

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 آزاد اسلامی، واحد مراغه، 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

• سیدحسین 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: ۱۳۹۶-۰۸-۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶-۱۰-۰۳

Emali: parsas20012003@yahoo.com



چکیده

در این تحقیق چند شکلی‌های آلی در ژن‌های کاندید Mx و SLC11A1 دخیل در سیستم ایمنی در برخی از سویه‌های مرغ بومی عمومی، آذربایجان غربی، مرندي، 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 ۷۲۲ و ۷۹ جفت بازی شناسایی شد. بین گروه‌های مختلف مرغ بومی و تجاری، در جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 بیشترین فراوانی آلل حساس به بیماری (C و G) 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 متغیر 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، ژن‌های Mx 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 اهمیت زیادی دارد (۱۵). امروزه در زمینه 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 ایمونوگلوبولین‌ها، سیتوکین‌ها، هیستوگلوبولین‌ها 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 اولین 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 فیروبلاست‌ها 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 اولین سد دفاعی بدن علیه عفونت‌های ویروسی هستند. اینترفرون‌ها ایمنی همورال و سلولی را مدیریت کرده و اعمال تنظیمی مهمی 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 میکسوپروس‌ها (Mx) می‌باشد (۶). از دیگر ژن‌های دخیل در مقاومت

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 آمینه آرژنین به جای گلیسین در موقعیت ۲۲۳ جایگزین شود، مرغ‌ها حساسیت بیشتری نسبت به بیماری نشان می‌دهند (۸). با توجه به پیشرفت‌های صورت گرفته در تکنیک‌های ژنتیک مولکولی و اهمیت 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 آلی 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 جمعیت‌های بومی مختلف موجود در ایران شامل مرغ‌های بومی عمومی، مردی، مازندران، آذربایجان غربی و نیز مرغ‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار (۵۰ قطعه به ازای هر جمعیت) از مرکز پرورش مرغ بومی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، مرکز پرورش مرغ بومی امور دام جهاد کشاورزی استان آذربایجان غربی و مراکز پرورش مرغ‌های گوشتی و تخم‌گذار منطقه‌ای 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- درجه سانتی‌گراد تا زمان استخراج DNA ژنومی نگهداری شدند.

استخراج DNA ژنومی و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)

و یا حساسیت 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 مهم‌ترین ژن‌های ضد ویروسی و تنظیم‌کننده‌ی اینترفرون بوده و ارتباط خاصی بین عفونت آنفلوانزا و تحریک بیان ژن Mx وجود دارد. این ژن جزو ژن‌های ویژه‌ی است که مقاومت یا حساسیت 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 تحریک‌کننده‌ی اینترفرون‌ها و جلوگیری از رونویسی RNA ویروس‌ها هستند (۱۷). نوع اسید آمینه موجود در موقعیت ۶۳۱ پروتئین کد شده توسط ژن Mx می‌تواند تعیین‌کننده‌ی میزان فعالیت 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 شده توسط 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 فاکوسوم موجود در سیتوپلاسم انجام می‌دهد. مشخص شده است که انتقال یون‌ها از طریق مجرای فاکولیزوزوم به سیتوزول صورت می‌گیرد و از دریافت این کاتیون‌ها توسط پاتوژن‌های داخل سلولی جلوگیری می‌کند (۵). این ژن اثرات پلیوتروپیک روی فعالیت ماکروفاژها دارد که شامل افزایش کیموکاین، فاکتور نکروزه‌کننده‌ی 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 مهم هستند (۱). در مرغ‌ها بین چند شکلی ژن SLC11A1 و تفاوت در میزان مرگ و میر بعد

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)

آلی 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 صحت 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 و تحلیل قرار گرفتند. مشاهدات الگوهای باندها برای جایگاه ژنی Mx، سه نوع ژنوتیپ متفاوت AA، AG 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 TT، TC 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 آلی، ژنوتیپی مشاهده شده و مورد انتظار و آزمون χ^2 برای هر یک از جمعیت‌ها، گروه‌های مختلف مرغ‌ها و همچنین در کل جمعیت‌ها برآورد شد (جدول ۲ و ۴). میانگین هتروزیگوسیتی، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، شاخص اطلاعات شانن و شاخص تثبیت نیز برای هر یک از جمعیت‌ها و برای گروه‌های مختلف مرغ برآورد شد (جدول ۳ و ۵). در بین جمعیت‌ها، در دو جایگاه ژنی مورد مطالعه، χ^2 محاسبه شده برای تعادل هاردی - واینبرگ فقط برای سویه‌ی تجاری تخم‌گذار معنی‌دار بود اما 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 ($p < 0/05$).

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

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 پلیمرز در حجم نهایی ۲۰ μ l شامل ۵۰۰-۱۰۰ ng DNA ژنومی، شش μ l Taq DNA polymerase 2x Master mix (red dye، dNTPs، MgCl₂) ساخت شرکت AMPLIQON و ۰/۴ μ l 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 اولیه ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه و ۳۵ چرخه شامل واسرشته سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۶۰ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۴۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت 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.

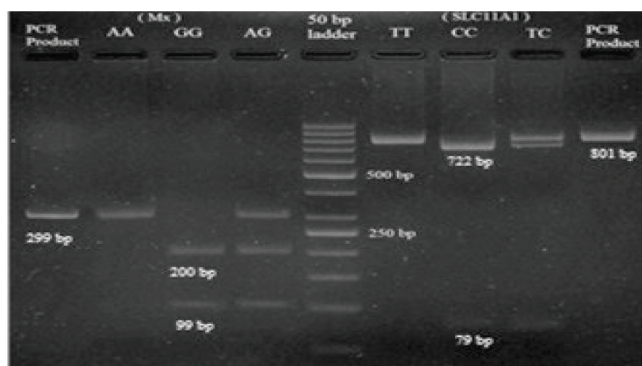
تکثیر قطعه مورد نظر از ژن SLC11A1 با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم نهایی ۲۰ μ l شامل ۵۰۰-۱۰۰ ng DNA ژنومی، پنج μ l Taq DNA polymerase 2x Master mix red (red dye، dNTPs، MgCl₂) و ۰/۴ μ l از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت با غلظت ۱۰ pM انجام گرفت. برای این جایگاه ژنی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با دمای واسرشته سازی اولیه ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه و ۳۰ چرخه شامل واسرشته سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها ۵۹ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت 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 محدودالائز 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 μ l، شامل پنج μ l محصول PCR، ۰/۵ μ l بافر و ۰/۲ μ l آنزیم و در نهایت ۴/۵ μ l 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 μ l، شامل پنج μ l محصول PCR، یک μ l بافر، ۰/۵ μ l آنزیم و در نهایت هشت μ l آب دوبار تقطیر انجام شد. واکنش‌های هضم آنزیمی برای دو جایگاه ژنی در دمای ۳۷ درجه‌ی سانتی‌گراد و به مدت ۱۶ ساعت انجام شد.

تجزیه و تحلیل ژنتیکی داده‌ها

برای آنالیز ژنتیکی داده‌های دیپلوئیدی حاصل از هضم آنزیمی در جمعیت‌های مرغ بومی و تجاری، از نرم افزار POPGENE نسخه‌ی ۱/۳۲ (به و همکاران (۲۴)) استفاده شد. این نرم افزار برای برآورد فراوانی‌های



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

سویه‌های تجاری ۰ و فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوس TC در جمعیت‌های مرغ بومی از ۰/۰۶۵ تا ۰/۱۲ و در سویه‌های تجاری از ۰/۱۲ تا ۰/۴۱ و همچنین ژنوتیپ هموزیگوس CC در جمعیت‌های مرغ بومی از ۰/۱۰ تا ۰/۱۸ و در سویه‌های تجاری از ۰/۹ تا ۰/۳۸ متغیر بودند. بیشترین فراوانی ژنوتیپی در جمعیت‌های 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 جمعیت‌های 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 جمعیت مرغ بومی مازندران، شاخص اطلاعات شانون صفر برآورد شد. شاخص تثبیت برای جایگاه ژنی Mx در جمعیت بومی عمومی، سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۱۱۱-، ۰/۳۰۹- و ۰/۶۱۲۹- و در بین گروه‌های مختلف مرغ بومی و تجاری، گروه سویه‌های تجاری گوشتی و گروه سویه‌های تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۳۰۹- و ۰/۶۱۲۹- برآورد شد. منفی بودن اعداد به دست آمده نشانگر کاهش درصد هتروزیگوسیتی در این جمعیت‌ها است. شاخص تثبیت برای جایگاه ژنی SLC11A1 فقط در جمعیت مرغ بومی مردندی مثبت و برابر ۰/۱۳۲ بود و در بین گروه‌های مختلف مرغ، سویه‌های مرغ بومی، سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار به ترتیب برابر ۰/۱۸۰-، ۰/۱۳۶۴- و ۰/۷۲۶- برآورد شد.

در جایگاه ژنی Mx، در جمعیت‌های مرغ بومی آذربایجان غربی، مردندی و مازندران افزایش در میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شد اما برای جایگاه ژنی SLC11A1 افزایش هتروزیگوسیتی فقط در جمعیت مرغ بومی مردندی بود. به هر حال جهش عامل انحراف از تعادل هاردی و واینبرگ است و تلاقی بین جمعیت‌ها یا نژادهای مختلف و همچنین تلاقی تصادفی می‌توانند باعث افزایش هتروزیگوسیتی شوند. وانها 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 هتروزیگوسیتی در این جمعیت‌ها 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 مرغ‌های مورد مطالعه می‌تواند به دلیل شدت انتخاب بالا در جمعیت‌ها باشد.

نتیجه‌گیری

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

در جمعیت 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 جمعیت مرغ‌های بومی از ۰ تا ۰/۰۴۵ و در سویه‌های تجاری از ۰ تا ۰/۱۲ و فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوس AG در جمعیت 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 جمعیت مرغ‌های بومی از ۰/۱۱۵ تا ۰/۲ و در سویه‌های تجاری از ۰ تا ۰/۴۷ متغیر بودند. بیشترین فراوانی ژنوتیپی در جمعیت 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 متغیر بود. در تحقیق ملک شاهدهی و همکاران (۱۵) که روی سه جمعیت مختلف مرغ بومی ایران و سویه‌های تجار گوشتی و تخم‌گذار انجام گرفته بود، بیشترین فراوانی مربوط به ژنوتیپ هموزیگوس AA و فراوانی آلل A در جمعیت‌های مرغ بومی از ۵۷/۷ تا ۶۹/۲ درصد و در سویه‌های تجاری از ۴۶ تا ۸۶ درصد متغیر بود. همچنین فراوانی آلل G در جمعیت‌های مرغ بومی از ۳۰/۸ تا ۴۲/۳ درصد و در سویه‌های تجاری از ۱۴ تا ۵۴ درصد متغیر بود. در مطالعه حاضر برای جایگاه ژنی Mx، در سویه‌های تجاری گوشتی و تخم‌گذار مثل جمعیت‌های 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 بانندی مشاهده و ژنوتیپ هموزیگوس AA دارای بیشترین فراوانی بود. در پژوهش خیانگون و همکاران (۲۲) مطابق نتایج ما، در سویه‌ی تخم‌گذار سه الگوی بانندی مشاهده شده بود و فراوانی ژنوتیپ حساس GG بیشترین فراوانی را در بین ژنوتیپ‌ها داشت. در تحقیق آن‌ها فراوانی ژنوتیپ‌های AA، AG 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 جمعیت‌های مناطق مختلف یا سطوح مختلف انتخاب و همچنین اختلاف بین فراوانی آللی در جمعیت 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 جمعیت‌های مرغ بومی از ۰/۶۴ تا ۱ و در سویه‌های تجاری از ۰/۵۹ تا ۰/۸۸ متغیر بود. فراوانی ژنوتیپ هموزیگوس TT در جمعیت‌های مرغ بومی از ۰/۰۰۵ تا ۰/۰۳ و در

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 enteritidis* 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- β 2, TGF- β 3, and IgL genes with response to *Salmonella enteritidis* 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 SLC11A1 gene in disease resistance. *Biotechnology 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):

یا حساسیت 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 حساسیت بالا به آنفلونزا و سالمونلا خواهد شد.

تشکر و سپاسگزاری

این پژوهش با همکاری موسسه‌ی تحقیقات علوم دامی کشور، معاونت امور دام 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.

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.



جدول ۳. میانگین هتروزوگوسیتی و هتروزوگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 در هر یک از جمعیت‌ها

F ₂	I ₁			میانگین هتروزوگوسیتی		مورد انتظار		مشاهده شده		جمعیت
	SLC11A1	Mx	Mx	SLC11A1	Mx	SLC11A1	Mx	SLC11A1	Mx	
- / - ۰۱۹۶	۰/۰۱۱۱	۰/۴۲۲۷	۰/۳۵۵۱	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۲۲	(۰/۷۴۲۴)۰/۲۵۷۶	(۰/۸۱۸۲)۰/۱۸۱۸	(۰/۷۴)۰/۲۶	(۰/۸۰)۰/۱۲	عمومی
- / - ۰۴۱۷	۰/۰۰۳۳	۰/۶۵۳۴	۰/۴۰۵۰	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۲۲	(۰/۵۴۴۵)۰/۴۶۵۵	(۰/۷۵۶۸)۰/۴۴۳۲	(۰/۵۲)۰/۴۸	(۰/۷۶)۰/۳۴	آ-غربی
۰/۰۱۳۲	۰/۲۱۸۸	۰/۵۵۱۱	۰/۶۵۳۴	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۲۲	(۰/۶۳۱۵)۰/۳۶۸۵	(۰/۵۳۴۵)۰/۴۶۵۵	(۰/۶۴)۰/۳۶	(۰/۶۴)۰/۳۶	مزدنی
-	۰/۰۷۸۷	۰	۰/۴۵۵۹	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۱۱	(۱)۰	(۰/۷۱۴۹)۰/۳۸۵۱	(۱)۰	(۰/۷۴)۰/۲۶	مازندرانی
- / - ۱۳۶۴	۰/۰۳۰۹	۰/۳۶۶۹	۰/۱۳۴۷	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۲۲	(۰/۷۸۶۹)۰/۳۱۳۳	(۰/۹۴۱۲)۰/۵۵۸۸	(۰/۷۶)۰/۳۴	(۰/۹۴)۰/۰۶	گوشی
- / - ۱۶۴۹	۰/۰۶۱۲۹	۰/۶۷۶۹	۰/۶۶۴۱	۰/۲۹۵۹	۰/۲۸۲۲	(۰/۵۱۱۳)۰/۴۸۸۷	(۰/۵۲۴)۰/۴۷۶	(۰/۱۸)۰/۸۲	(۰/۲۴)۰/۷۶	تخم‌گذار

۱- شاخص اطلاعات شادن

۲- شاخص تنبیت

جدول ۲. فراوانی‌های آلی و ژنوتیپ جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 در هر یک از جمعیت‌ها

F ₂	فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده (مورد انتظار)										فراوانی آلی		جمعیت
	SLC11A1					Mx					SLC11A1	Mx	
SLC11A1	Mx	CC	TC	TT	GG	AG	AA	C	T	G	A		
۰/۰۰۴۷	۰/۵۵۰۵	(۳۶/۰۶۰۶)۳۶	(۱۲/۸۷۸۸)۱۳	(۰/۰۶۰۶)۱	(۰/۰۰۵۱)۴۰	(۰/۰۹۰۹)۱۰	(۰/۴۵۴۵)۰	۰/۸۵	۰/۱۵	۰/۹	۰/۱	عمومی	
۰/۰۰۵	۰/۰۰۹۴	(۳۰/۳۶۲۶)۲۰	(۳۳/۲۷۲۷)۲۴	(۶/۴۶۳۶)۶	(۳۶/۹۱۹۲)۳۷	(۱۲/۱۶۱۶)۱۲	(۰/۹۱۹۲)۱	۰/۶۴	۰/۳۶	۰/۸۶	۰/۱۴	آ-غربی	
۰/۰۰۲۷۴	۲/۶۲۸۱	(۳۸/۸۷۸۷)۲۹	(۱۸/۴۲۴۲)۱۸	(۲/۷۸۷۹)۳	(۲۰/۳۶۳۶)۲۳	(۳۳/۲۷۲۷)۱۸	(۶/۳۶۳۶)۹	۰/۷۶	۰/۲۴	۰/۶۴	۰/۳۶	مزدنی	
-	۰/۴۰۶۹	-	-	-	(۳۴/۳۳۳۷)۳۵	(۱۴/۲۵۲۵)۱۳	(۱۳/۳۳۷)۲	۱	-	۰/۸۳	۰/۱۷	مازندرانی	
۰/۰۸۴۸	۰/۰۳۱۵	(۳۸/۶۶۶۷)۳۸	(۱۰/۶۶۶۷)۱۲	(۰/۶۶۶۷)۰	(۴۷/۰۳۰۳)۴۷	(۲/۹۳۹۴)۳	(۰/۰۳۰۳)۰	۰/۸۸	۰/۱۲	۰/۹۷	۰/۰۳	گوشی	
۲۳/۴۸۳۳*	۱۸/۲۱*	(۱۷/۳۸۲۸)۹	(۲۴/۴۴۴۳)۴	(۸/۲۸۲۸)۰	(۷/۱۰۰۱)۰	(۳۳/۷۹۸۰)۳۸	(۱۹/۱۰۱۰)۲	۰/۵۹	۰/۴۱	۰/۳۸	۰/۶۲	تخم‌گذار	

*ممفی‌دار با احتمال (P>۰/۰۵)

۱- گای اسکور برای تعادل هاردی - واینبرگ

جدول ۴- فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 در گروه‌های مختلف و در کل جمعیت‌ها

X ^۲	فراوانی ژنوتیپی مشاهده شده (مورد انتظار)			فراوانی آللی		ژن Mx
	GG	AG	AA	G	A	
۴/۵۳۴۲*	(۱۳۰/۳۳۳۳)۱۳۵	(۶۳/۳۳۳۳)۵۳	(۷/۳۳۳۳)۱۲	۰/۸۰۷۵	۰/۱۹۲۵	سویه‌های مرغ بومی
۰/۰۳۱۵	(۴۷/۰۳۰۳)۴۷	(۲/۹۳۹۴)۳	(۰/۰۳۰۳)۰	۰/۹۷	۰/۰۳	سویه‌ی تجاری گوشتی
۱۸/۲۱۶۲*	(۷/۱۰۱۰)۰	(۲۳/۷۹۸۰)۳۸	(۱۹/۱۰۱۰)۱۲	۰/۳۸	۰/۶۲	سویه‌ی تجاری تخم-گذار
۵/۴۳۷۶*	(۱۷۴/۷۱۲۹)۱۸۲	(۱۰۸/۵۷۴۳)۹۴	(۱۶/۷۱۲۹)۲۴	۰/۷۶۳۳	۰/۲۳۶۷	کل جمعیت‌ها
	CC	TC	TT	C	T	ژن SLC11A1
۲/۰۱۰۶	(۱۳۱/۹۵۴۹)۱۳۵	(۶۱/۰۹۰۲)۵۵	(۶/۹۵۴۹)۱۰	۰/۸۱۲۵	۰/۱۸۷۵	سویه‌های مرغ بومی
۰/۸۴۴۸	(۳۸/۶۶۶۷)۳۸	(۱۰/۶۶۶۷)۱۲	(۰/۶۶۶۷)۰	۰/۸۸	۰/۱۲	سویه‌ی تجاری گوشتی
۲۳/۴۸۳۳*	(۱۷/۲۸۲۸)۹	(۲۴/۴۳۴۳)۴۱	(۸/۲۸۲۸)۰	۰/۵۹	۰/۴۱	سویه‌ی تجاری تخم-گذار
۱/۵۱۲۷	(۱۸۵/۵۶۹۳)۱۸۲	(۱۰۰/۸۶۱۴)۱۰۸	(۱۳/۵۶۹۳)۱۰	۰/۷۸۶۷	۰/۲۱۳۳	کل جمعیت‌ها

جدول ۵- میانگین هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در جایگاه‌های ژنی Mx و SLC11A1 در گروه‌های مختلف و در کل جمعیت‌ها

F	I	میانگین هتروزیگوسیتی	هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مورد انتظار	هتروزیگوسیتی (هموزیگوسیتی) مشاهده شده	ژن Mx
۰/۰۸۹۲	۰/۴۸۹۸	۰/۲۸۲۲	(۰/۶۸۸۳)۰/۳۱۱۷	(۰/۷۳۵۰)۰/۲۶۵۰	سویه‌های مرغ بومی
۰/۰۳۰۹	۰/۱۳۴۷	۰/۲۸۲۲	(۰/۹۴۱۲)۰/۰۵۸۸	(۰/۹۴)۰/۰۰۶	سویه‌ی تجاری گوشتی
۰/۰۶۱۲۹	۰/۶۶۴۱	۰/۲۸۲۲	(۰/۵۲۴۰)۰/۴۷۶۰	(۰/۲۴)۰/۰۷۶	سویه‌ی تجاری تخم‌گذار
۰/۱۳۲۸	۰/۵۴۷۲	۰/۲۸۲۲	(۰/۶۳۸۱)۰/۳۶۱۹	(۰/۶۸۶۷)۰/۳۱۳۳	کل جمعیت‌ها
					ژن SLC11A1
۰/۰۱۸۰	۰/۴۸۶۲	۰/۲۹۵۹	(۰/۶۹۴۵)۰/۳۰۵۵	(۰/۷۲۵۰)۰/۲۷۵۰	سویه‌های مرغ بومی
۰/۰۱۳۶۴	۰/۳۶۶۹	۰/۲۹۵۹	(۰/۷۸۶۷)۰/۲۱۳۳	(۰/۷۶)۰/۰۲۴	سویه‌ی تجاری گوشتی
۰/۰۶۹۴۹	۰/۶۷۶۹	۰/۲۹۵۹	(۰/۵۱۱۳)۰/۴۸۸۷	(۰/۱۸)۰/۰۸۲	سویه‌ی تجاری تخم‌گذار
۰/۰۷۲۶	۰/۵۱۸۳	۰/۲۹۵۹	(۰/۶۶۳۸)۰/۳۳۶۲	(۰/۶۴)۰/۰۳۶	کل جمعیت‌ها