DOI: 10.22092/VJ.2017.116264.1382
شماره ۱۱۹ تابستان ۱۳۹۷
تحقیقات دامپزشکی و فرآورده‌های بیولوژیک

شناسایی جهش در دو ژن کاندید با پتانسیل مقاومت در برابر آنفلوآنزا و سالمونلا در برخی از سویه‌های مرغ بومی و تجاری ایران

• جعفر پیش‌جنگ (نویسنده مسئول)
دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، دانشکده علوم دامی و شیلات، گروه علوم دامی، ساری، ایران و عضو هیات علمی دانشگاه آزاداسلامی، واحدمراغه، گروه علوم دامی، مراغه، ایران
• قدرت اله رحیمی میانجی
استاد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، دانشکده علوم دامی و شیلات، گروه علوم دامی، ساری، ایران
• سیدحسن حافظیان
دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، دانشکده علوم دامی و شیلات، گروه علوم دامی، ساری، ایران
• محسن قلی‌زاده
استادیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، دانشکده علوم دامی و شیلات، گروه علوم دامی، ساری، ایران
تاریخ دریافت: ۲۶-۰۸-۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: ۰۳-۱۰-۱۳۹۶
Emali: parsa20012003@yahoo.com

چکیده
در این تحقیق چند شکلی‌های آللی در ژن‌های کاندید Mx و SLC11A1 دخیل در سیستم ایمنی در برخی از سویه‌های مرغ بومی عمومی، آذربایجان غربی، مرندی، مازندرانی و نیز سویه‌های مرغ تجاری گوشتی و تخم‌گذار با استفاده از تکنیک PCR-RFLP مورد بررسی قرار گرفت. در مجموع ۳۰۰ قطعه مرغ انتخاب و برای شناسایی جهش در جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 به ترتیب از آنزیم‌های Hyp81 و SacI استفاده شد. در جایگاه ژنی Mx، برای آلل A، یک قطعه‌ی ۲۹۹ جفت بازی و برای آلل G، دو قطعه‌ی ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی مشخص شد و در جایگاه ژنی SLC11A1، برای آلل T، یک قطعه‌ی ۸۰۱ جفت بازی و برای آلل C، دو قطعه‌ی ۷۲۲و ۷۹ جفت بازی شناسایی شد. بین گروه‌های مختلف مرغ بومی و تجاری ، در جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 بیشترین فراوانی آلل حساس به بیماری (G و C) مربوط به گروه سویه‌های مرغ بومی و گروه سویه‌ی تجاری گوشتی بود. در جایگاه ژنی Mx، شاخص اطلاعات شانون در گروه‌های مختلف مرغ از ۰/۱۳۴۷ تا ۰/۶۶۴۱ و در جایگاه ژنی SLC11A1 از ۰/۳۶۶۹ تا ۰/۶۷۶۹ متغیّر بود و شاخص تثبیت در جایگاه ژنی Mx برای گروه سویه‌های مرغ بومی مثبت و در جایگاه SLC11A1 برای گروه‌های مختلف مرغ منفی بود.نتایج این تحقیق بیانگر این است که می‌توان از این جایگاه‌های ژنی به عنوان مارکر برای اصلاح نژاد ژنتیکی جهت کاهش بیماری‌های مرغ‌های بومی و تجاری استفاده کرد.

کلمات کلیدی: چند شکلی، ژن‌هایMx و SLC11A1، مرغ بومی، PCR-RFLP

Veterinary Researches & Biological Products No 119 pp: 42-50

Identification of mutation in tow candidate genes with resistance potential against avian influenza and salmonellosis in some Iranian indigenous and commercial chicken strains

By: Pish Jang, J., (Corresponding Author) Student of Department of Animal Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran & Department of Animal Science, Islamic Azad University, Maragheh branch, Maragheh, Iran. Rahimi, G., Professor of Department of Animal Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. Hafezian, H., Association of Department of Animal Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. and Gholizadeh, M., Assistant of Department of Animal Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran.

Received: 2017-11-17 **Accepted: 2017-12-24**

Email: parsa20012003@yahoo.com

In this study, allelic polymorphism in candidate genes of Mx and SLC11A1 involved in the immune system in some Iranian Common, West Azarbaijani, Marandi, Mazandarani indigenous and commercial chicken strains examined using PCR-RFLP technique. A total of 300 birds were selected and for detection of mutation in Mx and SLC11A1 genes the PCR products were digested by Hyp81 and SacI restriction enzymes, respectively. For the Mx gene, one fragment with length of 299 bp and two fragments with the length of 200 and 99 bp were identified for the A and G alleles respectively. One fragment with the length of 801 bp for T allele and two fragments with the length of 722 and 79 bp for C allele were identified in SLC11A1 gene. Between different groups of chickens, in the Mx and SLC11A1 genes, the most frequency of susceptible to disease alleles (G and C) were in the indigenous chicken strains and meat commercial chicken strain. In the Mx loci, Shannon's information index was in different groups of chicken from 0.1347 to 0.6641 and in the SLC11A1 loci was from 0.3669 to 0.6769. In the Mx loci, fixation index was positive for indigenous chickens group and in the SLC11A1 loci was negative for different groups of chickens. The results of this study indicate that these genes loci can be used as marker for genetic breeding to reduce the diseases of indigenous and commercial chicken strains.

Keywords: Mx and SLC11A1 genes, indigenous chicken, PCR-RFLP, Polymorphism

مقدمه

در حیوانات اهلی با استفاده از اصلاح ژنتیکی، انتخاب انفرادی فنوتیپ‌های برتر در کمترین زمان محقق می‌شوند (۱۹). پایه و اساس برنامه‌های اصلاح نژاد حول محورهای متعددی مثل افزایش راندمان تولید مثل، رشد و مقاومت در برابر بیماری‌ها انجام می‌گیرد. مدیریت ژنتیکی بیماری‌ها به دلیل پیچیدگی آن اهمیّت زیادی دارد (۱۵). امروزه در زمینه‌ی ژنتیک مولکولی، بیوتکنولوژی و ژن‌های کاندید مرتبط صفات اقتصادی پیشرفت‌های زیادی صورت گرفته است و منجر به انتخاب حیوانات برتر در برنامه‌های اصلاح نژاد می‌شود (۱۹). ژن‌های کاندید ژن‌هایی هستند که در بروز یک صفت اثر مستقیم داشته و چند شکلی آن‌ها اثبات شده است. شناخت این ژن‌ها تنها به کمک مارکرهای ژنتیکی امکان پذیر است و می‌تواند به طور چشم‌گیری میزان پیشرفت ژنتیکی را به میزان ۲۰- ۱۵ درصد افزایش دهد و همچنین سبب افزایش در دقت انتخاب نیز شود. ژن‌های کاندید با ژن‌های دخیل در مقاومت به بیماری‌ها از جمله ژن‌های کدکننده‌ی ایمونوگلبولین‌ها، سیتوکین‌ها،هیستوگلبولین‌ها و گیرنده‌های پاتوژن‌ها ارتباط دارند (۱۳).

سیستم ایمنی بدن حیوانات نوعی سیستم دفاعی بسیار تخصصی است که به‌طور طبیعی مقاومت بدن را در برابر هجوم عوامل بیماریزای عفونی متفاوت نظیر باکتری‌ها، ویروس‌ها، قارچ‌ها و غیره افزایش می‌دهد. در جانوران مهره‌دار دو سیستم دفاعی ایمنی ذاتی و اکتسابی علیه پاتوژن‌ها وجود دارد. ایمنی ذاتی اوّلین خط دفاعی بدن بوده که ظرف چند ساعت پس از عفونت، پاسخ سریع خود را اعمال می‌کند (۱۰). مهم‌ترین سلول‌های سیستم ایمنی لنفوسیت‌ها هستند که به سلول‌های B و T دسته‌بندی می‌شوند. لنفوسیت‌ها، ماکروفاژها و فیبروبلاست‌ها سبب ترشح اینترفرون‌ها می‌شوند. اینترفرون‌ها پروتئین‌های کد شده به وسیله‌ی میزبان هستند که روند همانندسازی ویروس‌ها را مهار کرده و در پاسخ به عفونت ویروس‌ها یا عوامل القاء کننده‌ی دیگر تولید می‌شوند. این ترکیبات اوّلین سد دفاعی بدن علیه عفونت‌های ویروسی هستند. اینترفرون‌ها ایمنی هومورال و سلولی را مدیریت کرده و اعمال تنظیمی مهمّی را برای رشد سلول‌ها انجام می‌دهند (۱۸). اینترفرون‌های نوع یک، اثرات حفاظتی خود را با بیان ژن‌های دیگر به نام ژن‌های ISGs (Interferon simulated genes) اعمال می‌کنند. شناخته شده‌ترین پروتئین‌های ضد ویروسی کد شده توسط ISGs، ژن مقاوم به میکسوویروس‌ها (Mx) می‌باشد (۶). از دیگر ژن‌های دخیل در مقاومت

و یا حساسیّت به عفونت‌های پاتوژن‌های مختلف، ژن‌های مجموعه‌ی سازگاری بافتی (MHC)، ژن A1 عضو خانواده‌ی ناقل املاح (SLC11A1)، خانواده‌ی گیرنده‌های شبه Toll (TLR) و غیره می‌باشند (۱۹).

ژن Mx یکی از مهمّ‌ترین ژن‌های ضد ویروسی و تنظیم کننده‌ی اینترفرون بوده و ارتباط خاصی بین عفونت آنفلوانزا و تحریک بیان ژن Mx وجود دارد. این ژن جزو ژن‌های ویژه‌ای است که مقاومت یا حساسیّت در برابر آلودگی ویروس‌ها را کنترل می‌کند و در مرغ‌ها باعث ایجاد مقاومت در برابر ویروس‌های ایجادکننده‌ی آبسه‌های دهانی (VSV) و آنفلوانزا می‌شود (۹). پروتئین‌های کد شده توسط ژن Mx، اجزای کلیدی برای تولید پروتئین‌های تحریک کننده‌ی اینترفرون‌ها و جلوگیری از رونویسی RNAی ویروس‌ها هستند (۱۷). نوع اسید آمینه موجود در موقعیّت ۶۳۱ پروتئین کد شده توسط ژن Mx می‌تواند تعیین کننده‌ی میزان فعالیّت ضد ویروسی نسبت به ویروس‌های آنفلوانزا و VSV باشد. حضور اسید آمینه آسپارژین در این جایگاه فعالیت ضد ویروسی بیشتری را نسبت به حضور اسید آمینه سرین فراهم می‌آورد (۱۵).

پروتئین کد شده‌توسط ژن SLC11A1 عضو خانواده‌ی بزرگی از پروتئین‌های انتقال دهنده‌ی یون‌های فلزی است که با توجه به PH محیط، انتقال یون‌های دو ظرفیتی ضروری برای فعالیت سلولی مثل Fe^{2+} و Mg^{2+} و غیره را بین غشاءهای فاگوسوم موجود در سیتوپلاسم انجام می‌دهد. مشخص شده است که انتقال یون‌ها از طریق مجرای فاگولیزوزوم به سیتوزول صورت می‌گیرد و از دریافت این کاتیون‌ها توسط پاتوژن‌های داخل سلولی جلوگیری می‌کند (۵). این ژن اثرات پلیوتروپیک روی فعالیّت ماکروفاژها دارد که شامل افزایش کیموکاین، فاکتور نکروزه کننده‌ی تومور آلفا، اینترلوکین بتای یک، القای سنتز اکسید نیتریک و بیان ژن مجموعه‌ی سازگاری بافتی نوع دوم بوده که تمامی آن‌ها در مقابله با پاتوژن‌های داخل سلولی مهّم هستند (۱). در مرغ‌ها بین چند شکلی ژنSLC11A1 و تفاوت در میزان مرگ و میر بعد از عفونت سالمونلایی گزارش شده است (۷). حدود ۱۱ توالی مختلف در این ژن شناسایی شده‌اند که در ارتباط با مقاومت به بیماری سالمونلا تفاوت نشان می‌دهند. برای مثال در پروتئین کد شده توسط این ژن اگر اسید آمینه‌ی آرژنین به جای گلیسین در موقعیّت ۲۲۳ جایگزین شود، مرغ‌ها حساسیّت بیشتری نسبت به بیماری نشان می‌دهند (۸).

با توجه به پیشرفت‌های صورت گرفته در تکنیک‌های ژنتیک مولکولی و اهمیّت آن‌ها در برنامه‌های اصلاح نژادی، نیاز مبرم به انجام بررسی مولکولی خصوصاً در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر (MAS) بیش از پیش احساس می‌شود. در این پژوهش چند شکلی‌های آللی در ژن‌های کاندید Mx و SLC11A1 دخیل در سیستم ایمنی در برخی از سویه‌های مرغ بومی و تجاری موجود در ایران مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری نمونه‌های خونی

برای این پژوهش در مجموع ۳۰۰ قطعه مرغ از برخی جمعیّت‌های بومی مختلف موجود در ایران شامل مرغ‌های بومی عمومی، مرندی، مازندرانی، آذربایجان غربی و نیز مرغ‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار (۵۰ قطعه به ازای هر جمعیّت) از مرکز پرورش مرغ بومی موسسه‌ی تحقیقات علوم دامی کشور، مرکز پرورش مرغ بومی امور دام جهاد کشاورزی استان آذربایجان غربی و مراکز پرورش مرغ‌های گوشتی و تخم‌گذار منطقه‌ی آذربایجان شرقی انتخاب شدند. از هر قطعه مرغ یک الی دو ml خون از ورید زیر بال آن‌ها جمع‌آوری و به لوله‌های حاوی ماده ضد انعقاد خون انتقال داده شدند. نمونه‌های خون بعد از شماره‌گذاری با حفظ شرایط زنجیره‌ی سرد به آزمایشگاه منتقل و در دمای ۲۰- درجه‌ی سانتی‌گراد تا زمان استخراج DNA ژنومی نگهداری شدند.

استخراج DNA ژنومی و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)

جدول ۱- توالی و دمای اتصال آغازگرها، اندازه‌ی جایگاه ژنی تکثیر شده و آنزیم‌های برشی

ژن	شماره‌ی دسترسی	آغازگر(۳'→ ۵')	محصول PCR (جفت باز)	دمای اتصال آغازگر(C°)/ زمان(ثانیه)	آنزیم
Mx	NC-006088/3	GCACTGTCACCTCTTAATAGA GTATTGGTAGGCTTTGTTGA	۲۹۹ اگزون ۱۳	۸۰/۴۴	Hyp81 ملک شاهدهی و همکاران (۱۶)
SLC11A1	AY072001	GGCGTCATCCTGGGCTGCTAT AGACCGTTGGCGAAGTCATGC	۸۰۱ اگزون ۱۱ تا ۱۳	۴۵/۵۹	SacI توحیدی و همکاران (۲۰)

در استخراج DNA ژنومی نمونه‌های خون، از روش بهینه شده‌ی نمکی (Salting out) ارائه شده توسط میلر و همکاران (۱۶) و جهت تکثیر قطعات ژنی مورد نظر برای هر جایگاه ژنی از یک جفت آغازگر اختصاصی استفاده شد (جدول ۱).

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم نهایی ۲۰ µl شامل ۵۰۰-۱۰۰ ngDNA ژنومی، شش µlTaq DNA polymerase ۲x Master mix red(Taq DNA polymerase، Red dye، بافر، dNTPs و Mgcl۲) ساخت شرکت AMPLIQON و ۰/۴ µl از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت با غلظت ۱۰ pM برای تکثیر قطعه‌ی مورد نظر از ژن Mx، انجام گرفت. این واکنش در دمای واسرشته سازی اوّلیه ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدّت پنج دقیقه و ۳۵ چرخه شامل واسرشته سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدّت ۶۰ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۴۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدّت ۸۰ ثانیه و دمای تکثیر ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۹۰ ثانیه و همچنین دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه انجام گرفت.

تکثیر قطعه مورد نظر از ژن SLC11A1 با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم نهایی ۲۰ µl شامل ۵۰۰-۱۰۰ ng DNAی ژنومی، پنج µl Taq DNA polymerase 2x Master mix red (Taq DNA polymerase، بافر، dNTPs، Red dye و $Mgcl_2$) و ۰/۴ µl از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت با غلظت ۱۰ pM انجام گرفت. برای این جایگاه ژنی واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با دمای واسرشته سازی اوّلیه ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدّت پنج دقیقه و ۳۰ چرخه شامل واسرشته سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدّت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۵۹ درجه‌ی سانتی گراد به مدّت ۴۵ ثانیه و دمای تکثیر ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه و همچنین دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه انجام شد.

در این تحقیق جهت تعیین چند شکلی جایگاه‌های ژنی مورد نظر از تکنیک چند شکلی حاصل از طول قطعات حاصل از هضم آنزیمی (RFLP) و برای هضم آنزیمی محصولات PCR از آنزیم‌های محدودالاثر اختصاصی استفاده شد (جدول ۱).

برای تشخیص چند شکلی‌های ایجاد شده در جایگاه ژنی Mx، از آنزیم اختصاصی Hyp81 استفاده شد. این واکنش در حجم نهایی ۱۰/۲ µl ، شامل پنج µl محصول PCR، ۰/۵ µl بافر و ۰/۲ µl آنزیم و در نهایت ۴/۵ µl آب دوبار تقطیر انجام گرفت. برای جایگاه ژنی SLC11A1، از آنزیم اختصاصی SacI استفاده شد و واکنش هضم آنزیمی در حجم نهایی واکنش ۱۴/۵ µl ، شامل پنج µl محصول PCR، یک µl بافر، ۰/۵ µl آنزیم و در نهایت هشت µl آب دوبار تقطیر انجام شد. واکنش‌های هضم آنزیمی برای دو جایگاه ژنی در دمای ۳۷ درجه‌ی سانتی گراد و به مدّت ۱۶ ساعت انجام شد.

تجزیه و تحلیل ژنتیکی داده‌ها

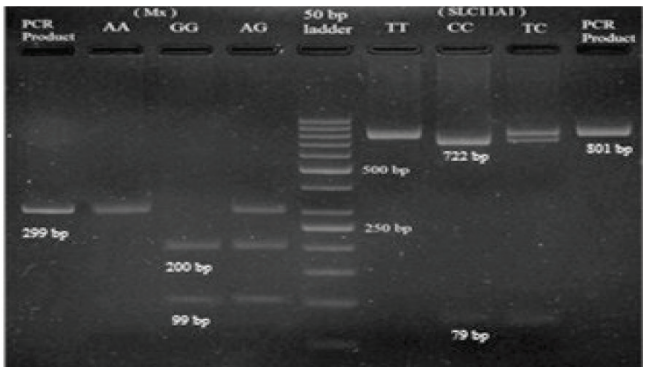
برای آنالیز ژنتیکی داده‌های دیپلوئیدی حاصل از هضم آنزیمی در جمعیّت‌های مرغ بومی و تجاری، از نرم افزار POPGENE نسخه‌ی ۱/۳۲ (یه و همکاران (۲۴)) استفاده شد. این نرم افزاربرای برآورد فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، متوسط هتروزیگوسیتی، تعادل هاردی - واینبرگ، شاخص تثبیت و شاخص اطلاعات شانن و دیگر پارامترهای ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرد.

نتایج و بحث

برای هر یک از جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 به ترتیب قطعاتی به اندازه‌ی ۲۹۹ و ۸۰۱ جفت باز تکثیر شدند. جهت اطمینان از صحّت قطعات تکثیر یافته از دستگاه الکتروفورز و ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. محصولات PCR مورد هضم آنزیمی قرار گرفته و با استفاده از دستگاه الکتروفورز و ژل آگارز ۴ درصد باندها مشاهده و مورد تجزیه وتحلیل قرار گرفتند. مشاهدات الگوهای باندی برای جایگاه ژنی Mx، سه نوع ژنوتیپ متفاوت AG، AA و GG را نشان داد. به طوری که یک قطعه‌ی ۲۹۹ جفت بازی برای آلل A، دو قطعه‌ی ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی برای آلل G شناسایی شد و برای جایگاه ژنی SLC11A1، سه نوع ژنوتیپ متفاوت TC، TT و CC شناسایی و یک قطعه‌ی ۸۰۱ جفت بازی برای آلل T، دو قطعه‌ی ۷۲۲ و ۷۹ جفت بازی برای آلل C شناسایی شد (شکل ۱).

فراوانی‌های آللی، ژنوتیپی مشاهده شده و مورد انتظار و آزمون χ^2 برای هر یک از جمعیّت‌ها، گروه‌های مختلف مرغ‌ها و همچنین در کلّ جمعیّت‌ها برآورد شد (جداول ۲ و ۴). میانگین هتروزیگوسیتی، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانن و شاخص تثبیت نیز برای هر یک از جمعیّت‌ها و برای گروه‌های مختلف مرغ برآورد شد (جداول ۳ و ۵). در بین جمعیّت‌ها، در دو جایگاه ژنی مورد مطالعه، χ^2محاسبه شده برای تعادل هاردی – واینبرگ فقط برای سویه‌ی تجاری تخم‌گذار معنی‌دار بود امّا در بین گروه‌های مختلف مرغ برای جایگاه Mx، سویه‌های مرغ بومی و سویه‌ی تجاری تخم‌گذار و در جایگاه SLC11A1 فقط سویه‌ی تجاری تخم‌گذار معنی‌دار بود ($p < ۰/۰۵$).

برای جایگاه ژنی Mx، فراوانی آلل A در جمعیّت مرغ‌های بومی از ۰/۱ تا ۰/۳۶ و در سویه‌های تجاری از ۰/۰۳ تا ۰/۶۲ و فراوانی آلل G



شکل ۱- محصولات PCR و باندهای ایجاد شده از هضم آنزیمی جایگاه‌های ژنی (با نشانگر وزن مولکولی ۵۰ جفت بازی

در جمعیّت مرغ‌های بومی از ۰/۶۴ تا ۰/۹۷ و در سویه‌های تجاری از ۰/۶۴ تا ۰/۸۶ متغیر بودند. فراوانی ژنوتیپ هموزیگوس AA در جمعیّت مرغ‌های بومی از ۰ تا ۰/۰۴۵ و در سویه‌های تجاری از ۰ تا ۰/۱۲ و فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوس AG در جمعیّت مرغ‌های بومی از ۰/۰۵ تا ۰/۰۹ و در سویه‌های تجاری از ۰/۰۳ تا ۰/۳۸ و همچنین فراوانی ژنوتیپ هموزیگوس GG در جمعیّت مرغ‌های بومی از ۰/۱۱۵ تا ۰/۲ و در سویه‌های تجاری از ۰ تا ۰/۴۷ متغیّر بودند. بیشترین فراوانی ژنوتیپی در جمعیّت مرغ‌های بومی ژنوتیپ هموزیگوس GG و در سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب ژنوتیپ هموزیگوس GG و ژنوتیپ هتروزیگوس AG بودند. در نتایج تحقیق لی و همکاران (۱۱) که روی ۱۵ سویه‌ی مختلف مرغ بومی و چهار سویه‌ی تجاری انجام گرفته بود، در تمام سویه‌ها سه ژنوتیپ متفاوت را شناسایی کردند. در مطالعه‌ی این محققین، بیشترین فراوانی ژنوتیپی مربوط به ژنوتیپ هموزیگوس AA بود. فراوانی آلل A در سویه‌های مرغ بومی از ۰/۷۲۴۱ تا ۰/۹۵۵۴ و در سویه‌های تجاری از ۰/۰۵۶۵ تا ۰/۲۷۴۲ متغیّر بود. در تحقیق ملک شاهدهی و همکاران (۱۵) که روی سه جمعیّت مختلف مرغ بومی ایران و سویه‌های تجار گوشتی و تخم‌گذار انجام گرفته بود، بیشترین فراوانی مربوط به ژنوتیپ هموزیگوس AA و فراونی آلل A در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۵۷/۷ تا ۶۹/۲ درصد و در سویه‌های تجاری از ۴۶ تا ۸۶ درصد متغیّر بود. همچنین فراوانی آلل G در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۳۰/۸ تا ۴۲/۳ درصد و در سویه‌های تجاری از ۱۴ تا ۵۴ درصد متغیّر بود.

در مطالعه حاضر برای جایگاه ژنی Mx، در سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار مثل جمعیّت‌های مرغ بومی سه ژنوتیپ مشاهده شد. در سویه‌ی تجاری گوشتی فراوانی آلل‌های A و G به ترتیب ۰/۰۳ و ۰/۹۷ برآورد شد که بیشترین فراوانی مربوط به آلل G و ژنوتیپ هموزیگوس GG بوده است که با تحقیقات لی و همکاران (۱۱)، ملک شاهدهی و همکاران (۱۵) و بالکیسون و همکاران (۳) مطابقت دارد. در سویه‌ی تخم‌گذار فراوانی آلل‌های A و G به ترتیب ۰/۶۲ و ۰/۳۴ برآورد شد که بیشترین فراوانی مربوط به آلل A و ژنوتیپ هتروزیگوس AG بود. اما در تحقیق ملک شاهدهی و همکاران (۱۵) در سویه تجاری تخم‌گذار دو الگوی باندی مشاهده و ژنوتیپ هموزیگوس AA دارای بیشترین فراوانی بود. در پژوهش خیانگون و همکاران (۲۲) مطابق نتایج ما، در سویه‌ی تخم‌گذار سه الگوی باندی مشاهده شده بود و فراوانی ژنو تیپ حساس GG بیشترین فراوانی را در بین ژنوتیپ‌ها داشت. در تحقیق آن‌ها فراوانی ژنوتیپ‌های AG، AA و GG به ترتیب ۱۴/۷، ۹/۵ و ۷۵/۸ درصد و فراوانی آلل A و G را به ترتیب ۰/۱۹۵ و ۰/۸۰۵ گزارش شد. این محققین تفاوت فراوانی ژنوتیپی را به دلیل تفاوت انحراف ژنی در جمعیّت‌های مناطق مختلف یا سطوح مختلف انتخاب و همچنین اختلاف بین فراوانی آللی در جمعیّت مرغ‌های بومی و تجاری را در نوع انتخاب دانسته‌اند.

در تحقیق حاضر برای جایگاه ژنی SLC11A1، فراوانی آلل T در جمعیت‌های مرغ بومی از ۰/۱۵ تا ۰/۳۶ و در سویه‌های تجاری از ۰/۱۲ تا ۰/۴۱ و فراوانی آلل C در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۰/۶۴ تا ۱ و در سویه‌های تجاری از ۰/۵۹ تا ۰/۸۸ متغیر بود. فراوانی ژنوتیپ هموزیگوس TT در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۰/۰۰۵ تا ۰/۰۳ و در سویه‌های تجاری ۰ و فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوس TC در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۰/۰۶۵ تا ۰/۱۲ و در سویه‌های تجاری از ۰/۱۲ تا ۰/۴۱ و همچنین ژنوتیپ هموزیگوس CC در جمعیّت‌های مرغ بومی از ۰/۱۰ تا ۰/۱۸ و در سویه‌های تجاری از ۰/۹ تا ۰/۳۸ متغیّر بودند. بیشترین فراوانی ژنوتیپی در جمعیّت‌های مرغ بومی ژنوتیپ هموزیگوس CC و در سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب ژنوتیپ هموزیگوس CC و ژنوتیپ هتروزیگوس TC بودند. در این جایگاه ژنی، TT مقاوم‌ترین و CC حساس‌ترین ژنوتیپ در ارتباط با بیماری سالمونلا شناخته شده است (بلک ویل (۲)، لیو و همکاران (۱۲)، مالک و لامونت (۱۴) و یه و همکاران (۲۳)). بیشترین فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده در جمعیّت‌های مرغ بومی، ژنوتیپ‌های TC و CC و در سویه‌های تجاری تخم‌گذار و گوشتی به ترتیب ژنوتیپ‌های TC و CC بودند که مطابق نتایج تحقیق توحیدی و همکاران (۲۰) بود. این محققین در مرغ‌های بومی مالزیایی، فراوانی آلل‌های T و C را به ترتیب ۰/۴۱ و ۰/۵۹ و فراوانی ژنوتیپ‌های TC، TT و CC را به ترتیب ۰/۰۷، ۰/۷۸ و ۰/۲۵ برآورد کرده بودند.

در تحقیق حاضر به دلیل مونومورف بودن آللی در جایگاه ژنی SLC11A1 در جمعیّت مرغ بومی مازندرانی، شاخص اطلاعات شانون صفر برآورد شد. شاخص تثبیت برای جایگاه ژنی Mx در جمعیّت بومی عمومی، سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۱۱۱۱-، ۰/۰۳۰۹- و ۰/۶۱۲۹- و در بین گروه‌های مختلف مرغ بومی و تجاری، گروه سویه‌ی تجاری گوشتی و گروه سویه‌ی تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۰۳۰۹- و ۰/۶۱۲۹- برآورد شد. منفی بودن اعداد به دست آمده نشانگر کاهش درصد هتروزیگوسیتی در این جمعیّت‌ها است. شاخص تثبیت برای جایگاه ژنی SLC11A1 فقط در جمعیّت مرغ بومی مرندی مثبت و برابر ۰/۰۱۳۲ بود و در بین گروه‌های مختلف مرغ، سویه‌های مرغ بومی، سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۰۱۸۰- ، ۰/۱۳۶۴- و ۰/۰۷۲۶- برآورد شد.

در جایگاه ژنی Mx، در جمعیّت‌های مرغ بومی آذربایجان غربی، مرندی و مازندرانی افزایش در میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شد امّا برای جایگاه ژنی SLC11A1 افزایش هتروزیگوسیتی فقط در جمعیت مرغ بومی مرندی بود. به هر حال جهش عامل انحراف از تعادل هاردی و واینبرگ است و تلاقی بین جمعیّت‌ها یا نژادهای مختلف و همچنین تلاقی تصادفی می‌توانند باعث افزایش هتروزیگوسیتی شوند. وانهالا و همکاران (۲۱) و داویلا و همکاران (۴) به ترتیب مطالعاتی را روی مرغ‌های بومی اسپانیایی و هشت لاین از مرغ‌های فنلاندی انجام داده بودند. نتایج تحقیقات آن‌ها حاکی از کاهش در میزان هتروزسگوسیتی در این جمعیّت‌ها بود. همچنین زانتی و همکاران (۲۵) تحقیقی را روی مرغ‌های تجاری با استفاده از ۱۲ مارکر میکروساتلایتی انجام داده بودند و کاهش در میزان هتروزیگوسیتی را گزارش کردند. طبق نظر این محققین، برآورد شاخص تثبیت منفی در مرغ های مورد مطالعه می‌تواند به دلیل شدت انتخاب بالا در جمعیّت‌ها باشد.

نتیجه‌گیری

اصلاح ژنتیکی مرغ‌ها برای ایجاد مقاومت در مقابل بیماری‌ها، نیاز به اطلاعات کافی در مورد چند شکلی ژن‌های کاندید دخیل در مقاومت

یا حساسیّت در مقابل بیماری‌ها دارد. با توجه به چند شکلی‌های موجود در دو ژن مطالعه شده می‌توان از جایگاه‌های ژنی مورد مطالعه به عنوان مارکرهای مناسب در برنامه‌های اصلاح نژاد در جهت افزایش مقاومت به بیماری استفاده کرد و این عمل منجر به حذف تدریجی مرغ‌هایی با حساسیّت بالا به آنفلونزا و سالمونلا خواهد شد.

تشکر و سپاسگزاری

این پژوهش با همکاری موسسه‌ی تحقیقات علوم دامی کشور، معاونت اموردام جهاد کشاورزی استان آذربایجان غربی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان شرقی و با مساعدت و همکاری آزمایشگاه ژنتیک و بیوتکنولوژی دانشگاه آزاد اسلامی واحد مراغه انجام گرفت. از همکاری بی‌دریغ همه‌ی همکاران و عزیزان مراکز یاد شده کمال تشکر و سپاسگزاری را داریم.

منابع مورد استفاده

1. Awomoyi, A. A. 2007. The human solute carrier family 11 member 1 protein (SLC11A1): linking infections, autoimmunity and cancer. *FEMS Immunology and Medical Microbiology* 49(3): 324-329.

2. Blackwell, J. M. 1996. Structure and function of the natural-resistance associated macrophage protein 1 (Nramp1), a candidate protein for infectious and autoimmune disease susceptibility. *Molecular Medicine Today* 2: 205-211.

3. Balkissoon, D., K. Staines, M. J. Cauley, J. Wood, J. Young, J. Kaufman and C. Butter. 2007. Low frequency of the Mx allele for viral resistance predates recent intensive selection in domestic chickens. *Immunogenetics* 59:687-691.

4. Davila, S. G., M. G. Gil, P. R. Talavan and J. L. Campo. 2009. Evaluation of diversity between different Spanish chicken breeds, a tester line, and a White Leghorn population based on microsatellite markers. *Poultry Science* 88: 2518-2525.

5. Forbes, J. R. and P. Gros. 2003. Iron, Manganese, and Cobalt transport by Nramp1 (SLC11A1) and Nramp2 (SLC11A2)expressed at the plasma membrane. *Blood* 102: 1884–1892.

6. Haller, O., G. Koechs and F. Weber. 2007. Interferon, Mx, and viral countermeasures, cytokine growth factor. *Review Journal* 18: 425-433.

7. Hu, J., N. Bumstead, D. Burke, F. A. Ponce de Leon, E. Skamene, P. Gros and D. Malo. 1995. Genetic and physical mapping of the natural disease resistance-associated macrophage protein 1 (Nramp1) in chicken. *Mammalian Genome* 6: 809-815.

8. Hu, J., N. Bumstead, P. Barrow, G. Sebastiani, L. Olien, K. Morgan and D. Malo. 1997. Resistance to salmonellosis in the chicken is linked to Nramp1 and TNC. *Genome Research* 7: 693-704.

9. Ko, J. H., H. K. Jin, A. Asano, A. T. akada, A. Ninomiya, H. Kida, H. okiyama, M. Ohara, T. suzuki, M. Nishibori, M. Mizutani and T. Watanabe. 2002. Polymorphisms and the differential antiviral activity of the chicken Mx gene. *Genome Research* 12: 595-601.

10. Lee, S. H. and S. M. Vidal. 2002. Functional diversity of Mx proteins: variations on a theme of host resistance to infection. *Genome Research* 12: 527-30.

11. Li, X. Y., L. J. Qu, J. F. Yao and N. Yang. 2006. Skewed allele of an Mx gene mutation with potential resistance to avian influenza virus in different chicken populations. *Poultry Science* 85: 1327-1329.

12. Liu, W, M. G. Kaiser and S. J. Lamont. 2003. Natural resistance-associated macrophage protein 1 gene polymorphisms and response to vaccine against or challenge with *Salmonella enteritidisin* young chicks. *Poultry Science* 82: 259-266.

13. Maghsoudi, S. M. and A. Pakdel. 2008. Review of effective genetical methods to induce disease resistance in farm animals. In: Proceeding of 1st National conference on livestock and poultry industry. Gorgan, Iran, pp. 1-6. (In farsi).

14. Malek, M. and S. J. Lamont. 2003. Association of iNOS, TRAIL, TGF-β2, TGF-β3, and IgL genes with response to *Salmonella enteritidisin* poultry. *Genetics Selection Evolution* 35: 99-111.

15. Malekshahdehi, S., H. Hafezian, G. Rahimi and Z. Ansari. 2014. Detection of allelic polymorphisms of Mx gene in native fowls and commercial broiler and laying strain chickens. *Iranian Journal of Animal Science Research* 6(1): 92-97. (In farsi).

16. Miller, S. A., D. D. Dykes and H. F. Polesky. 1988. A Simple Salting Out Procedure for Extracting DNA From Human Nucleated Cells. *Nucleic Acids Research* 16(3): 12-15.

17. Palaga, M., A. Muladno, C. Sumantri and S. Murtini. 2013. Association of Mx gene genotype with antiviral and production traits in tolaki chicken. *International Journal of Poultry Science* 12: 735-739.

18. Seung, H. L. and M. V. Silvia. 2002. Functional diversity of Mx proteins: Variations on a theme of host resistance to infection. *Genome Research* 12: 527-530.

19. Thomas, N. and S. Joseph. 2012. Role of SLC11A1gene in disease resistance. *Biotechlology in Animal Husbandry* 28 (1): 99-106.

20. Tohidi, R., I. Idris, J. M. panandam and M. H. Bejo. 2011. Analysis of genetic variation of inducible nitric oxide synthase and natural resistance-associated macrophage protein 1 loci in Malaysian native chickens. *African Journal of Biotechnology* 10(8):

1285-1289.
21. Vanhala, T., M. Tuikula-Haavisto, K. Elo, J. Vilkki and A. Maki-Tanila. 1998. Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science* 77: 783-790.
22. Xiangun, Y. E., Z. Ten, Y. Zhang and K. Li. 2010. Single nucleotide polymorphisms in the chicken Mx gene at position 2032 by Real-time allele PCR melting-curve analysis. *Journal of Poultry Science* 47: 133-138.
23. Ye, X., S. J. Avendano, C. M. Dekkers and S. J. Lamont. 2006. Association of twelve immune-related genes with performance of three broiler lines in two different hygiene environments. *Poultry Science* 85: 1555-1569.
24. Yeh, F., Y. Rongcal and T. Boyle. 2000. POPGENE 1.32: A free program for the analysis of genetic variation among and within populations using co-dominant and dominant markers. Department of Renewable Resources, University of Alberta, Alberta, Canada.
25. Zanetti, E., M. De Marchi, C. Dalvit and M. Cassandro. 2007. Genetic characteriation of local Italian breeds of chickens undergoing in situ conservation. *Poultry Science* 89: 420-427.

جدول۳- میانگین هتروزیگوسیتی و هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار جایگاه‌های ژنی Mx وSLC۱۱A۱ در هر یک از جمعیّت‌ها

جمعیّت	هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مشاهده شده		هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مورد انتظار		میانگین هتروزیگوسیتی		I۱		F۲	
	Mx		Mx	SLC۱۱A۱	Mx	SLC۱۱A۱	Mx	SLC۱۱A۱	Mx	SLC۱۱A۱
عمومی	۰/۲(۰/۸)	۰/۲۶(۰/۷۴)	۰/۱۸۱۸(۰/۸۱۸۲)	۰/۲۵۷۶(۰/۷۴۲۴)	۰/۲۸۲۲	۰/۲۹۵۹	۰/۳۵۵۱	۰/۴۲۲۷	-۰/۱۱۱۱	-۰/۰۱۹۶
آ-غربی	۰/۲۴(۰/۷۶)	۰/۴۸(۰/۵۲)	۰/۲۴۳۲(۰/۷۵۶۸)	۰/۴۶۵۵(۰/۵۴۴۵)	۰/۲۸۲۲	۰/۲۹۵۹	۰/۴۰۵۰	۰/۶۵۳۴	۰/۰۰۳۳	-۰/۰۴۱۷
مرندی	۰/۳۶(۰/۶۴)	۰/۳۶(۰/۶۴)	۰/۴۶۵۵(۰/۵۳۴۵)	۰/۳۶۸۵(۰/۶۳۱۵)	۰/۲۸۲۲	۰/۲۹۵۹	۰/۶۵۳۴	۰/۵۵۱۱	۰/۲۱۸۸	۰/۰۱۳۲
مازندرانی	۰/۲۶(۰/۷۴)	۰(۱)	۰/۲۸۵۱(۰/۷۱۴۹)	۰(۱)	۰/۲۸۱۱	۰/۲۹۵۹	۰/۴۵۵۹	۰	۰/۰۷۸۷	-
گوشتی	۰/۰۶(۰/۹۴)	۰/۲۴(۰/۷۶)	۰/۰۵۸۸(۰/۹۴۱۲)	۰/۲۱۳۳(۰/۷۸۶۹)	۰/۲۸۲۲	۰/۲۹۵۹	۰/۱۳۴۷	۰/۳۶۶۹	-۰/۰۳۰۹	-۰/۱۳۶۴
تخم‌گذار	۰/۷۶(۰/۲۴)	۰/۸۲(۰/۱۸)	۰/۴۷۶(۰/۵۲۴)	۰/۴۸۸۷(۰/۵۱۱۳)	۰/۲۸۲۲	۰/۲۹۵۹	۰/۶۶۴۱	۰/۶۷۶۹	-۰/۶۱۲۹	-۰/۶۹۴۹

۱-شاخص اطلاعات شانن

۲-شاخص تثبیت

جدول ۲- فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی جایگاه‌های ژنی Mx و SLC۱۱A۱ در هر یک از جمعیّت‌ها

جمعیّت	فراوانی آللی				فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده (مورد انتظار)						۲χ۱	
	Mx		SLC۱۱A۱		Mx			SLC۱۱A۱				
	A	G	T	C	AA	AG	GG	TT	TC	CC	Mx	SLC۱۱A۱
عمومی	۰/۱	۰/۹	۰/۱۵	۰/۸۵	۰(۰/۴۵۴۵)	۱۰(۰/۰۹۰۹)	۴۰(۰/۰۰۵۱)	۱(۰/۰۶۰۶)	۱۳(۱۲/۸۷۸۸)	۳۶(۳۶/۰۶۰۶)	۰/۵۵۰۵	۰/۰۰۴۷
آ-غربی	۰/۱۴	۰/۸۶	۰/۳۶	۰/۶۴	۱(۰/۹۱۹۲)	۱۲(۱۲/۱۶۱۶)	۳۷(۳۶/۹۱۹۲)	۶(۶/۳۶۳۶)	۲۴(۲۳/۲۷۲۷)	۲۰(۲۰/۳۶۳۶)	۰/۰۰۹۴	۰/۰۵
مرندی	۰/۳۶	۰/۶۴	۰/۲۴	۰/۷۶	۹(۶/۳۶۳۶)	۱۸(۲۳/۲۷۲۷)	۲۳(۲۰/۳۶۳۶)	۳(۲/۷۸۷۹)	۱۸(۱۸/۴۲۴۲)	۲۹(۲۸/۷۸۷۹)	۲/۶۲۸۱	۰/۰۲۷۴
مازندرانی	۰/۱۷	۰/۸۳	-	۱	۲(۱/۳۷۳۷)	۱۳(۱۴/۲۵۲۵)	۳۵(۳۴/۳۷۳۷)	-	-	-	۰/۴۰۶۹	-
گوشتی	۰/۰۳	۰/۹۷	۰/۱۲	۰/۸۸	۰(۰/۰۳۰۳)	۳(۲/۹۳۹۴)	۴۷(۴۷/۰۳۰۳)	۰(۰/۶۶۶۷)	۱۲(۱۰/۶۶۶۷)	۳۸(۳۸/۶۶۶۷)	۰/۰۳۱۵	۰/۸۴۴۸
تخم‌گذار	۰/۶۲	۰/۳۸	۰/۴۱	۰/۵۹	۱۲(۱۹/۱۰۱۰)	۳۸(۲۳/۷۹۸۰)	۰(۷/۱۰۱۰)	۰(۸/۲۸۲۸)	۴۱(۲۴/۴۳۴۳)	۹(۱۷/۲۸۲۸)	۱۸/۲۱*	۲۳/۴۸۳۳*

*معنی‌دار با احتمال (P>۰/۰۵)

۱- کای اسکور برای تعادل هاردی – واینبرگ

جدول ۴- فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی جایگاه‌های ژنی Mx و SLC۱۱A۱ در گروه‌های مختلف و در کلّ جمعیّت‌ها

ژن Mx	فراوانی آللی		فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده (مورد انتظار)			χ^2
	A	G	AA	AG	GG	
سویه‌های مرغ بومی	۰/۱۹۲۵	۰/۸۰۷۵	(۷/۳۳۳۳)۱۲	(۶۳/۳۳۳۳)۵۳	(۱۳۰/۳۳۳۳)۱۳۵	۴/۵۳۴۲*
سویه‌ی تجاری گوشتی	۰/۰۳	۰/۹۷	(۰/۰۳۰۳)۰	(۲/۹۳۹۴)۳	(۴۷/۰۳۰۳)۴۷	۰/۰۳۱۵
سویه‌ی تجاری تخم-گذار	۰/۶۲	۰/۳۸	(۱۹/۱۰۱۰)۱۲	(۲۳/۷۹۸۰)۳۸	(۷/۱۰۱۰)۰	۱۸/۲۱۶۲*
کلّ جمعیّت‌ها	۰/۲۳۶۷	۰/۷۶۳۳	(۱۶/۷۱۲۹)۲۴	(۱۰۸/۵۷۴۳)۹۴	(۱۷۴/۷۱۲۹)۱۸۲	۵/۴۳۷۶*
ژن SLC۱۱A۱	T	C	TT	TC	CC	
سویه‌های مرغ بومی	۰/۱۸۷۵	۰/۸۱۲۵	(۶/۹۵۴۹)۱۰	(۶۱/۰۹۰۲)۵۵	(۱۳۱/۹۵۴۹)۱۳۵	۲/۰۱۰۶
سویه‌ی تجاری گوشتی	۰/۱۲	۰/۸۸	(۰/۶۶۶۷)۰	(۱۰/۶۶۶۷)۱۲	(۳۸/۶۶۶۷)۳۸	۰/۸۴۴۸
سویه‌ی تجاری تخم-گذار	۰/۴۱	۰/۵۹	(۸/۲۸۲۸)۰	(۲۴/۴۳۴۳)۴۱	(۱۷/۲۸۲۸)۹	۲۳/۴۸۳۳*
کلّ جمعیّت‌ها	۰/۲۱۳۳	۰/۷۸۶۷	(۱۳/۵۶۹۳)۱۰	(۱۰۰/۸۶۱۴)۱۰۸	(۱۸۵/۵۶۹۳)۱۸۲	۱/۵۱۲۷

جدول ۵- میانگین هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در جایگاه‌های ژنی Mx و SLC۱۱A۱ در گروه‌های مختلف و در کل جمعیّت‌ها

ژن Mx	هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مشاهده شده	هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مورد انتظار	میانگین هتروزیگوسیتی	I	F
سویه‌های مرغ بومی	(۰/۷۳۵۰)۰/۲۶۵۰	(۰/۶۸۸۳)۰/۳۱۱۷	۰/۲۸۲۲	۰/۴۸۹۸	۰/۰۸۹۲
سویه‌ی تجاری گوشتی	(۰/۹۴)۰/۰۶	(۰/۹۴۱۲)۰/۰۵۸۸	۰/۲۸۲۲	۰/۱۳۴۷	-۰/۰۳۰۹
سویه‌ی تجاری تخم‌گذار	(۰/۲۴)۰/۷۶	(۰/۵۲۴۰)۰/۴۷۶۰	۰/۲۸۲۲	۰/۶۶۴۱	-۰/۶۱۲۹
کلّ جمعیّت‌ها	(۰/۶۸۶۷)۰/۳۱۳۳	(۰/۶۳۸۱)۰/۳۶۱۹	۰/۲۸۲۲	۰/۵۴۷۲	۰/۱۳۲۸
ژن SLC۱۱A۱					
سویه‌های مرغ بومی	(۰/۷۲۵۰)۰/۲۷۵۰	(۰/۶۹۴۵)۰/۳۰۵۵	۰/۲۹۵۹	۰/۴۸۶۲	-۰/۰۱۸۰
سویه‌ی تجاری گوشتی	(۰/۷۶)۰/۲۴	(۰/۷۸۶۷)۰/۲۱۳۳	۰/۲۹۵۹	۰/۳۶۶۹	-۰/۱۳۶۴
سویه‌ی تجاری تخم‌گذار	(۰/۱۸)۰/۸۲	(۰/۵۱۱۳)۰/۴۸۸۷	۰/۲۹۵۹	۰/۶۷۶۹	-۰/۶۹۴۹
کلّ جمعیّت‌ها	(۰/۶۴)۰/۳۶	(۰/۶۶۳۸)۰/۳۳۶۲	۰/۲۹۵۹	۰/۵۱۸۳	-۰/۰۷۲۶