثر بر صفت یا صفات را مشخص کرد (۱۳). از سوی دیگر انتخاب بر اساس ارزش‌های فنوتیپی برای صفات کیفیت گوشت قبل از کشتار امکان‌پذیر نمی‌باشد، لذا امروزه انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی برای افزایش بازده انتخاب و بهبود عملکرد تولیدی مد نظر می‌باشد و تلفیقی از روش‌های مرسوم انتخاب و روش‌های جدید مولکولی در آینده اصلاح نژاد طیور ترجیح داده خواهد شد (۶). در همین راستا نشانگر RFLP با توجه به تکرارپذیری و دقت بالای آن قادر به تشخیص چندشکلی در هر جایگاهی از ژنوم می‌باشد (۱۱). هدف از پژوهش حاضر، شناسایی چندشکلی موجود در ناحیه اگزون ۱ ژن IGFBP3، 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 می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش با استفاده از روش ارزیابی کلوآک تعداد ۲۰۰ قطعه جوجه خروس تعیین جنسیت شده از مرغ‌های بومی مازندران با وزن اولیه یکسان (۳۷/۸ gr±۰/۶) انتخاب شدند. تمامی جوجه‌ها در شرایط یکسان پرورش داده‌شده و در سن ۱۲ هفتگی کشتار شدند. برای اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۰۱ گرم، وزن زنده پرندگان در سن‌های ۴، ۸ و ۱۲ هفتگی اندازه‌گیری شد و پس از کشتار وزن لاشه، قلب، کبد، سنگدان، طحال و چربی حفره شکمی اندازه‌گیری گردید. نمونه‌های گوشت عضله سینه آن‌ها به‌مدت ۱۰ روز در فریزر با دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شد و بعد از انجمادزدایی در دمای محیط، صفات مربوط به کیفیت لاشه شامل pH، ظرفیت نگه‌داری آب و چربی داخل عضله‌ای اندازه‌گیری و ثبت گردید. برای تعیین pH گوشت از دستگاه pHمتر بافتی استفاده شد. ظرفیت نگه داری آب با اندازه گیری وزن نمونه گوشت قبل و بعد از سانتریفیوژ به‌مدت ۴ دقیقه با سرعت ۱۵۰۰ دور در دقیقه و سپس قرار دادن آن در آون به‌مدت ۲۴ ساعت در دمای ۷۰ درجه سانتی‌گراد و مجدد وزن‌کشی آن، با استفاده‌از فرمول مربوطه محاسبه گردید. برای اندازه گیری چربی داخل عضله‌ای از دستگاه سوکسله استفاده شد. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به‌مقدار ۲ میلی لیتر خون از ورید زیر بال، در تیوب‌های حاوی ماده ضدانعقاد EDTA گرفته و نمونه های خون اخذ شده تا زمان استخراج DNA در فریزر در دمای ۲۰ c- نگه‌داری گردید. استخراج DNA از نمونه‌های 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. به‌منظور تکثیر یک قطعه ۱۰۹۰ جفت بازی از ناحیه اگزون

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]
[DOI: 10.22034/aer.1.1.21]

۱ ژن IGFBP3 از آغازگرهای طراحی شده در صفحه Primer-BLAST از پایگاه NCBI استفاده گردید که توالی آن ها به صورت F: 5´-AGGCTCTTCAACCTGACAGC -3 و R: 5´-GGCTGAAGAGAGAACGGGTC -3 می باشد. شرایط بهینه PCR با حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۲/۵ میکرولیتر PCR Master Kite (شرکت سینا کلون)، آغازگرها هر کدام ۱/۵ میکرولیتر با غلظت ۱۰ پیکومول بر میکرولیتر، ۲ میکرولیتر DNA با غلظت ۱۰۰ 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 به‌مدت ۲۴۰ ثانیه و ۳۵ چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۶۰ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۵ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۷۵ ثانیه و یک دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۳۰۰ ثانیه انجام شد. عمل هضم آنزیمی با حجم ۱۲ میکرولیتر شامل ۵ میکرولیتر از محصول PCR، ۲ میکرولیتر بافر 10X، ۱میکرولیتر آنزیم برشی MspI و ۴ میکرولیتر آب مقطر دوبار تقطیر در دمای ۳۷ 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 ۱/۵ درصد و رنگ‌آمیزی ژل با Safe Stain DNA استفاده شد که باندهای حاصل با دستگاه عکس‌برداری ژل داک مشاهده گردید. برای محاسبه فراوانی آلل‌ها، ژنوتیپ‌ها و آزمون کای مربع از نرم‌افزار Popgene32 استفاده گردید. داده‌های به‌دست 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 IGFBP3 برابر ۱۰۹۰ جفت باز بوده است. در اثر برش آنزیم هضمی MspI، قطعات ۱۰۹۰، ۶۱۵ و ۴۷۵ جفت بازی برای جایگاه مورد نظر ژن IGFBP3 ایجاد شد (شکل ۱). در این تحقیق برای جایگاه موردنظر در ژن IGFBP3 سه ژنوتیپ ++، +- و -- شناسایی شد که به ترتیب دارای فراوانی ۰/۶۸۵، ۰/۲۴ و ۰/۰۷۵ بودند و فراوانی آلل‌های + و - به‌ترتیب ۰/۸۰۵ و ۰/۱۹۵ بود.

جدول ۱: مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مختلف ژن IGFBP3 برای صفات رشد و لاشه (میانگین ± انحراف معیار) در مرغ بومی

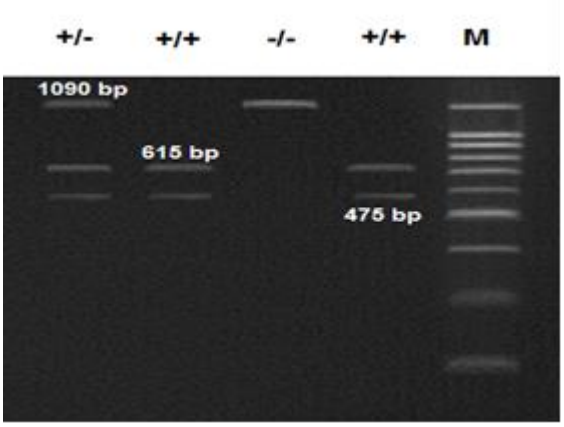
صفت	ژنوتیپ		
	+/+	+/-	-/-
وزن زنده هفته ۴ (گرم)	۲۹۱/۷۲ ± ۱۹/۳۲	۲۸۲/۶۱ ± ۱۷/۴۶	۲۶۷/۸۳ ± ۱۷/۹۴
وزن زنده هفته ۸ (گرم)	۸۴۰/۰۶ ± ۴۳/۱۵ a	۷۸۱/۲۲ ± ۳۶/۸۰ ab	۷۳۸/۷۵ ± ۳۸/۷۱ b
وزن زنده هفته ۱۲ (گرم)	۱۴۳۶/۹۱ ± ۶۴/۴۸	۱۳۸۹/۴۹ ± ۵۴/۱۳	۱۳۲۵/۰۲ ± ۵۸/۵۵
وزن لاشه (گرم)	۱۰۴۲/۸۶ ± ۵۳/۳۷	۱۰۰۵/۳۷ ± ۴۷/۹۶	۹۵۴/۸۱ ± ۴۹/۶
وزن قلب (گرم)	۱۰/۳۹ ± ۰/۹۱	۱۰/۲۵ ± ۰/۹۳	۱۰/۲۲ ± ۰/۸۷
وزن کبد (گرم)	۳۶/۰۷ ± ۱/۳۴	۳۵/۶۴ ± ۱/۵۷	۳۵/۵۸ ± ۱/۰۱
وزن سنگدان (گرم)	۳۲/۴۱ ± ۱/۸۶	۳۲/۰۵ ± ۱/۹۳	۳۱/۶۹ ± ۱/۵۲
وزن طحال (گرم)	۲/۵۴ ± ۰/۲۱	۲/۴۸ ± ۰/۱۸	۲/۵۰ ± ۰/۱۹
وزن چربی حفره شکمی (گرم)	۸/۶۹ ± ۰/۸۵ b	۱۰/۲۱ ± ۰/۹۰ ab	۱۱/۰۳ ± ۰/۸۱ a
pH گوشت	۶/۱۴ ± ۰/۲۷	۶/۲۷ ± ۰/۳۱	۶/۱۹ ± ۰/۲۵
ظرفیت نگه‌داری آب (درصد)	۴۶/۲۵ ± ۱/۳۰	۴۶/۵۷ ± ۱/۳۴	۴۷/۰۴ ± ۱/۵۸
چربی داخل عضله‌ای (درصد)	۳/۵۵ ± ۰/۲۸	۳/۶۹ ± ۰/۲۵	۳/۹۲ ± ۰/۳۲

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

مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مختلف ژن IGFBP3 برای صفات رشد و لاشه در مرغ بومی در جدول ۱ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن IGFBP3 با صفات وزن زنده در ۸ هفتگی و وزن چربی حفره شکمی وجود دارد ($P<0/05$). مقایسات میانگین نشان داد که به‌طور معنی‌داری در ژن IGFBP3، خروس‌های با ژنوتیپ ++ دارای میانگین وزن زنده ۸ هفتگی بیش‌تری در مقایسه با ژنوتیپ -- بودند ($p<0/05$) ولی بین ژنوتیپ‌های ++ و +- و هم‌چنین +- و -- اختلاف معنی‌داری از لحاظ آماری وجود نداشت. هم‌چنین خروس‌های با ژنوتیپ — به‌طور معنی‌داری دارای میانگین وزن چربی حفره شکمی 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).

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]

[DOI: 10.22034/aer.1.1.21]



شکل ۱: الگوهای RFLP حاصل از برش با آنزیم MspI برای ژن IGFBP3

M: نشانگر مولکولی ۱۰۰ جفت بازی. +/+، -/+ و -/- : ژنوتیپ ها.

بحث

در تحقیق حاضر برای جایگاه مورد نظر ژن IGFBP3 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 برای جایگاه مورد نظر ژن IGFBP3 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 بر هم زننده تعادل مانند انتخاب به‌دلیل اجرای برنامه های اصلاح نژادی برای این پرندگان می باشد. مطابق با نتایج حاصل از این تحقیق، محققین گزارش نمودند که بین چندشکلی ژن IGFBP3 با صفت وزن زنده بدن مرغ بومی در ۸ و ۱۰ هفتگی ارتباط معنی‌داری وجود دارد (۱۲). هم‌چنین در پژوهشی دیگر، محققین در تحقیقی که بر روی مرغ بومی انجام دادند، ارتباط معنی‌داری بین چندشکلی ژن IGFBP3 با صفات وزن زنده بدن و تولید تخم مرغ به‌دست آوردند (۱۴). بر اساس گزارشی دیگر مطابق با نتایج این پژوهش، محققین بیان نمودند که بین چندشکلی ژن IGFBP3 با وزن زنده بدن در ۵۶ روزگی در مرغ ارتباط معنی‌داری وجود دارد (۱۰). علت ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ های ژن IGFBP3 با صفات وزن زنده بدن در ۸ هفتگی و وزن چربی حفره‌شکمی را می‌توان این‌گونه توضیح‌داد که چندشکلی مورد بررسی در این پژوهش باعث تغییر توالی GGA به AGA در این ژن می‌شود. در نتیجه این تغییر توالی، اسید آمینه شماره ۵۷ از زنجیره ۲۸۲ اسید آمینه ای محصول این ژن نیز دستخوش تغییر می گردد. به این ترتیب که اسید آمینه گلیسین به آرژنین تغییر پیدا می کند. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که چندشکلی جایگاه ژنی مورد نظر در ژن IGFBP3 با برخی صفات رشد و لاشه (وزن زنده در ۸ هفتگی و وزن چربی حفره شکمی) در خروس بومی مازندران ارتباط معنی داری دارد. لذا انتخاب به کمک نشانگر می تواند به‌عنوان 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(12): 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.
3. **Cheong, H.S., Yoon, D.H., Kim, L.H., Park, B.L., Lee, H.W., Chung, E.R. and Shin H.D., 2008.** Association Analysis between insulin-like growth factor binding protein 3 (IGFBP3) polymorphisms and carcass traits in cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 21(3): 309-313.
4. **Chudhary, V., Kumar, P., Bhattachraya, T.K., Bhushan, B., Sharma, A. and Shukla, A., 2007.** DNA Polymorphism of insulin-like growth factor-binding protein-3 gene and its association with birth weight and body weight in cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 124(1): 29-34. doi: 10.1111/j.1439-0388.2007.00626.x
5. **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)
6. **Emara, M.G. and Kim, H., 2003.** Genetic markers and their application in poultry breeding. *Poultry Science*. 82(6): 952-957. doi: 10.1093/ps/82.6.952
7. **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
8. **Hastie, P.M., Onagbesan, O.M. and Hareign, W., 2004.** Co-expression of messenger ribonucleic acids Encoding IGF-I, IGF-II; type I and II IGF receptors and IGF-binding proteins (IGFBP-1 to -6) during follicular development in the ovary of seasonally anoestrous ewes. *Journal of Animal Reproduction Science*. 84: 93-105.
9. **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.
10. **Jin, C., Wang, J., Wang, H., Zhang, G., Shi, H. and Yu, Y., 2010.** Genetic diversity of IGFBP3 gene exon 1 And partial sequence of intron 1 and their association with growth and reproductive. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*. 9: 132-134.
11. **Naghavi, M., Gharehyazi, B. and Hosseini Salkadeh, G., 2009.** Molecular markers (3rd edition), Tehran University Press. 48 p. (In Persian)
12. **Ou, J.T., Tang, S.Q., Sun, D.X. and Zhang, Y., 2009.** Polymorphisms of three neuroendocrine-correlated Genes associated with growth and reproductive traits in the chicken. *Poultry Science*. 88: 722-727.
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. **Yu, Y., Wang, J., Gu, Y. and Jin, C., 2013.** Genetic polymorphism of chicken IGFBP3 gene at C1087T and its association with body weight and productive performance of Jinghai yellow chicken. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*. 9: 359-364.

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]

[DOI: 10.22034/aer.1.1.21]