2025, 1(3): 43-46

JAER

Journal of Animal Environmental Reaserch

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

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

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

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.

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

[DOI: 10.22034/AER.1.1.43]

مقاله علمی - پژوهشی

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

حسین عطارچی[۱*]، مجتبی طهمورث‌پور[۲]، مجتبی آهنی آذری[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

[٤] 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 مرغ های 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 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 ۰/٦۷۵ 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 ۱٤۰۳
تاریخ داوری: ۱۵ تیر ۱٤۰۳
تاریخ اصلاح: ۱۷ شهریور ۱٤۰۳
تاریخ پذیرش: ۱۹ مهر ۱٤۰۳

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

[DOI: 10.22034/AER.1.1.43]

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 می‌دهند. البته اطلاعات اندکی در رابطه با ظرفیت‌ها و ویژگی‌های تولید و تولیدمثلی مرغان بومی وجود دارد (۶). بنابراین شناخت دقیق این ذخائر ژنتیکی می‌تواند مبنای دقیق‌تری برای برنامه‌های اصلاح نژادی در آینده و نتیجه‌دهی آن‌ها در زمان کوتاه‌تر و استفاده بهینه از منابع موجود در جهت افزایش تولید گردد (۳). 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 می‌کند تعداد کمی ژن می‌تواند سهم عمده‌ای از تنوع ژنتیکی را به‌خود 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 (۷). براساس یافته‌های توالی‌یابی، ژن LEPR روی کروموزوم شماره ۸ مرغ قرار گرفته است و bp ۳۰۲۰۲ طول دارد (۲). لپتین هورمونی پلی پپتیدی است که به‌عنوان 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 می‌باشد ولی گیرنده‌های لپتین در بافت‌های مختلف بیان می‌شوند که نشان دهنده آن است که لپتین علاوه بر عملکرد مرکزی به‌صورت محیطی نیز عمل می‌کند. بافت چربی و عضلانی به‌عنوان دو بافت بسیار فعال و مهم متابولیکی از اهداف عمل لپتین در بدن می‌باشند. نشان داده شده است که لپتین در عضله اسکلتی، سطح لیپیدهای داخل سلولی را کاهش می‌دهد و هم‌چنین در بافت چربی لپتین لیپولیز را تحریک و از تجمع چربی جلوگیری می‌کند (۴، ۱۲). محققین با بررسی چند شکلی ژن LEPR در جوجه گوشتی، ارتباط معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های این ژن با صفات لاشه گزارش نمودند (۱۱). اگرچه روش انتخاب مرسوم بر اساس ارزش‌های 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 به میزان دخالت واریانس محیطی در واریانس فنوتیپی، اختلاف بین فنوتیپ و ژنوتیپ وجود خواهد داشت، دقت انتخاب کاهش می‌یابد (۱). در سال‌های اخیر با استفاده از روش‌های مولکولی، امکان نقشه‌یابی ژن‌های 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 به‌کمک نشانگرهای مولکولی 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 (۵). در همین راستا نشانگر RFLP با توجه به تکرارپذیری و دقت بالای آن قادر به تشخیص چندشکلی در هر جایگاهی از ژنوم می‌باشد (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 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 داده شده 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 نگه‌داری آب با اندازه‌گیری وزن نمونه گوشت قبل و بعد از سانتریفیوژ به‌مدت ۴ دقیقه با سرعت ۱۵۰۰ دور در دقیقه و سپس قراردادن آن در آون به‌مدت ۲۴ ساعت در دمای ۷۰ درجه سانتی‌گراد و مجدد وزن‌کشی آن، با استفاده از فرمول مربوطه محاسبه گردید. برای اندازه‌گیری چربی داخل عضله‌ای از دستگاه سوکسله استفاده شد. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به‌مقدار ۲ میلی‌لیتر خون از ورید زیر بال، در تیوب‌های حاوی ماده ضدانعقاد EDTA گرفته و نمونه‌های 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 نمونه‌های DNA استخراج شده از دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز روی ژل آگارز استفاده گردید. به‌منظور تکثیر یک قطعه ۶۸۸ جفت بازی از ناحیه اگزون ۷ ژن LEPR از

[Downloaded from www.journalaer.com on 2026-11-15]
[DOI: 10.22034/AER.1.1.43]

آغازگرهای طراحی شده در صفحه Primer-BLAST از پایگاه NCBI استفاده گردید که توالی آن‌ها به‌صورت 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 هرکدام ۱/۵ میکرو لیتر با غلظت ۱۰ پیکومول برمیکرولیتر، 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 به‌مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۵۹ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۵ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۶۰ 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 BsrI و ۴ میکرولیتر آب مقطر دوبار تقطیر در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد و برای ۱۶ ساعت برروی 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 به‌دست آمده با استفاده از مدل آماری زیر در نرم فزار 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 بعداز انجام واکنش PCR برای ژن LEPR برابر ۶۸۸ جفت باز بوده است. در اثر برش آنزیم هضمی BsrI، قطعات ۶۸۸، ۴۹۲ و ۱۹۶ جفت بازی برای جایگاه موردنظر 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 - به‌ترتیب 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 و pH گوشت وجود دارد ($P<0/05$). مقایسات میانگین نشان داد که به‌طور 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).

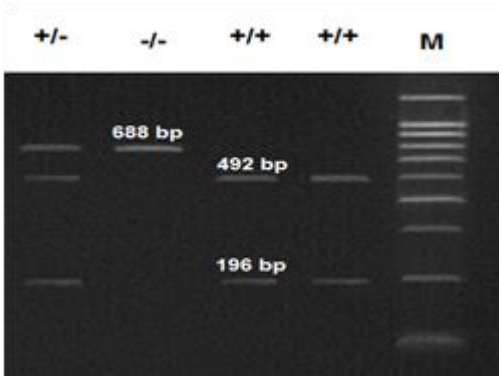
جدول ۱: مقایسه میانگین ژنوتیپ‌های مختلف ژن LEPR برای صفات رشد و لاشه (میانگین ± انحراف معیار) در مرغ بومی

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

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

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

[DOI: 10.22034/AER.1.1.43]



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 کوچک‌بودن 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). هم‌چنین 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 به‌دست 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 این‌گونه توضیح داد که چندشکلی مورد بررسی در این پژوهش باعث تغییر توالی CAG به CCG در این ژن می‌شود. درنتیجه این تغییر توالی، اسیدآمینه شماره ۱۱۳ از زنجیره ۱۱۶ اسیدآمینه‌ای محصول این ژن نیز دستخوش تغییر می‌گردد. به این ترتیب که اسیدآمینه گلوتامین به پرولین تغییر پیدا می‌کند. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که چندشکلی جایگاه ژنی مورد نظر در ژن LEPR با برخی صفات رشد و لاشه (وزن چربی حفره‌شکمی، درصد چربی داخل عضله‌ای و pH گوشت) در مرغ بومی مازندران ارتباط معنی‌داری دارد. لذا انتخاب به کمک نشانگر می‌تواند 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: 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., Wojtysiak, 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

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

[DOI: 10.22034/AER.1.1.43]