مجله بیوتکنولوژی کشاورزی

علمی-پژوهشی و ISC

تأثیر ژن TGFβ3 بر ارزش های فنوتیپی و ارثی صفات وزن بدن در مرغ بومی استان فارس

آمنه محمدی فر[1]، سید علی فقیه ایمانی[2]، محمدرضا محمدآبادی*[3]، محمد سفلایی[4]

[1]عضو هیأت علمی دانشگاه پیام نور.

[2]دانش آموخته بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان.

[3]دانشیار بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان.

[4] عضو هیأت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمان.

تاریخ دریافت: 90/02/30 تاریخ پذیرش: 91/07/15

چکیده

به منظور بررسی چند شکلی ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 (TGFβ3) و تأثیر این ژن بر ارزش های فنوتیپی و ارثی صفات وزن بدن از 120 قطعه مرغ بومی استان فارس به طور تصادفی خونگیری به عمل آمد. استخراج DNA با استفاده از کیت استاندارد انجام و یک قطعه 294 جفت بازی تکثیر شد. بعد از انجام PCR، قطعه تکثیر یافته به کمک آنزیم *BsrI* هضم و دو آلل T و t به تریب با فراوانی 0/29 و 0/71 آشکار شد. فراوانی ژنوتیپ های TT، Tt و tt به ترتیب 0/15، 0/275 و 0/575 به دست آمد. مقادیر شاخص شانون (I)، تعداد آلل موثر(Ne)، شاخص هتروزیگوزیسیته مشاهده شده (Ho) و شاخص هتروزیگوزیسیته مورد انتظار (He)، برای جایگاه ژنی TGFβ3 به ترتیب برابر 0/60، 1/69، 0/28 و 0/41 بود. آلل T بر افزایش وزن بدن در یک روزگی و 8 هفتگی تأثیر معنی داری داشت (P≤0/05). نتایج نشان داد که این جمعیت از تنوع ژنتیکی خوبی برخوردار است و باید در حفظ آن کوشید تا در آینده بتوان از این مخازن با ارزش در صورت نیاز استفاده نمود. همچنین ژن TGFβ3 می تواند به عنوان یک ژن کاندیدا در اصلاح نژاد این حیوان مورد توجه قرار گیرد.

کلمات کلیدی: ***فاکتور موثر بر رشد بتا -3، چندشکلی، مرغ بومی، افزایش وزن بدن.***

* نویسنده مسئول: محمدرضا محمدآبادی تلفن: 09133987534 Email:mmohammadabadi@yahoo.ca

مقدمه

امروزه ژنتیک مولکولی اهمیت ویژه و خاصی در انتخاب و اصلاح نژاد دام‌ها پیدا کرده است، زیرا امکان انتخاب دقیق‌تر و دستیابی به پاسخ سریعتر را ممکن می‌سازد. انتخاب بر اساس نشانگرهای ژنتیکی یکی از راهکارهای موثر در اصلاح نژاد است که منجر به افزایش تولید می‌شود. به دلیل پیشرفت قابل توجه در تکنیک‌های ملکولی و اهمیت به سزای ژنتیک ملکولی در طراحی برنامه‌های اصلاحی، نیاز به انجام بررسی‌های ملکولی، خصوصاً در برنامه‌های انتخاب بر پایه نشانگرهای ژنتیکی (MAS)[1] بیش از پیش احساس می‌شود. در این راستا استفاده از تکنیک PCR-RFLP[2] به منظور شناسایی SNPها[3] از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Beccavin *et al*., 2001). پرورش مرغ بومی از دیرباز در نقاط مختلف روستایی و حتی شهری رایج بوده و پرورش‌دهندگان علاوه بر نیازهای خود، مازاد تولیدات را به فروش رسانده و از این طریق ضمن کمک به اقتصاد خانوارهای روستایی و ایجاد اشتغال با استفاده از مازاد مواد غذایی و زراعی در روستاها، هزینه پرورش نیز کاهش می‌یافت. امروزه کشورهای توسعه یافته با استفاده از روش‌های اصلاحی بر مبنای برنامه های ژنتیک مولکولی، پیشرفت های شگرف و شتابانی را تجربه نموده اند. بستر سازی برای استفاده از روش‌های جدید در کشور ما نیز نیازمند مطالعه هر چه بیشتر جهت شناخت ژن‌ها و عملکرد آن‌ها روی صفات تولیدی در نژادهای مختلف دام و طیور کشور می‌باشد. اگر چه صفات کمی تحت تاثیر تعداد زیادی ژن قرار دارند، اما در این میان ژن‌های اصلی نیز بخش قابل توجهی از تغییرات فنوتیپی یک صفت را تحت کنترل دارند. شناخت ژن‌های اصلی و چگونگی ارتباط آنها با صفات تولیدی می تواند ما را در افزایش دقت در برآورد ارزشهای اصلاحی، کاهش خطا در انتخاب و در نهایت پیشرفت ژنتیکی بیشتر در فاصله نسل کمتر کمک کند. اثرات بیولوژیکی فاکتور موثر بر رشد بتا شامل اثرات روی تمایز سلولی، تکثیر سلولی، رشد سلولی، تشکیل ماتریکس خارج سلولی و عملکرد ایمنی است (Madeja *et al*., 2004). زیر خانواده فاکتور موثر بر رشد بتا یکی از مهمترین ژن های تاثیر گذار در صفات رشد و سازگاری است (Burt and Law, 1994; Snaders and Wride, 1997). اعضای خانواده بزرگ TGFβ دارای اعمال چند گانه‌ای هستند که تولید پروتئین‌هایی را به عهده دارند که به عنوان انتقال دهنده پیام از یک سلول به سلول دیگر می‌باشند و نقش مهمی در رشد و سازگاری سلول‌ها بازی می‌کنند (Li et la., 2003). خانواده TGFβ شامل 4 عضو می باشد که عبارتند از: TGFβ1، TGFβ2، TGFβ3 و TGFβ4 (Burt *et al*., 1991). ژن TGFβ3 روی کروموزوم شماره 5 قرار دارد (Groenen *et al*., 2000). فعالیت های بیولوژیکی

[1]Marker Assisted Selection
[2]PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism
[3]Single Nucleotide Polymorphism

اشکال مختلف TGFβ در طیور تقریبا مانند آن چیزی است که در پستانداران گزارش شده است (Congburn *et al*., 2000). ژن TGFβ روی رشد و تمایز انواع مختلفی از سلول‌ها و نیز در ماهیچه سازی، غضروف سازی، استخوان سازی، خون سازی، تمایز سلول‌های پوششی و چربی سازی نقش مهمی را به عهده دارد (Snaders and Wride, 1997). تعدادی از محققین رابطه ژنهای TGFß با جایگاه صفات کمی کینتیک های پاسخ ایمنی در مرغ‌ها را مورد بررسی قرار داده‌اند و پیشنهاد کرده‌اند که این ژن یا ژن های پیوسته به آن با پاسخ ایمنی مرتبط هستند (Zhou and Lamont, 2003). نتایج پژوهش‌های انجام شده نشان داده که SNPهای موجود در جایگاه TGFß ممکن است در انتخاب بر اساس نشانگر برای تولید آنتی بادی مفید باشد (Piek *et al*., 1999). در پژوهشی Li *et al*. (2003) رابطه چند شکلی ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 را با صفات وزن در 2، 4، 6 و 8 هفتگی بررسی و رابطه معنی داری بین چند شکلی های این ژن و صفت وزن در 8 هفتگی و 1 روزگی گزارش کردند. این پژوهشگران به کمک مقایسات میانگین در مورد وزن بدن در 2 و 4 هفتگی نشان دادند که افراد دارای ژنوتیپ هتروزیگوت دارای میانگین وزن بالاتری در مقایسه با افراد دارای دو ژنوتیپ هموزیگوت بوده اند، اما اختلاف بین میانگین دو ژنوتیپ هموزیگوت معنی دار نبود. افراد دارای ژنوتیپ tt و Tt دارای اختلاف معنی داری از یکدیگر در صفت وزن بدن در 6 و 8 هفتگی نبودند، اما میانگین وزن بدن در این افراد به طور معنی داری ($P\leq0/05$) بیشتر از افراد دارای ژنوتیپ TT بود. آنها همچنین رابطه معنی داری بین ژنوتیپ‌های حاصل از ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 برای این صفت گزارش نمودند ($P\leq0/05$). مقایسات میانگین آنها نشان داد که میانگین وزن بدن در هشت هفتگی بین افراد دارای ژنوتیپ tt اختلاف معنی داری با میانگین این صفت در افراد دارای Tt نداشت، ولی هر دو ژنوتیپ میانگین وزن بالاتری را نسبت به افراد دارای ژنوتیپ TT نشان دادند. محققین آنالیز چند شکلی تک نوکلئوتیدی روی ژن میواستاتین در لاین های مختلف طیورا را مورد بررسی قرار داده و بیان داشتند که میواستاتین عضو جدیدی از خانواده بزرگ فاکتور موثر بر رشد بتا است که به صورت اختصاصی در ماهیچه اسکلتی بیان و به عنوان ناظم رشد در این بافت عمل می کند. تنوع ژنتیکی موجود در این ژن در طیور حاکی از آن است که نژادهای با چندشکلی زیاد در این ژن نسبت به بیماری‌ها مقاوم‌تر هستند. لذا، احتمال دارد که این ژن بتواند به عنوان یک ژن کاندیدا برای مقاومت به بیماری نیز در طیور مورد توجه قرار گیرد (Li *et al*., 1998). خانواده ای از ژن-هایی که در تمام فرآیندهای بیولوژیکی پایه ضروری هستند ژن‌های *TGFβ* هستند (Newfeld *et al*., 1999; Massague and Chen, 2000). در پژوهش Kramer *et al*. (2003) همبستگی‌های معنی داری بین ژن های گوناگون *TGFβ* با میزان Salmonella enteritidis (SE) سکوم، کبد و طحال

به دست آمد. در پژوهش این محققین، اثر متقابل معنی داری بین این ژن ها و صفات وابسته به میزان Salmonella enteritidis (SE) اندازه گیری شده یافت نشد. بنابراین، علاوه بر این که این ژن ها روی رشد و ترکیب لاشه و کینتیک آنتی بادی اثر دارند (Li *et al*., 2002; Zhou *et al*., 2001 a,b)، این ژن ها ممکن است روی میزان Salmonella enteritidis (SE) در اندام‌های گوناگون نیز اثر داشته باشند.

با توجه به این که مرغ بومی استان فارس تا کنون برای این ژن مورد مطالعه قرار نگرفته است، لذا هدف از این تحقیق شناسایی چند شکلی آللی در جایگاه فاکتور موثر بر رشد بتا-3 و بررسی اثر این ژن بر ارزش های فنوتیپی و ارثی صفات وزن بدن در مرغان بومی فارس برای اولین بار بود.

مواد و روش‌ها

تعداد 120 نمونه خون از مرغان ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی استان فارس به طور تصادفی تهیه و استخراج DNA از خون کامل با کیت استاندارد (Diatom DNA Prep) انجام شد. سپس کمیت و کیفیت DNA با الکتروفورز روی ژل آگارز و مقایسه با DNA فاژ لامبدای استاندارد و نیز دستگاه اسپکتروفتومتر مشخص شد. تکثیر قطعات مورد نظر در جایگاه فاکتور موثر بر رشد بتا-3 با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR) توسط آغازگرهای زیر انجام شد: 5'-TCAGGGCAGGTAGAGGGTGT-3' و 5'-GCCACTGGCAGGATTCTCAC-3'. دما و زمان های استفاده شده در سیکل‌های حرارتی به صورت زیر بود: دناتوراسیون اولیه به مدت 2 دقیقه در دمای 95 درجه سانتیگراد؛ تعداد 30 سیکل با دناتوراسیون به مدت 1 دقیقه و دمای 95 درجه، اتصال به مدت 1 دقیقه و دمای 58 درجه، سنتز به مدت 90 ثانیه و دمای 72 درجه و سنتز نهایی به مدت 10 دقیقه و دمای 72 درجه سانتیگراد. پس از انجام واکنش PCR، محصولات آن با الکتروفورز روی ژل آگارز، سپس رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید و مشاهده زیر نور ماوراء بنفش بررسی شد. جهت هضم آنزیمی محصولات حاصل از واکنش PCR از آنزیم برشی *Bsr*I استفاده شد. محصولات PCR بعد از هضم آنزیمی روی ژل آگارز الکتروفورز و آلل ها به کمک رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید شناسایی شد. با شناسایی آلل‌ها، ژنوتیپ هر یک از نمونه ها تعیین و آنالیز فراوانی ژنی و ژنوتیپی به کمک نرم افزار POPGENE انجام شد (Nei, 1997).

ارزش های ارثی حیوانات با استفاده از اطلاعات شجره ای مرغان بومی مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی استان فارس از سال 1376 به بعد برآورد شد. محاسبه ارزشهای ارثی به صورت چند صفتی و با کمک مدل شماره 3 نرم افزار DFREML، که دارای اثرات افزایشی و اثرات مادری می باشد انجام گرفت (Meyer, 2000). از مدل آماری $y_{ijk} = \mu + yh_i + s_j + m_k + \varepsilon_{ijk}$ برای پیش بینی ارزش های ارثی صفات وزن در 1 روزگی، وزن در 8 هفتگی و وزن در 12 هفتگی

استفاده شد، که در آن y_{ijk} = مقدار فنوتیپی صفت مورد بررسی، μ = میانگین کل، yh_i = اثر توام سال و هچ، s_j = اثر جنس، m_k = اثرات مادری و $\varepsilon_{ijk\ln}$ = اثر تصادفی باقیمانده می باشد. با توجه به این که سن بلوغ جنسی می تواند صفت وزن بدن در زمان بلوغ جنسی را تحت تاثیر قرار دهد برای محاسبه ارزش ارثی صفت یاد شده از مدل آماری

$$y_{ijk} = \mu + yh_i + s_j + m_k + b(x_{ijk} - xb) + \varepsilon_{ijk}$$

استفاده شد، که در آن y_{ijk} = مقدار فنوتیپی صفت مورد بررسی، μ = میانگین کل، yh_i = اثر توام سال و هچ، s_j = اثر جنس، m_k = اثرات مادری، b = ضریب تابعیت سن بلوغ جنسی روی صفت وزن بدن در زمان بلوغ، x_{ijk} = سن بلوغ جنسی، xb = میانگین تصحیح شده صفت سن بلوغ جنسی و $\varepsilon_{ijk\ln}$ = اثر تصادفی باقیمانده می باشد. برای برآورد رابطه بین ژنوتیپهای حاصل با داده‌های فنوتیپی از رویه GLM نرم افزار SAS (V9.1) (SAS, 2006) و با کمک مدل $y_{ijkl} = \mu + g_i + h_j + s_k + d_l + \varepsilon_{ijkl}$ که در آن y_{ijkl} = مقدار فنوتیپی صفت مورد بررسی، μ = میانگین کل، g_i = اثر ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3، h_j = اثر هچ، s_k = اثر جنس، d_l = اثرات مادری و ε_{ijkl} = اثر تصادفی باقیمانده است برای سه صفت وزن بدن در 1 روزگی، وزن بدن در 8 هفتگی و وزن بدن در 12 هفتگی و از مدل

$$y_{ijkl} = \mu + g_i + h_j + s_k + d_l + b(x_{ijk} - xb) + \varepsilon_{ijkl}$$

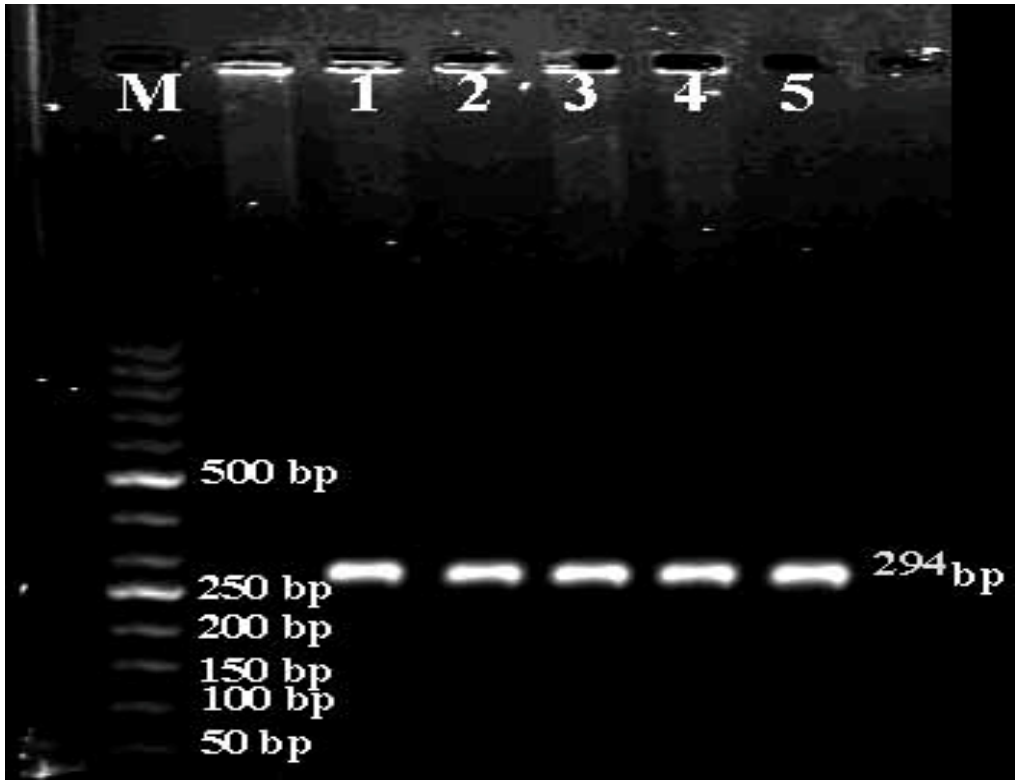
که در آن y_{ijkl} = مقدار فنوتیپی صفت مورد بررسی، μ = میانگین کل، g_i = اثر ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3، h_j = اثر هچ، s_k = اثر جنس، d_l = اثرات مادری، ε_{ijkl} = اثر تصادفی باقیمانده، b = ضریب تابعیت سن بلوغ جنسی روی صفت وزن بدن در زمان بلوغ، x_{ijk} = سن بلوغ جنسی و xb = میانگین تصحیح شده صفت سن بلوغ جنسی است، برای صفت وزن در زمان بلوغ جنسی استفاده شد. ژنوتیپهای حاصل از ژن هورمون فاکتور موثر بر رشد بتا-3 با ارزش‌های ارثی صفات مورد بررسی توسط مدل $y_i = \mu + g_i + \varepsilon_{ijkl}$، که در آن y_i = ارزش ارثی صفت مورد بررسی، g_i = اثر ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 و ε_{ijkl} = اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد استفاده شد. با استفاده از آزمون حداقل مربعات، میانگین ها تصحیح و به کمک مقایسات میانگین اختلاف بین میانگین ها بررسی شد.

نتایج و بحث

وجود یک باند واضح و فاقد کشیدگی روی ژل آگارز و نیز به دست آوردن عدد 1/8 از تقیسم جذب در 260 نانومتر بر جذب در 280 نانومتر نشان دهنده کیفیت خوب DNA استخراج شده و عدم وجود هر گونه آلودگی در آن بود. بعد از انجام PCR، جهت حصول اطمینان از موفقیت آمیز بودن عمل تکثیر محصولات، محصولات PCR روی ژل آگارز 2 درصد الکتروفورز شدند. الگوی باندهای تشکیل شده ژن TGFβ3 در شکل 1 نشان داده شده است. این شکل نشان می دهد که این جایگاه قطعه‌ای با طول 294 جفت باز تولید می نماید که با نتایج Li *et al.* (2003) و Amirinia *et al.* (2011) مطابقت

داشت که حکایت از اختصاصی عمل کردن آغازگرهای مورد استفاده برای این ژن و عملکرد صحیح PCR دارد.

بعد از هضم شدن محصولات PCR، محصولات هضم بر روی ژل آگارز 3 درصد جهت تعیین ژنوتیپ هر حیوان الکتروفورز شد که نتایج الگوهای هضمی در شکل 2 نشان داده شده است. قطعه تکثیری از ژن TGFβ3 به طول 294 جفت باز بعد از هضم توسط آنزیم *Bsr*I تولید دو آلل کرد. آلل T تولید قطعات 145، 75 و 74 جفت بازی و آلل t تولید قطعات 125، 75، 74 و 20 جفت بازی نمود که قطعه 20 جفت بازی در شکل دیده نمی شود و قطعات 75 و 74 روی هم افتادگی دارند. لذا سه ژنوتیپ TT با قطعات 145، 75 و 74، ژنوتیپ tt با قطعات 125، 75، 74 و 20 و ژنوتیپ هتروزیگوت Tt با قطعات 145، 125، 75، 75، 74 و 20 مشاهده شدند که با نتایج Li *et al.* (2003) و Amirinia *et al.* (2011) مطابقت داشت.

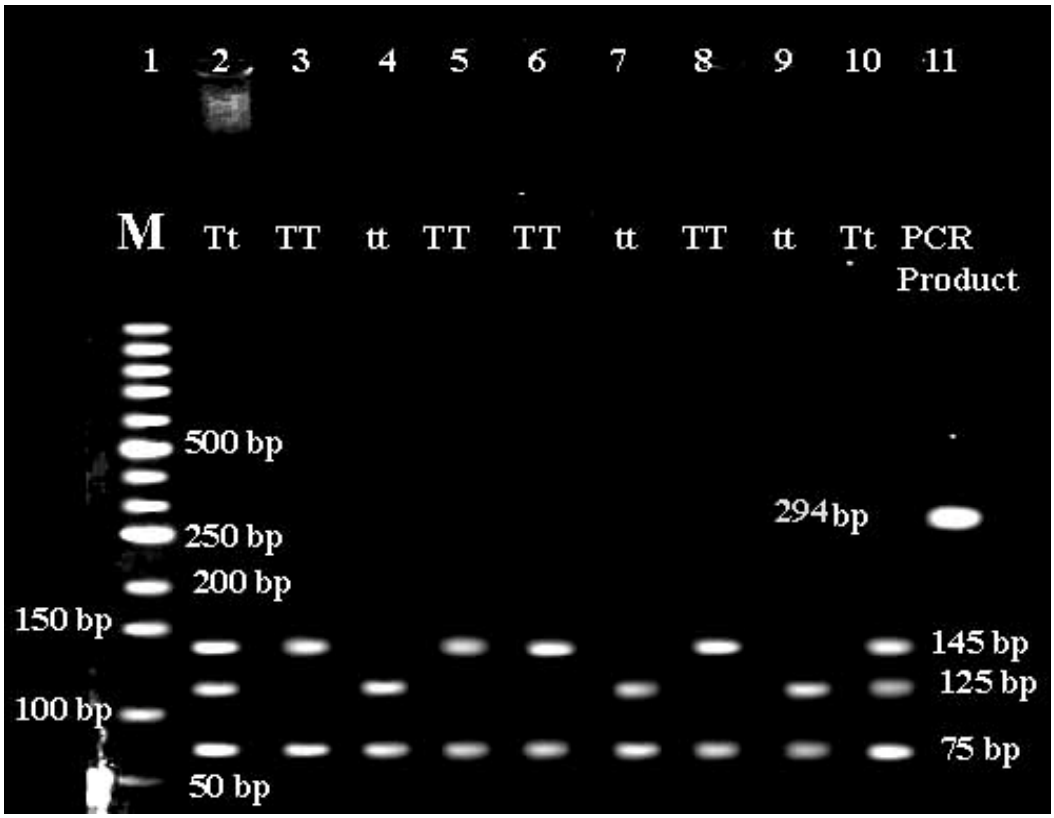


شکل 1- محصولات PCR برای ژن TGFβ3 روی ژل آگارز 1 درصد. M: نشانگر اندازه M50.

Figure 1- PCR products for TGFβ3 gene on 1% agarose gel. M: size marker M50.

تعداد ژنوتیپ های مشاهده شده برای TT، Tt و tt به ترتیب 18، 33 و 69 بود که فراوانی ژنوتیپی آن‌ها به ترتیب برابر 0/15، 0/275 و 0/575 به دست آمد. فراوانی های آللی نیز برای دو آلل T و t به ترتیب 0/29 و 0/71 محاسبه شد که با نتایج Li *et al.* (2003) و Amirinia *et al.*

(2011) مطابقت داشت. این نتایج نشان می دهد که عملکرد آنزیم مورد استفاده و قطعات تولید شده صحیح می باشد و عمل هضم به درستی صورت گرفته است. مقادیر شاخص شانون (I)، تعداد آلل موثر (Ne)، شاخص هتروزیگوزیسیتی مشاهده شده (Ho) و شاخص هتروزیگوزیسیتی مورد انتظار (He)، برای جایگاه ژنی TGFβ3 به ترتیب برابر 0/60، 1/69، 0/28 و 0/41 بود.



شکل 2- ژنوتیپ‌های مشاهده شده برای ژن TGFβ3 حاصل از هضم محصولات PCR با آنزیم برشی *Bsr*I.نشانگر اندازه M=M50.

Table 2- Observed genotypes for TGFβ3 gene, digested PCR products by restriction enzyme *Bsr*I.

نتایج نشان داد که این جمعیت از تنوع ژنتیکی خوبی برخوردار است و باید در حفظ آن کوشید تا در آینده بتوان از این مخازن با ارزش در صورت نیاز استفاده نمود. نتایج حاصل از آنالیز واریانس و مقایسات میانگین با استفاده از مدلهای بیان شده در جدول های 1 و 2 آورده شده است. همان طور که مشاهده می شود رابطه بین صفت وزن بدن در 8 هفتگی و 1 روزگی با ژنوتیپ‌های حاصل از ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 معنی دار بود (P≤0/05)، ولی برای وزن بدن در 12 هفتگی و وزن بدن در سن بلوغ معنی دار نبود.

جدول 1- آنالیز واریانس صفات مختلف مورد بررسی در جمعیت.

Table 1- Analysis of Variance for different traits in studied population.

ارزشهای ارثی Breeding values	ارزشهای فنوتیپی Phenotypic value	صفت Trait
0.47^{ns}	0.05^{*}	وزن بدن در سن یک روزگی Body weight at birth (1) day
0.75^{ns}	0.09^{*}	وزن بدن در سن هشت هفتگی Body weight at 8 weeks
0.15^{ns}	0.05^{ns}	وزن بدن در سن دوازده هفتگی Body weight at 12 weeks
0.53^{ns}	1.09^{ns}	وزن بدن در زمان بلوغ Body weight at maturation

*= معنی دار در سطح 0/05 و ns= غیر معنی دار.

جدول 2- میانگین مربعات اشتباه معیار و مقایسات میانگین ژنوتیپ های مختلف ژن در ارتباط با صفت.

Table 2- The mean square of standard error and comparison of means for different genotypes in relation to trait.

صفت Trait	ژنوتیپ Genotype		
	Tt	tt	TT
وزن بدن در یک روزگی Body weight at birth (1) day	39.03[a]	38.85[a]	35.63[b]
وزن بدن در هشت هفتگی Body weight at 8 weeks	541.02[a]	501.92[a]	449.49[b]

حروف متفاوت اختلاف میانگین ها را در سطح 5 درصد نشان می دهند.

این امر حاکی از این است که این ژن بر وزن بدن در سنین پایین بیشتر موثر است تا سنین بالا و با توجه به این که انتخاب بر اساس وزن بدن در سنین پایین انجام می شود، لذا این ژن می‌تواند به عنوان یک ژن کاندیدا برای انتخاب طیور بر اساس وزن بدن در سنین پایین باشد. در پژوهشی Li *et al.* (2003) رابطه چند شکلی ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 را با صفات وزن در 2، 4، 6 و 8 هفتگی بررسی و رابطه معنی داری بین چندشکلی های این ژن و صفات وزن بدن در 2، 4 و 6 هفتگی را گزارش نمودند، که با نتایج این پژوهش همخوانی دارد و تأیید کننده اثر این ژن بر وزن بدن در سنین پایین می باشد.

اختلاف بین ارزش‌های ارثی افراد در یک

صفت می تواند ناشی از عمل جهش روی ژن-های موثر بر صفت مورد نظر باشد (Madeja *et al.*, 2004)، اما رابطه بین صفت وزن بدن در 1 روزگی، وزن بدن در 8 هفتگی، وزن بدن در 12 هفتگی و وزن بدن در سن بلوغ با ارزش‌های اصلاحی ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 معنی دار نبود. این نتیجه را می توان به دلیل عدم وجود جهش‌های موثر در نواحی بررسی شده از ژن و یا عدم توانایی آنزیم محدود کننده در شناسایی محل جهش دانست. اما اگر این عوامل دخیل نباشند، می تواند به این نکته اشاره کرد که اثرات افزایشی این جایگاه بر وزن بدن اثر ندارد، بلکه اثرات غیر افزایشی این ژن بر وزن بدن در سنین پایین موثر است.

در پژوهشی Li *et al.* (2003) به کمک مقایسات میانگین در مورد وزن بدن در دو و چهار هفتگی نشان دادند که افراد دارای ژنوتیپ هتروزیگوت دارای میانگین وزن بالاتری در مقایسه با افراد دارای دو ژنوتیپ هموزیگوت بوده اند، اما اختلاف بین میانگین دو ژنوتیپ هموزیگوت معنی‌دار نبود. افراد دارای ژنوتیپ tt و Tt دارای اختلاف معنی داری از یکدیگر در صفت وزن بدن در 6 و 8 هفتگی نبودند، اما میانگین وزن بدن در این افراد به طور معنی داری ($P\leq0/05$) بیشتر از افراد دارای ژنوتیپ TT بود. در پژوهش حاضر نیز مقایسه ژنوتیپ های حاصل از ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 در خصوص صفت وزن بدن در یک روزگی و هشت هفتگی، عدم وجود اختلاف معنی دار بین ژنوتیپ های tt و Tt را نشان داد، اما میانگین این صفت در افراد دارای ژنوتیپ های tt و Tt بیشتر از میانگین افراد دارای ژنوتیپ های TT بود ($P\leq0/05$) که با نتایج Li *et al.* (2003) همخوانی داشت و نشان دهنده این است که آلل t نقش مهمتری در وزن بدن در سنین پایین دارد و از طرفی چون هتروزیگوت ها تا حدودی از هموزیگوت های tt کمی سنگین تر هستند، می تواند به خاطر اثرات هتروزیس یا غالبیت باشد که در هتروزیگوت ها بروز می نماید. در پژوهشی Li *et al.* (2003) رابطه معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های حاصل از ژن فاکتور موثر بر رشد بتا-3 برای این صفت گزارش نمودند ($P\leq0/05$). مقایسات میانگین نشان داد که میانگین وزن بدن در 8 هفتگی بین افراد دارای ژنوتیپ tt اختلاف معنی داری با میانگین این صفت در افراد دارای Tt نداشت، ولی هر دو ژنوتیپ میانگین وزن بالاتری را نسبت به افراد دارای ژنوتیپ TT نشان دادند. در تحقیق حاضر نتیجه ای مشابه با آنچه بیان شد در مورد صفت وزن بدن در 8 هفتگی و 1 روزگی بدست آمد، لذا می‌توان پرنده های مورد نظر را بر اساس وزن بدن در 1 روزگی و یا 8 هفتگی از بین هتروزیگوت ها انتخاب نمود.

منابع

Amirinia C, Seyedabadi HR, Amirmozafari N, Vaez Torshizi R, Chamani M, Javanrouh Aliabad A, Abbasi MA (2011). Association of transforming growth factor-ß3 gene polymorphism with growth and body composition traits in Iranian commercial broiler lines. African Journal of Biotechnology 10:1784-1788.

Beccavin C, Chevalier B, Cogburn LA,Simon J, Duclos MJ (2001). Insulin-like growth factors and body growth in chickens divergently selected for high or low growth rate. Journal of Endocrinology 168: 297-306.

Burt DW, Law AS (1994). Evolution of the transforming growth factor-beta superfamily. Progress Growth Factor Research 5: 99-118.

Burt DW, Paton IR, Dey BR (1991). Comparative analysis of human and chicken transforming growth factor-beta 2 and -beta3 promoters. Endocrinology Journal 7: 175-83.

Congburn LA, Burnside J, Scanes CG (2000). Physiology of growth and development in Sturkie Avivan Physiology, 5th (Ed). Academic Press, San Diego. pp: 635-656.

Groenen MA, Cheng HH, Bumstead N, Benkel BF, Briles WE, Burke T, Burt DW, Crittenden LB, Dodgson J, Hillel J, Lamont S, Ponce de Leon A, Soller M, Takahashi H, Vignal A (2000). A consensus linkage map of the chicken genome. Genome Research 10: 137-147.

Li H, Deeb N, Zhou H, Michell AD, Ashwell CM, Lamont SJ (2003). Chicken quantitive trait loci for growth and body composition associated with transforming growth for-β3 genes. Poultry Science 82: 347-356.

Li S, zadworny D, Aggrey SE, KuhnLein U (1998). Mitochondrial PEPCK: a highly polymorphic gene with allele's co- selected with marek's disease resistance in chickens. Journal. Animal Genetics 29: 395-397.

Madeja Z, Adamowicz T, Chmurzynska A, Jankowski T, Melonek J, Switonski M, Strabel T (2004). Effect of leptin gene polymorphisms on breeding value for milk production traits. Journal of Dairy Science 87: 3925-3927.

Meyer K (2000). DF REML version 3.0 program to estimate variance components by restricted maximum likelihood using derivative-free algorithm. Users note Animal genetics and breeding unit. University New England, Armidable, NSW, Australia, pp: 84.

Nei M (1977) F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. Annals of Human Genetics, London 41: 225–233.

Piek E, Heldin CH, Dijke PT (1999). Specificity diversity and regulation in TGFβ superfamily signaling. FASEB Journal 13: 2105-2124.

SAS Institute Inc (2006). SAS/STAT. Users guide. Version 9.1.

Snaders EJ, Wride MA (1997). Roles for growth and differentiation factors in avian embryonic development. Poultry Science 76: 111-117.

Zhou H, Lamont SJ (2003). Association of transforming growth factor beta genes with quantitative trait loci for antibody response kinetics in hens. Animal Genetics 34: 275-82.

Kramer J, Malek M, Lamont SJ (2003). Association of twelve candidate gene polymorphisms and response to challenge with Salmonella enteritidis in poultry. Animal Genetics 34: 339-348.

Li H, Deeb N, Zhou H, Ashwell CM, Lamont SJ (2002). Chicken QTLs for growth, body composition, and metabolic factors associated with TGF-beta family genes .Proceedings of Plant, Animal and Microbe Genomes X Conference ,January, San Diego, CA, USA.

Newfeld SJ, Wisotzkey RG, Kumar S (1999). Molecular evolution of a developmental

pathway: phylogenetic analyses of transforming growth factor-beta family ligands, receptors and Smad signal transducers. Genetics 152: 783-795.

Massague J, Chen YG (2000). Controlling TGF-beta signaling. Genes & Development 14: 627-644.

Zhou H, Buitenhuis AJ, Weigend S, Lamont SJ (2001a). Candidate gene promoter polymorphisms and antibody response kinetics in chickens: interferon-gamma, interleukin-2, and immunoglobulin light chain. Poultry Science 80: 1679-1689.

Zhou H, Weigend S, Lamont SJ (2001b). Effect of IAP1 and ZOV3 genes on antibody response kinetics in adult chickens. Proceedings of the Plant and Animal genome IX Conference, January, San Diego, California, pp. 147.

The effect of TGFβ3 gene on phenotypic and breeding values of body weight traits in Fars native fowls

Mohammadifar A.[1], Faghih Imani S.A.[2], Mohammadabadi M.R.*[3], Soflaei M.[4]

[1] Educator of Payamnoor university, Iran.
[3]Graduated Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Iran.
[3]Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Iran.
[4]Academic member, Department of Animal Science, Research Center for Agriculture and Natural Resource, Kerman, Iran.

Abstract

In order to detect polymorphism in TGF-β3 loci and effect of this gene on phenotypic and breeding values of body weight traits, blood samples were collected randomly from 120 hens of Fars native fowls. DNA was extracted using standard kit and a DNA fragment of 294 bp from TGF-β3 loci was amplified. After PCR, the amplified fragment digested using *BsrI* enzyme and revealed two alleles T and t with the frequency of 0.29 and 0.71, respectively. The frequencies of TT, Tt and tt genotypes were achieved 0.15, 0.275 and 0.575 respectively. Values for Shanon Index, Effective number of alleles, observed heterozygosity and expected heterozygosity for TGFβ3 were 0.60, 1.69, 0.28 and 0.41 respectively. Results showed that this population has a good genetic diversity and must try to conserve it to use these valuable gene pools. T allele had significant effect on body weight gain at 1 day and 8 weeks ($P<0.05$). Our results demonstrated that this population has a good genetic diversity, thus these valuable gene pools should be conserved to be used in the future if needed. TGF-β3 gene can also consider as a candidate gene in breeding of this animal.

Keywords: *TGFβ3, Polymorphism, Native fowls, body weight gain.*

*Corresponding Author: Mohammadabadi M.R. Tel: 09133987534 Email:mmohammadabadi@yahoo.ca