بررسی چندشکلی آللی ژن‌های PIT1 و STAT5B و ارتباط آن‌ها با صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران

- **حسین عطارچی*:** گروه علوم دامی، پردیس بین‌الملل دانشگاه فردوسی مشهد، صندوق‌پستی: **64955**
- **مجتبی طهمورث‌پور:** گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، صندوق‌پستی: **91775**
- **مجتبی آهنی‌آذری:** دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: **15739**
- **محمدهادی سخاوتی:** گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، صندوق‌پستی: **91775**
- **مختار مهاجر:** مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، صندوق پستی: **85799**

تاریخ دریافت: تیر 1395 تاریخ پذیرش: مهر 1395

چکیده

پژوهش حاضر با هدف مطالعه چندشکلی ژن‌های PIT1 وSTAT5B و ارتباط آن‌ها با صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران انجام شد. برای این منظور، تعداد 200 قطعه جوجه خروس تعیین جنسیت شده از مرغ‌های بومی مازندران در شرایط یکسان پرورش داده شده و همگی در سن 12 هفتگی کشتار شدند. صفات مورد بررسی قبل و بعد از کشتار شامل وزن زنده در 4، 8 و 12 هفتگی، وزن لاشه، قلب، کبد، سنگدان، طحال، چربی حفره شکمی، pH گوشت، ظرفیت نگه‌داری آب گوشت و چربی داخل عضله‌ای 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 جایگاه‌های مورد نظر هریک از ژن‌ها با استفاده از آغازگرهای اختصاصی آن‌ها تکثیر و تعیین ژنوتیپ توسط روش PCR-RFLP با آنزیم‌های اختصاصی آن‌ها انجام گرفت. فراوانی هریک از آلل‌های (+) و (-) در جایگاه ژنی PIT1 به‌ترتیب برابر با 0/715 و 0/285 و در جایگاه ژنی 5B STATبه‌ترتیب برابر با 0/355 و 0/645 تعیین شد. تجزیه و تحلیل داده‌های فنوتیپی و ژنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.12 نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن PIT1 با صفات وزن زنده در 12 هفتگی، وزن لاشه و وزن کبد و ژنوتیپ‌های ژن STAT5B با صفات وزن زنده در 8 هفتگی و چربی حفره شکمی وجود دارد (p<0/05). براساس نتایج حاصل از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که ژن‌های PIT1 و STAT5B می‌توانند در جایگاه مورد نظر به‌عنوان کاندید برای صفات رشد و لاشه در برنامه‌های اصلاح نژادی مرغ بومی مازندران مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی: PIT1، STAT5B، چندشکلی، صفات اقتصادی، مرغ بومی

مقدمه

مرغان بومی به‌دلیل 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(Ghazikhanishad و همکاران، 2007). مرغان بومی‌ایران ذخائر ژنتیکی‌پایه‌برای برنامه‌های اصلاح‌نژاددر زیستگاه‌های خویش محسوب می‌شوند، 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 (دهقان‌زاده و همکاران، 1383). 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 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(Havenstein و همکاران، 2003). براساس یافته‌های توالی‌یابی، ژن PIT1 روی کروموزوم شماره 1 مرغ قرار گرفته است و 13416bp طول دارد (Hillier و همکاران، 2013). این ژن در واقع یک فاکتور ویژه نسخه‌برداری هیپوفیزی می‌باشد که باعث تظاهر مناسب ژن‌های هورمون پرولاکتین و هورمون رشد در هیپوفیز قدامی می‌شود (Zwierzchowski و همکاران، 2001). در تحقیقاتی که روی این ژن انجام گرفته، ثابت شده است که این ژن به‌عنوان یک ژن کاندیدا نقش کلیدی در صفات

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: hossein_attarchi@yahoo.com

تولیدی و عملکردی دارد. مطالعات مختلف نشان داده‌اند که تنوع این ژن در ارتباط با رشد، صفات لاشه و چربی است(Song و همکاران، 2005). براساس یافته‌های توالی‌یابی، ژن STAT5B روی کروموزوم شماره27مرغ قرارگرفته است و 11444 bp طول دارد (Hillier و همکاران، 2013). ژن STAT5B متعلق به خانواده فاکتورهای رونویسی است که اثرات زیستی هورمون رشد را واسطه‌گری می‌کند (Hennighausen و Robinson، 2008). این ژن واسطه‌فعال‌شدن‌رونویسی‌و بیان‌ژن‌های هدف هورمون‌رشد به‌خصوص در کبد مثل IGF-1 و IGFBP-3 می‌باشد (Woelfle و Rotwein، 2004). در تحقیقاتی که روی این ژن انجام گرفته، ثابت شده است که این ژن به‌عنوان یک ژن کاندیدا نقش کلیدی در صفات مرتبط با رشد و تولیدمثل در طیور دارد (Ou و همکاران، 2009). اگرچه روش انتخاب مرسوم براساس 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 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 (Bai و همکاران، 2006). از سوی دیگر انتخاب براساس 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 مدنظر می‌باشدو تلفیقی‌از روش‌های مرسوم‌انتخاب‌وروش‌های جدید مولکولی در آینده اصلاح نژاد طیور ترجیح داده خواهد شد (Emara و Kim، 2003). نشانگر RFLP با توجه به تکرارپذیری و دقت بالای آن قادر به‌تشخیص چندشکلی در هر جایگاهی از ژنوم می‌باشد (نقوی و همکاران، 1388). هدف از پژوهش حاضر، شناسایی چندشکلی موجود در جایگاه‌های مورد بررسی ژن‌های PIT1 و STAT5B، برآورد میزان فراوانی آللی و ژنوتیپی آن‌ها 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 که در سال 1394 انجام شد با استفاده از روش ارزیابی کلوآک تعداد 200 قطعه جوجه خروس تعیین جنسیت شده از مرغ‌های بومی مازندران انتخاب شدند. تمامی جوجه‌ها در شرایط یکسان پرورش داده شده و همگی در سن 12 هفتگی کشتار شدند. برای اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه، با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت 0/01 وزن زنده پرندگان در سن‌های 4، 8 و 12 هفتگی اندازه‌گیری شد و پس از کشتار وزن لاشه، قلب، کبد، سنگدان، طحال و چربی حفره شکمی اندازه‌گیری شد. نمونه‌های گوشت عضله سینه آن‌ها به مدت 10 روز در فریزر با دمای 20- 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 pH متر بافتی استفاده شد. ظرفیت نگه‌داری آب با اندازه‌گیری وزن نمونه گوشت قبل و بعد از سانتریفیوژ به‌مدت 4 دقیقه با سرعت 1500 دور در دقیقه و سپس قرار دادن آن در آون به‌مدت 24 ساعت در دمای 70 درجه سانتی‌گراد و مجدد وزن‌کشی آن، با استفاده از فرمول زیر محاسبه گردید:

$$WHC(\%) = \frac{(WAC - WAO)}{WBC} \times 100$$

در این فرمول، WHC: ظرفیت نگه‌داری آب، WAC: وزن نمونه بعد از سانتریفیوژ، WAO: وزن نمونه بعد از آون و WBC: وزن نمونه قبل از سانتریفیوژ می‌باشد. اندازه‌گیری چربی داخل عضله‌ای با استفاده از روش سوکسله در آزمایشگاه تغذیه دام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان انجام شد. قبل از کشتار، از تمام پرندگان به‌مقدار 2 میلی‌لیتر خون از ورید زیر بال، در تیوب‌های حاوی ماده ضد انعقاد EDTA گرفته و نمونه‌های خون اخذ شده تا زمان استخراج DNA در فریزر در دمای 20 c- در آزمایشگاه ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع‌طبیعی گرگان 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 بر روی ژل آگارز استفاده گردید. به‌منظور تکثیر یک قطعه 599 جفت بازی از ناحیه اینترون 5 ژن PIT1 از آغازگرهای استفاده شده توسط Nie و همکاران (2008) و به‌منظور تکثیر یک قطعه 554 جفت بازی از ناحیه پروموتور ژن STAT5B از آغازگرهای استفاده شده توسط Ou و همکاران (2009) استفاده گردید که توالی آن‌ها برای ژن PIT1 به‌صورت 3-GGACCCTCTCTAACAGCTCTC-5´ :F و 3-GGGAAGAATACAGGGAAAGG-5´:R و برای ژن STAT5B به‌صورت 3-CCATCCCTTCCTGGTGCAGT-5´ :F و 3-ACTGCTGCCATTTCCCTTTG-5´ :R می‌باشد. شرایط بهینه PCR با حجم نهایی 12 میکرولیتر شامل 6 میکرولیتر Master، آغازگرها هرکدام 1/5 میکرولیتر با غلظت 10 پیکومول بر میکرولیتر، 1/5 میکرولیتر DNA با غلظت 50 تا 100 نانوگرم در میکرولیتر و 1/5 میکرولیتر آب مقطر دو بار تقطیر بود. برای ژن PIT1 تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از یک مرحله ابتدایی واسرشته‌سازی در دمای 94 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 300 ثانیه و 35 چرخه شامل واسرشته سازی در دمای 94 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 60 ثانیه، دمای اتصال آغازگرها 61 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 60 ثانیه، دمای تکثیر 72 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 60 ثانیه و یک دمای تکثیر نهایی 72 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 420 ثانیه انجام شد. برای ژن STAT5B تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از یک مرحله ابتدایی واسرشته‌سازی در دمای 94 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 300 ثانیه و 35 چرخه شامل واسرشته‌سازی در دمای 94 درجه سانتی‌گراد به‌

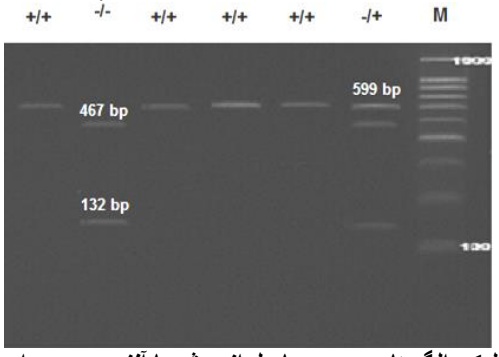
مدت 30 ثانیه، دمای اتصال آغازگرها 58 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 45 ثانیه، دمای تکثیر 72 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 50 ثانیه و یک دمای تکثیر نهایی 72 درجه سانتی‌گراد به‌مدت 300 ثانیه انجام شد. عمل هضم آنزیمی با حجم 12 میکرولیتر برای ژن‌های PIT**1** و STAT**5**B به‌ترتیب از راست به چپ با استفاده از آنزیم برشی TaqI و MspI در دمای 37 درجه سانتی‌گراد و برای 16 ساعت بر روی محصول PCR انجام شد. برای مشاهده قطعات هضم شده و تعیین ژنوتیپ از الکتروفورز بر روی ژل آگارز 2 درصد و رنگ آمیزی ژل با Safe Stain استفاده شد. 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 آماری SAS9.12 موردتجزیه‌وتحلیل قرار گرفت:

$$y_{ijk}=M+G_i+d_j+e_{ijk}$$

که در این مدل y_{ijk}: بردار مشاهدات مربوط به صفات رشد و لاشه، M: اثر میانگین، G_i: اثر ثابت ژنوتیپ، d_j: اثر ثابت روز رکوردگیری و e_{ijk}: اثرات باقی‌مانده می‌باشد. آنالیز واریانس با رویه GLM و مقایسه بین میانگین‌های حداقل مربعات با آزمون توکی-کرامر انجام شد.

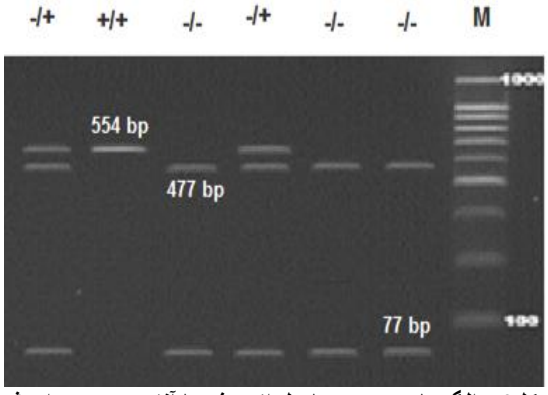
نتایج

اندازه قطعات تکثیر شده بعد از انجام واکنش PCR برای دو ژن PIT**1** و STAT**5**B به ترتیب برابر 599 و 554 جفت باز بوده است. در اثر برش آنزیم های هضمی، قطعات 599، 467 و 132 جفت بازی برای ژن PIT**1** و قطعات 554، 477 و 77 جفت بازی برای ژن STAT**5**B ایجاد شد (اشکال 1 و2).



شکل1: الگوهای RFLP حاصل از برش با آنزیم TaqI برای ژن PIT1

M: نشانگر مولکولی100 جفت بازی. +/+، -/+ و -/- **: ژنوتیپ‌ها**



شکل2: الگوهای RFLP حاصل از برش با آنزیم MspI برای ژن STAT5B

M: نشانگر مولکولی100 جفت بازی. +/+، -/+ و -/- **: ژنوتیپ‌ها**

در این تحقیق برای جایگاه مورد نظر در ژن PIT**1** سه ژنوتیپ ++، +- و -- شناسایی شد که به‌ترتیب دارای فراوانی 0/57، 0/29 و 0/14 بودند و فراوانی آلل‌های + و – به‌ترتیب 0/715 و 0/285 بود. در جایگاه مورد نظر ژن STAT**5**B نیز سه ژنوتیپ ++، +- و -- شناسایی شد که به‌ترتیب دارای فراوانی 0/18، 0/35 و 0/47 بودند و فراوانی آلل‌های + و – به‌ترتیب 0/355 و 0/645 بود. بررسی تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از آزمون کای مربع برای هر دو ژن نشان داد که جمعیت مورد مطالعه در جایگاه‌های ژنی مورد نظر در تعادل نمی‌باشد. نتایج آنالیز داده‌ها نشان داد که در ژن PIT**1** ، اثر ژنوتیپ روی صفات وزن زنده در 12 هفتگی، وزن لاشه و وزن کبد و در ژن STAT**5**B، اثر ژنوتیپ روی صفات وزن زنده در 8 هفتگی، وزن طحال و چربی حفره شکمی معنی‌دار است (p<0/05). مقایسات میانگین نشان داد که به‌طور معنی‌داری (p<0/05) در ژن PIT**1** ، خروس‌های با ژنوتیپ ++ و +- دارای میانگین وزن زنده 12 هفتگی، وزن لاشه و وزن کبد بیش‌تری در مقایسه با ژنوتیپ -- بودند (جدول1). در ژن STAT**5**B به‌طور معنی‌داری (p<0/05) خروس‌های با ژنوتیپ -- دارای میانگین وزن زنده 8 هفتگی و چربی حفره شکمی بیش‌تری در مقایسه با ژنوتیپ‌های +- و ++ بودند (جدول2). در بقیه موارد بین ژنوتیپ‌های جایگاه‌های ژنی مورد نظر با صفات مورد بررسی ارتباط معنی-داری وجود نداشت.

جدول 1: مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات ژنوتیپ‌های مختلف ژن PIT1 برای صفات رشد و لاشه (میانگین ± خطای استاندارد) در مرغ بومی

صفت	ژنوتیپ		
	+/+	+/-	-/-
وزن زنده هفته 4 (گرم)	300/44 ± 18/72	289/56 ± 21/05	271/48 ± 20/19

وزن زنده هفته 8 (گرم)	827/12 ± 52/64	795/84 ± 56/27	752/10 ± 51/02
وزن زنده هفته 12 (گرم)	1457/53 ± 68/39 a	1416/30 ± 70/88 a	1202/14 ± 65/27 b
وزن لاشه (گرم)	1063/61 ± 56/26 a	1029/42 ± 59/33 a	865/84 ± 53/12 b
وزن قلب (گرم)	10/54 ± 0/98	10/19 ± 0/90	10/24 ± 0/93
وزن کبد (گرم)	37/47 ± 1/56 a	36/31 ± 1/72 a	31/18 ± 1/36 b
وزن سنگدان (گرم)	32/84 ± 2/17	31/26 ± 2/15	30/49 ± 1/91
وزن طحال (گرم)	2/56 ± 0/23	2/49 ± 0/27	2/38 ± 0/24
وزن چربی حفره شکمی (گرم)	9/61 ± 1/14	9/11 ± 1/02	8/78 ± 1/05
pH گوشت	6/23 ± 0/25	6/10 ± 0/32	6/18 ± 0/22
ظرفیت نگه‌داری آب گوشت (درصد)	46/17 ± 1/38	46/93 ± 1/15	45/96 ± 1/47
چربی داخل عضله‌ای (درصد)	3/75 ± 0/39	3/61 ± 0/32	3/52 ± 0/26

در هر ردیف میانگین‌های با حروف غیرمشترک، تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال 5 درصد دارند.

جدول2: مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات ژنوتیپ‌های مختلف ژن STAT5B برای صفات رشد و لاشه (میانگین±خطای استاندارد) در مرغ بومی

صفت	ژنوتیپ		
	+/+	+/-	-/-
وزن زنده هفته 4 (گرم)	276/04 ± 19/15	282/37 ± 19/61	295/81 ± 20/43
وزن زنده هفته 8 (گرم)	723/10 ± 47/66 b	734/26 ± 49/18 b	898/57 ± 45/32 a
وزن زنده هفته 12 (گرم)	1334/37 ± 71/28	1359/83 ± 68/45	1421/51 ± 63/48
وزن لاشه (گرم)	975/79 ± 64/15	994/80 ± 64/37	1044/57 ± 62/91
وزن قلب (گرم)	10/21 ± 0/95	10/24 ± 0/89	10/37 ± 0/94
وزن کبد (گرم)	35/05 ± 1/14	35/29 ± 1/31	36/19 ± 1/11
وزن سنگدان (گرم)	31/67 ± 2/24	32/17 ± 2/02	32/63 ± 2/14
وزن طحال (گرم)	2/58 ± 0/25	2/33 ± 0/23	2/41 ± 0/23
وزن چربی حفره شکمی (گرم)	7/54 ± 1/08 b	7/98 ± 0/91 b	11/16 ± 1/02 a
pH گوشت	6/29 ± 0/31	6/09 ± 0/27	6/14 ± 0/19
ظرفیت نگه‌داری آب گوشت (درصد)	45/92 ± 1/54	46/98 ± 1/20	46/02 ± 1/36
چربی داخل عضله‌ای (درصد)	3/55 ± 0/29	3/68 ± 0/35	3/64 ± 0/33

در هر ردیف میانگین‌های با حروف غیرمشترک، تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال 5 درصد دارند.

بحث

در تحقیق حاضر برای جایگاه مورد نظر ژن PIT1 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 که با نتایج تحقیقات صورت گرفته بر روی اثر چندشکلی ژن PIT1 بر صفات رشد و لاشه در جوجه گوشتی مطابقت دارد (Rodbari و همکاران، 2011). در جایگاه مورد نظر ژن STAT5B 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 که با نتایج تحقیقات صورت گرفته بر روی چندشکلی ژن STAT5B در مرغ بومی مطابقت دارد (Ou و همکاران، 2009). 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 به‌دلیل اجرای برنامه‌های اصلاحی برای این پرندگان و همچنین انتخاب یک جنس در این جامعه می‌باشد. مطابق با نتایج حاصل از این تحقیق، محققین گزارش کردند که چندشکلی ژن PIT1 بر میزان رشد و وزن بدن در جوجه گوشتی اثر معنی‌داری دارد (Bhattacharya و همکاران، 2012). همچنین در پژوهشی دیگر محققین چندشکلی ژن PIT1 را با صفات وزن بدن و لاشه بررسی و یک رابطه معنی‌دار بین این صفات و ژنوتیپ‌های حاصل از ژن PIT1 را گزارش نمودند (Nie و همکاران، 2008). مطابق با نتایج حاصل از این تحقیق محققین گزارش‌نمودند که بین چندشکلی ژن STAT5B با وزن بدن در جوجه گوشتی ارتباط معنی‌داری وجود دارد (Niknafs و همکاران، 2014). محققین در تحقیقی که برروی‌مرغ‌بومی‌انجام دادند، ارتباط معنی‌داری بین چندشکلی ژن STAT5B با صفات وزن بدن و تولیدمثل به‌دست آوردند که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد (Zhao و همکاران، 2012).

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که چندشکلی جایگاه-های ژنی مورد نظر در ژن‌های PIT**1** و STAT**5**B با برخی صفات رشد و لاشه در مرغ بومی مازندران ارتباط معنی‌داری دارد. بنابراین می‌توان با استفاده از اطلاعات ءبدست آمده فوق در شاخص‌های بهینه انتخاب، ضمن افزایش صحت انتخاب، پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به انتخاب را برای صفات مذکور افزایش داد. شایان ذکر است به‌منظور پوشش دادن محدودیت‌های مربوط به انتخاب به کمک نشانگر، روش انتخاب ژنومی پیشنهاد می-شود. انتخاب ژنومی، شکلی از انتخاب به کمک نشانگر است که در آن از نشانگرها در مقیاس کل ژنوم استفاده می‌شود.

منابع

1. **دهقان‌زاده، ه.؛ میرحسینی، س.ض. و شادپرور، ع.، 1383.** بررسی تنوع ژنتیکی مرغان بومی ایران با استفاده از نشانگرهای RAPD. مجله پژوهش و سازندگی. شماره 62، صفحات 6 تا 9.
2. **نقوی، م.؛ قره‌یاضی، ب. و حسینی‌سالکده، ق.، 1388.** نشانگرهای مولکولی. انتشارات دانشگاه تهران. چاپ سوم. 340 صفحه.
3. **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. Vol. 33, pp: 1073-1080.
4. **Bhattacharya, T.K.; Chatterjee, R.N. and Priyanka, M., 2012.** Polymorphisms of Pit-1 gene and its association with growth traits in chicken. Poultry Science. Vol. 91, pp: 1057-1064.
5. **Emara, M.G. and Kim, H., 2003.** Genetic markers and their application in poultry breeding. Poultry Science. Vol. 82, pp: 952-957.
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. Vol. 10, No. 16, pp: 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. Vol. 82, pp: 1500-1508.
8. **Hennighausen, L. and Robinson, G.W., 2008.** Interpretation of cytokine signaling through the transcription factors STAT5A and STAT5B. Genes and development. Vol. 22, No. 6, pp: 711.
9. **Hillier, L.; Miller, W. and Birney, E., 2013.** Gallus gallus isolate #256 breed Red Jungle fowl, inbred line UCD001 chromosome 1, *Gallus gallus*-4.0, whole genome shotgun sequence. NCBI Reference Sequence. NC-006088.3.
10. **Hillier, L.; Miller, W. and Birney, E., 2013.** Gallus gallus isolate #256 breed Red Jungle fowl, inbred line UCD001 chromosome 27, *Gallus gallus*-4.0, whole genome shotgun sequence. NCBI Reference Sequence. NC-006114.3.
11. **Nie, Q.; Fang, M.; Xie, L.; Zhau, M.; Liang, Z.; Luo, Z.; Wang, G.; Bi, W.; Liang, C.; Zhang, W. and Zhang, X., 2008.** The 1PIT gene polymorphism were associated with chicken growth traits. BMC Genetics. Vol. 9, pp: 20-29.
12. **Niknafs, S.; Nejati Javaremi, A. and Sadeghi, M., 2014.** Single nucleotide polymorphism in BMPR-IB and STAT5B genes and their association with growth and reproductive traits in chicken. Songklanakarin Journal of Science and Technology. Vol. 36, No. 2, pp: 137-142.
13. **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. Vol. 88, pp: 722-727.
14. **Rodbari, Z.; Alipanah, M.; Seyedabadi, H.R. and Amirinia, C., 2011.** Identification of a single nucleotide polymorphism of the pituitary-specific transcriptional factor 1 (PIT1) gene and its association with body composition trait in Iranian commercial broiler line. African Journal of Biotechnology. Vol. 10, No. 60, pp: 12979-12983.
15. **Song, C.; Gao, B.; Teng, Y.; Wang, X.; Wang, Z. and Li, Q., 2005.** Msp1 polymorphisms in the 3rd intron of the swine POU1F1 gene and their associations with growth performance. Journal of Applied Genetics. Vol. 46, No. 3, pp: 285-289.
16. **Woelfle, J. and Rotwein, P., 2004.** In vivo regulation of growth hormone-stimulated gene transcription by STAT5B. American journal of physiology: Endocrinology and metabolism. Vol. 286, pp: 393-401.
17. **Zhao, X.H.; Wang, J.Y.; Zhang, G.X.; Wei, Y.; Gu, Y.P. and Yu, Y.B., 2012.** Single nucleotide polymorphism in the STAT5B gene is associated with body weight and reproductive traits of the Jinghai Yellow chicken. Molecular Biology Reports. Vol. 39, pp: 4177-4183.
18. **Zwierzchowski, L.; Oprzadek, J.; Dymnicki, E. and Dzierzbicki, P., 2001.** An association of growth hormone. Kappa-casein, beta-lactoglobulin, leptin and pit-1 loci polymorphism with growth rate and carcass traits in beef cattle. Animal Science Papers and Reports. Vol. 19, No. 1, pp: 165-177.