



RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS

Study of *STAT5B* gene polymorphism and its association with production traits in Fars native fowl

H. Kharrati-Koopae*, M. Dadpasand**

Department of Animal Science, School of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran

(Received: 11-05-2025 – Revised: 30-05-2025 – Accepted: 03-06-2025 – Available online: 03-06-2025)

Abstract

Introduction: Genetic resources are one of the most valuable assets of any country. Due to adaptation to specific environmental conditions, Iranian indigenous chickens exhibit remarkable genetic diversity. Identifying and characterizing the genetic makeup of native chicken breeds can facilitate the development of effective conservation and breeding programs. Polygenic traits such as growth and reproduction are economically important in the poultry industry. Single-nucleotide polymorphism (SNP) association studies explore the relationship between genetic variants and traits by targeting genes involved in physiological pathways. Signal transducers and activators of transcription (STAT) proteins are a family of cytoplasmic proteins critical in the signal transduction pathways of multiple cytokines and peptide hormones. Several functional polymorphisms in the *STAT5B* gene have been reported in chickens. Previous studies demonstrated the pivotal roles of *STAT5A* and *STAT5B* in physiological processes linked to growth hormone and prolactin in mice. Members of the STAT protein family are involved in growth and reproduction. Identifying genetic markers in candidate genes and their association with economically important traits can optimize breeding programs through marker-assisted selection (MAS). The main goal of this study was to investigate the SNP (G4533815A/G-250A) polymorphism in the *STAT5B* gene and its association with production traits in Fars native fowl.

Materials and methods: Blood samples were randomly collected from 313 native chickens at the Native Chicken Breeding Farm in Fars Province (Shamsabad station). DNA was extracted using the salting-out protocol and evaluated through 2% agarose gel electrophoresis and nanodrop analysis. A 554 bp fragment of the *STAT5B* gene containing the SNP (G4533815A/G-250A) was amplified using the following primers: F: 5'-CCATCCCTTCCTGGTGCACT-3' and R: 5'-ACTGCTGCCATTTCCCTTTG-3' with annealing temperature at 60°C. Genotyping was performed using the *MspI* restriction enzyme at 37°C for 3 hours. Allelic and genotypic frequencies, Hardy-Weinberg equilibrium (HWE), polymorphism information content (PIC), and genetic parameters were calculated using PopGene3.2 software. The distribution of phenotypic data was not normal; therefore, nonparametric statistics were used to analyze the data. The association between the *STAT5B* gene polymorphism and production traits (egg number [EN], age at first egg [AFE], egg weight at 84 weeks [EW84], and body weight at 12 weeks [BW12]) was analyzed using the Mann-Whitney test in the Minitab program (version 18). Gene networks associated with the *STAT5B* gene in *Gallus gallus domesticus* were visualized using the STRING web tool (version 12).

Results and discussion: SNP genotyping identified three genotypes: AA (128 individuals, uncut fragment- no mutation), AG (174 individuals, heterozygote, 554/477 and 77 base pairs fragments- one mutant allele), and GG (11 individuals, 477, and 77 base pairs fragments- two mutant alleles). The frequencies of the A and G alleles

* Corresponding author: h.kharati@saadi.shirazu.ac.ir

** Corresponding author: dadpasand@shirazu.ac.ir



were 0.69 and 0.31, respectively. The chi-square test ($\chi^2 = 31.47$) indicated that the population deviated significantly from HWE ($P < 0.01$). This deviation can be attributed to selection intensity and mating systems. The Mann-Whitney test revealed a significant difference in AFE between genotypes AA/GG ($W = 191.50$) and GG/GA ($W = 354.50$). The GG genotype had a lower median AFE (142 days) compared to AA (150 days) and AG (147 days). Previous studies have demonstrated that hormones, cytokines, and their receptors regulate growth, reproduction, immunity, and metabolism in animals. The chicken's *STAT5B* gene has been implicated in sexual maturation via ovary development regulation. Protein interaction network analysis also revealed that *STAT5B* interacts with proteins related to growth, immunity, and reproduction, reinforcing its importance in controlling production and economic traits.

Conclusions: The results of the present study showed that there is a significant association between the SNP (G4533815A/G-250A) polymorphism of the *STAT5B* gene and age at first egg, but no significant association was reported with other traits. The main reason for the difference between the provided results and other investigations can be attributed to the statistical method used and the different genetic potential of the populations. Identification of beneficial mutations and genetic pathways affecting reproductive traits, such as AFE in chickens, can be used to select the desired allele in the population to achieve appropriate performance. Identification of candidate genes affecting economic traits can be used in MAS breeding programs. The findings provide an applied strategy to improve Fars native chicken through breeding programs.

Keywords: Gene polymorphism, Production traits, Native chicken, Genetic marker

Ethics statement: This study was conducted with the full consideration of animal welfare and the approval of this study was granted by the Ethics Committee of Shiraz University, Iran.

Data availability statement: The data that support the findings of this study are available on request from the corresponding author.

Conflicts of interest: The authors declare no conflicts of interest.

Funding: The authors received no specific funding for this project.

How to cite this article:

Kharrati-Koopae, H., & Dadpasand, M. (2025). Study of *STAT5B* gene polymorphism and its association with production traits in Fars native fowl. *Animal Production Research*, 14(3), 23-32. doi: 10.22124/ar.2025.29364.1870



مقاله پژوهشی

بررسی چندشکلی ژن *STAT5B* و ارتباط آن با صفات تولیدی در مرغ بومی فارسحامد خراتی کوپایی^{*}، محمد دادپسند[†]

بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۲/۲۱ - تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۳/۰۹ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۳/۱۳ - تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۴/۰۳/۱۳)

چکیده

ژن‌های *STAT* کدکننده مجموعه‌ای از پروتئین‌های درگیر در مسیرهای انتقال پیام سیتوکین‌ها و هورمون‌های پپتیدی هستند و چندین چندشکلی عملکردی از آنها در طیور گزارش شده است. هدف این پژوهش، بررسی چندشکلی ژن *STAT5B* برای SNP (G4533815A/G-250A) و ارتباط آن با صفات وزن بدن در ۱۲ هفتگی، وزن تخم‌مرغ در ۸۴ هفتگی، شمار تخم‌مرغ و سن اولین تخم‌گذاری در مرغ بومی فارس بود. تعداد ۳۱۳ قطعه مرغ ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی با روش PCR-RFLP تعیین ژنوتیپ شدند. بر این اساس، ۱۲۸، ۱۷۴ و ۱۱ فرد به ترتیب دارای ژنوتیپ‌های AA (بدون جهش)، AG (یک آلل جهش‌یافته) و GG (دو آلل جهش‌یافته) بودند. فراوانی آلل A و G به ترتیب ۰/۶۹ و ۰/۳۱ برآورد شد. آزمون کای مربع، انحراف جمعیت مورد مطالعه از تعادل هاردی-وینبرگ را نشان داد ($P < 0/01$). اختلاف میانه ژنوتیپ AA با ژنوتیپ‌های GG و AG برای سن نخستین تخم‌گذاری بر اساس آزمون من-ویتنی، معنی‌دار بود ($P < 0/05$). ژنوتیپ GG، میانه سن نخستین تخم‌گذاری کمتری (۱۴۲ روز) در مقایسه با دو ژنوتیپ AA (۱۵۰ روز) و AG (۱۴۷ روز) داشت. بررسی شبکه برهمکنش پروتئین‌ها نشان داد که پروتئین *STAT5B* در مرغ با مجموعه‌ای از پروتئین‌های مربوط به رشد، سیستم ایمنی و تولیدمثلی در ارتباط است که نشان‌دهنده نقش کلیدی این ژن در کنترل صفات اقتصادی است. یافته‌های این پژوهش، دیدگاهی را برای بررسی بیشتر ارتباط بین چندشکلی‌های ژن *STAT5B* و صفات مهم اقتصادی و همچنین، کاربرد نشانگرهای ژنتیکی در به‌نژادی طیور ارایه می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: چندشکلی ژنی، صفات تولیدی، مرغ بومی، نشانگر ژنتیکی

^{*} نویسنده مسئول: h.kharati@saadi.shirazu.ac.ir، [†] نویسنده مسئول: dadpasand@shirau.ac.ir

مقدمه

حفاظت از منابع ژنتیکی یکی از راهکارهای زیستی برای تامین امنیت غذایی محسوب می‌شود. پیشینه تاریخی پرورش مرغ بومی به همراه اقلیم‌های آب و هوایی گوناگون در ایران باعث ایجاد تنوع ژنتیکی قابل توجهی در جمعیت‌های مرغ بومی شده است که این امر، پیامد سازگاری توده‌ها با شرایط محیطی گوناگون است (Gholipour et al., 2023). در سال‌های اخیر، عواملی نظیر از بین رفتن عرصه‌های طبیعی نگهداری دام و طیور، خشکسالی، عدم اقتصادی بودن نگهداری توده‌های بومی، تغییر الگوی زندگی در روستاها و آلودگی‌های زیست محیطی موجب کاهش نگران‌کننده جمعیت این اکوتیپ‌ها در مناطق مختلف کشور شده است. تداوم کاهش جمعیت در برخی از این اکوتیپ‌ها، تنوع ژنتیکی توده‌های مرغ بومی را با خطر جدی مواجه ساخته است (Kharrazi-Koopae et al., 2019). بنابراین، شناسایی ویژگی‌های این ذخایر ژنتیکی و توسعه برنامه‌هایی جهت بهره‌برداری و حفاظت از آنها ضروری است (Pish Jang Aghajeri et al., 2019). صفات چندژنی رشد و تولیدمثل از مهم‌ترین صفات اقتصادی در طیور هستند. طی چند دهه گذشته، بیشتر از نشانگرهای مولکولی نظیر PCR-RFLP، PCR-SSCP و ریزماهورها برای شناسایی چندشکلی ژن‌ها و بررسی ارتباط آنها با صفات کمی در دام و طیور استفاده شده است (Moradian et al., 2014; Jamalpour et al., 2018; Esfandiari et al., 2020). داده‌های حاصل از فناوری‌های نوینی همچون تراشه‌های چندشکل تک‌نوکلئوتیدی یا SNP و فناوری‌های نسل جدید توالی‌یابی به میزان زیادی در شناسایی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌ها، اندازه‌گیری سطح همخونی و شناسایی نشانه‌های انتخاب مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Talebi et al., 2020; Wang et al., 2020; Yang et al., 2025). پژوهش‌های گسترده‌ای در دهه گذشته برای شناسایی جهش‌ها و در پی آن، ژن‌های کاندید مرتبط با صفات رشد و تولیدمثل انجام گرفته است (Rostamzadeh Mahdabi et al., 2021; Jourshari et al., 2023). ژن‌های *STAT*، خانواده‌ای از پروتئین‌های سیتوپلاسمی هستند که در مسیرهای انتقال پیام سیتوکین‌ها و هورمون‌های پپتیدی دارای اهمیت هستند. ژن‌های *STAT5A* و *STAT5B* دو

عضو اصلی این خانواده ژنی هستند که به وسیله گروه متنوعی از سیتوکین‌ها مانند اینترلوکین، اریتروپویتین و هورمون‌های رشد و پرولاکتین فعال می‌شوند. یافته‌ها در مرغ نشان می‌دهند که ژن *STAT5B* با نقش تنظیمی در تکامل تخمدان در ایجاد بلوغ جنسی ایفای نقش می‌نماید (Ou et al., 2009). پژوهش‌هایی روی SNP‌های ژن *STAT5B* و میزان ارتباط آنها با صفات رشد و تولیدمثل در طیور انجام گرفته است. بررسی دو SNP در ناحیه ۵ این ژن شامل G-250A و C-1591T در جمعیت مرغ جینگهای زرد در چین نشان داد که جهش C-1591T به شکل معنی‌داری با سن نخستین تخم‌گذاری در ارتباط است. همچنین، ارتباط جهش G-250A با صفات وزن جوجه-درآوری و وزن بدن در ۳۰۰ روزگی، معنی‌دار گزارش شد (Zhao et al., 2012). در مرغ بومی مازندران، گزارش شد که جهش تک‌نوکلئوتیدی G-250A در ژن *STAT5B* با صفات وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی دارای ارتباط معنی‌دار است (Niknafs et al., 2014). ارتباط چندشکلی‌های ژن *STAT5B* با صفات رشد در لاین آرین نشان داد که ژنوتیپ جهش یافته نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر به‌طور معنی‌داری با افزایش وزن بدن و نرخ رشد در ارتباط است. همچنین، ارتباط معنی‌داری بین چند شکلی‌های این ژن و آسیت مشاهده نشد (Telphoni et al., 2018). هدف این پژوهش، بررسی چندشکلی ژن *STAT5B* برای (G-4533815A/ G-250A) و ارتباط آن با صفات تولیدی در مرغ بومی فارس بود.

مواد و روش‌ها

خون‌گیری، استخراج DNA و تعیین ژنوتیپ *SNP*: خون‌گیری از ۳۱۳ قطعه مرغ بومی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان فارس (شمس آباد) به صورت تصادفی انجام شد. از هر قطعه مرغ، پنج سی‌سی خون از سیاهرگ بال گرفته شد. برای جلوگیری از لخته شدن خون، نمونه‌ها تا زمان استخراج DNA در لوله‌های حاوی EDTA در دمای ۴ درجه سلسیوس نگهداری شدند استخراج DNA با روش نمکی انجام شد (Miller, 1988). ارزیابی کمی و کیفی DNA استخراج شده به وسیله نانودراپ و الکتروفورز ژل آگارز (۲ درصد) انجام شد. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ نشان داده شده است (Ou et al., 2009).

جدول ۱- اطلاعات آغازگرها برای انجام واکنش PCR

Table 1. Information of primers for performing the PCR reaction

Chr : Accession number	Gene ID	Primer sequences	PCR product length
27: NC_052558.1	395556	F: 5'- CCATCCCTTCCTGGTGCAGT-3' R: 5'- ACTGCTGCCATTTCCTTTG-3'	554 bp

استفاده شد. در این آزمون، اختلاف میانه ژنوتیپها به صورت دو به دو برای تمام صفات مورد آزمون قرار گرفت. شبکه ژنی مربوط به ژن *STAT5B* در مرغ اهلی *Gallus gallus domesticus* با استفاده پایگاه STRING نسخه ۱۲ رسم شد (www.string-db.org).

نتایج و بحث

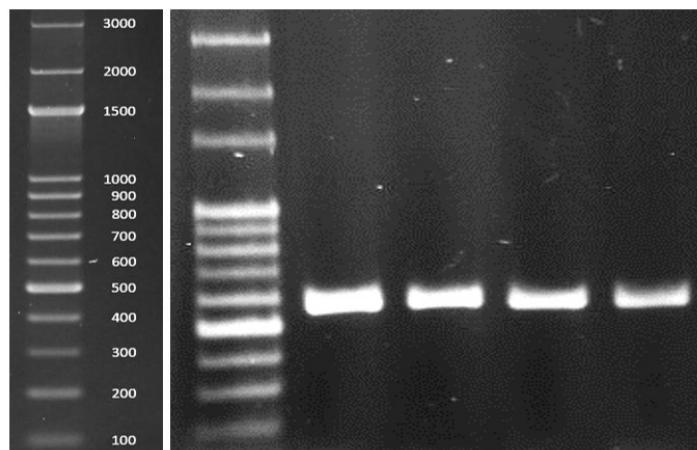
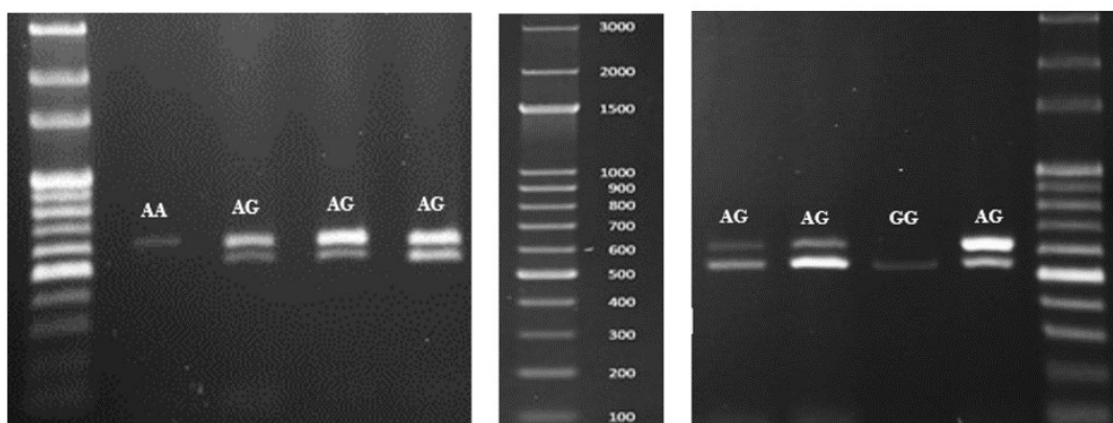
نتایج ارزیابی کمی و کیفی استخراج DNA نشان داد که DNAهای به دست آمده دارای کیفیت مناسب و کمترین آلودگی بودند. تکثیر تک باند قطعه ۵۵۴ جفت بازی در واکنش PCR با الکتروفورز روی ژل آگارز ۲ درصد مورد تایید قرار گرفت (شکل ۱).

نتایج هضم آنزیمی محصولات PCR نشان داد که جایگاه ژن *STAT5B* برای جهش تکنوکلونیدی G4533815A هر سه ژنوتیپ AA (قطعات هضم نشده- مرغ فاقد جهش)، ژنوتیپ AG (مرغ هتروزیگوت که دارای یک آلل جهش یافته و یک آلل غیرجهش یافته است) و ژنوتیپ GG (مرغی که هر دو آلل آن، جهش یافته است) را دارا است.

شکل ۲ نمونه‌ای از هضم آنزیمی محصولات PCR ژن *STAT5B* را نشان می‌دهد. افراد دارای ژنوتیپ AA تنها دارای یک باند ۵۵۴ جفت بازی هستند. به دلیل نداشتن آلل جهش یافته، هضم آنزیمی روی این افراد انجام نگرفت و طول آنها دقیقاً برابر با طول محصول PCR است. افراد دارای ژنوتیپ AG دارای سه باند شامل یک قطعه ۵۵۴ جفت بازی و قطعات ۴۷۷ و ۷۷ جفت بازی هستند. افراد دارای هردو آلل جهش یافته هستند و دارای قطعات ۴۷۷ و ۷۷ جفت بازی هستند. قابل ذکر است به دلیل کوچک بودن اندازه ژل آگارز مورد استفاده در این پژوهش، قطعه ۷۷ جفت بازی از انتهای ژل خارج شده و در شکل ۲ قابل مشاهده نیست. از بین ۳۱۳ فرد تعیین ژنوتیپ شده، ۱۲۸ فرد دارای ژنوتیپ AA، ۱۷۴ فرد دارای ژنوتیپ AG و ۱۱ فرد دارای ژنوتیپ GG بودند. بدین ترتیب، فراوانی آلل A، ۰/۶۹ و فراوانی آلل G برابر با ۰/۳۱ گزارش شد و ژنوتیپ هتروزیگوت دارای بیشترین فراوانی بود که نتایج به دست آمده با یافته‌های Telphoni et al. (2018) همخوانی دارد.

واکنش PCR در حجم ۲۰ میکرولیتر با استفاده از کیت شرکت آمپلیکون شامل آب مقطر اتوکلاو شده (۱۱ میکرولیتر)، آغازگر (۰/۵ میلی مولار)، Master Mix (۷ میکرولیتر) و DNA رقیق شده (۲ میکرولیتر) برای هر نمونه انجام شد. برنامه حرارتی PCR شامل واسرشته‌سازی اولیه در ۹۵ درجه سلسیوس برای ۱۰ دقیقه، ۳۵ چرخه شامل واسرشته سازی در ۹۵ درجه سلسیوس برای یک دقیقه، مرحله اتصال در ۶۰ درجه سلسیوس برای ۳۰ ثانیه، مرحله تکثیر در ۷۲ درجه سلسیوس برای ۳۰ ثانیه و گسترش نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس برای ۵ دقیقه بود. برای تایید تکثیر صحیح PCR، از نشانگر وزنی شرکت دنا زیست (Cat. No. S-5090-20) استفاده شد. واکنش هضم آنزیمی محصولات PCR به مدت ۳ ساعت و در دمای ۳۷ درجه سلسیوس با آنزیم محدودکننده انجام شد. واکنش هضم آنزیمی در حجم ۲۰ میکرولیتر با یک واحد از آنزیم *MspI*، آب مقطر اتوکلاو شده (۴ میکرولیتر)، بافر (۲ میکرولیتر) و فرآورده PCR (۱۴ میکرولیتر) انجام شد. در نهایت از روش الکتروفورز و ژل آگارز ۲ درصد برای تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها استفاده شد.

تجزیه آماری و بررسی شبکه برهمکنش پروتئین *STAT5B*: فراوانی آللی و ژنوتیپی، آزمون تعادل هاردی وینبرگ و فراسنجه‌های ژنتیکی با نرم افزار PopGene3.2 محاسبه شد. ارتباط چندشکلی ژن *STAT5B* با صفات شمار تخم-مرغ، سن اولین تخم‌گذاری، وزن تخم‌مرغ در ۸۴ هفتگی و وزن بدن در ۱۲ هفتگی بررسی شد. داده‌های مربوطه از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان فارس (شمس آباد) دریافت شد. نرمال بودن داده‌ها با آزمون شاپیرو-ویلک در نرم افزار SPSS نسخه ۲۳ آزمون شد. به دلیل نرمال نبودن توزیع داده‌ها از روش‌های تبدیل داده مانند Box-Cox، لگاریتمی و ریشه دوم استفاده شد. در نهایت به دلیل نرمال نشدن توزیع داده‌ها از روش آماری ناپارامتری Mann-Whitney Test در نرم افزار Minitab نسخه ۱۸ برای بررسی ارتباط رکوردها با ژنوتیپ‌های ژنگاه *STAT5B*

Fig. 1. The amplification of 554 bp fragments of *STAT5B*شکل ۱- تکثیر قطعه ۵۵۴ جفت بازی از ژن *STAT5B*Fig. 2. Results of enzymatic digestion of PCR products and SNP genotyping of *STAT5B* locusشکل ۲- نتایج هضم آنزیمی محصولات PCR و تعیین ژنوتیپ SNP ژنگاه *STAT5B*

به انحراف جمعیت از تعادل هاردی-وینبرگ، شاخص نئی برای ژنگاه در این جمعیت محاسبه نشد. واکاوی آماری ژنوتیپ‌های ژن *STAT5B* با صفات مورد مطالعه نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های این ژنگاه و صفت سن اولین تخم‌گذاری وجود دارد ($P < 0.05$)، ولی برای سایر صفات و ژنوتیپ‌ها، ارتباط معنی‌داری گزارش نشد. جدول‌های ۳، ۴ و ۵ اطلاعات بیشتری از واکاوی آماری رکوردهای فنوتیپی و ژنوتیپ‌ها ارائه می‌نمایند. گزارش‌های مشابهی برای تایید نتایج پژوهش حاضر در دسترس است. برای نمونه در پژوهشی که روی مرغ‌های جنگلی قرمز، فایووم و هیلی در بنگلادش انجام شد ارتباط بین چندشکلی (G4533815A) SNP در ژنگاه *STAT5B* با سن بلوغ، معنی‌دار گزارش شد (Khan et al., 2024). به‌طور مشابه، ارتباط معنی‌داری بین چندشکلی (G4533815A) SNP

میزان برآورد شاخص شانون نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی قابل توجه برای ژنگاه مورد بررسی بود، که این امر با توجه به وجود هر سه ژنوتیپ ممکن و میزان هتروزایگوسیتی برآورد شده قابل توجیه است. با توجه دو آللی بودن SNP، میزان آلل موثر برآورد شده (۱/۸۹) و محتوای چندشکلی ($PIC = 0.49$) نشان‌دهنده کارایی مناسب آغازگرها برای بررسی چندشکلی (G4533815A/G-250A) SNP در این ژنگاه است.

جدول ۲ جزئیات بیشتری از تعیین ژنوتیپ افراد را نشان می‌دهد. نتایج به‌دست آمده از آزمون کای مربع برای تعادل هاردی-وینبرگ نشان داد که ژنگاه مورد مطالعه از تعادل هاردی-وینبرگ انحراف دارد. با توجه به اینکه جمعیت مورد بررسی برای اهداف به‌نژادی تحت اثر انتخاب و آمیزش‌های هدفمند بود، انحراف از تعادل دور از انتظار نیست. با توجه

STAT با تاثیر بر مسیرهای انتقال پیام هورمون رشد، گیرنده هورمون رشد، پرولاکتین و انسولین در رشد، تولیدمثل، شیردهی و سوخت و ساز نقش دارند (Hennighausen & Roinson, 2008). به طور مشابه در پژوهش دیگری، عملکرد ژن *STAT5B* به عنوان ژن کلیدی برای مسیرهای انتقال پیام و شبکه های ژنی مرتبط با رشد و تولیدمثل به اثبات رسیده است (Cogburn et al., 2003; Kuhn et al., 2007).

شکل ۳ ارتباط پروتئین *STAT5B* را با پروتئین های سیستم ایمنی مانند اینترلوکین ۶ (*IL6*) و پروتئین های خانواده *JAK* نشان می دهد. پژوهش های پیشین، ارتباط اعضای خانواده پروتئین *STAT* و پروتئین های سیستم ایمنی را ثابت کرده اند (Ou et al., 2009). نکته جالب توجه در این شبکه، ارتباط هم بیانی پروتئین *STAT5B* و اینترلوکین ۶ است که الگوی بیانی آنها با یکدیگر، ارتباط مستقیم دارد. نکته قابل توجه دیگر، ارتباط پروتئین *STAT5B* با سایر اعضای خانواده پروتئین *STAT* مانند *STAT3* و *SOCS3* است. ژن *SOCS3* در مرغ دارای نقش تنظیمی است و به عنوان سرکوب کننده مسیر انتقال پیام سیتوکین ۳ عمل می کند که در پاسخ های التهابی و سیستم ایمنی دارای نقش است (UniProtKB/Swiss-Prot: O14543). پروتئین *STAT3* نیز یکی از اعضای خانواده *STAT* است که پاسخ به سیتوکین ها و فاکتورهای رشد مانند *IL6*، *EFG* و اینترفرون ها (*INFs*) فعال می شود (UniProtKB/Swiss-Prot: P40763).

نتیجه گیری کلی

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که ارتباط معنی داری بین چندشکلی (G4533815A/G-250A) SNP در ژنگاه *STAT5B* و سن اولین تخم گذاری وجود دارد، اما ارتباط معنی داری با سایر صفات مانند وزن تخم مرغ، شمار تخم مرغ و وزن بدن مشاهده نشد. از اصلی ترین دلیل تفاوت بین نتایج به دست آمده و سایر پژوهش ها را می توان به روش آماری استفاده شده و پتانسیل ژنتیکی متفاوت جمعیت ها اشاره نمود. شناسایی جهش های سودمند و مسیرهای ژنتیکی موثر بر صفات تولیدمثلی مانند سن اولین تخم گذاری مرغ ها می تواند برای انتخاب آلل مطلوب در جمعیت به منظور دستیابی به عملکرد بهینه مورد استفاده قرار گیرد. شناسایی ژن های کاندیدای موثر بر صفات اقتصادی می تواند در برنامه های به نژادی انتخاب به کمک نشانگر مورد

ژنگاه *STAT5B* و صفت سن اولین تخم گذاری در مرغ بومی بیجینگ یو چین گزارش شد که تایید کننده نتایج پژوهش حاضر است. علاوه بر این، در این جمعیت، ارتباط بین چندشکلی سایر SNP ها در این ژنگاه مانند G4533675C و C4535156T با صفات وزن بدن و سن نخستین تخم گذاری، معنی دار گزارش شد (Ou et al., 2009).

در پژوهش دیگری که روی مرغ های لگهورن سفید و رود آیلند انجام شد، بین چندشکلی ژنگاه *STAT5B* و صفات کیفی-کمی تولیدمثلی مانند وزن سفیده، وزن تخم مرغ، وزن پوسته و ضخامت پوسته، ارتباط معنی داری گزارش شد (Charoensook et al., 2016). واکاوی ژنتیکی ژنگاه *STAT5B* در مرغ بومی مازندران نشان داد که ارتباط معنی داری بین چندشکلی های (C4535156T) SNP و (G4533675C) SNP برای وزن یک هفتگی و وزن تخم مرغ در اولین تخم گذاری وجود دارد (Sadeghi et al., 2012). نتایج پژوهش حاضر و یافته های پیشین نشان می دهند که ژن *STAT5B* دارای ارتباط معنی داری با صفات تولیدمثلی مانند سن اولین تخم گذاری است. اطلاعات جدول های ۳ و ۴ نیز نشان می دهد که سن اولین تخم گذاری در ژنوتیپ AA (فرد غیر جهش یافته) نسبت به ژنوتیپ های GG (فرد دارای آلل جهش یافته) و AG (فرد هتروزیگوت) بالاتر است. بنابراین، با توجه به نقش ژن *STAT5B* در تکامل تخمدان ها و بلوغ جنسی مرغ (Ou et al., 2009)، استنباط این مطلب که افراد دارای این جهش، دارای سن اولین تخم گذاری کمتر و دارای سن بلوغ جنسی کمتری هستند، منطقی به نظر می رسد. در تایید نتایج به دست آمده، یافته ها نشان می دهند که مرغ های فاقد آلل جهش یافته، ارزش اصلاحی کمتری برای سن بلوغ، سن اولین تخم گذاری، وزن بدن در ۱۲ هفتگی و شمار تولید تخم مرغ دارند (Khan et al., 2024). بررسی شبکه برهمکنش پروتئین ها برای پروتئین *STAT5B* نشان داد که این پروتئین با مجموعه ای از پروتئین های سیستم ایمنی، تولیدمثلی و رشد در ارتباط است. از مهم ترین آنها می توان به ارتباط *STAT5B* با هورمون رشد (*GHR*)، گیرنده های آن مانند *EGFR* و *ERBB4*، پروتئین رشد سلولی و تکامل جنین (*SRC*) اشاره کرد. این نتایج با یافته های پیشین در مورد ارتباط ژن *STAT5B* و صفات رشد و تولیدمثلی در مرغ هم خوانی دارند (Zhao et al., 2012; Telphoni et al., 2018). علاوه بر این، یافته های موجود نشان می دهند که پروتئین های خانواده

استفاده قرار گیرد. قابل ذکر است که با بررسی ارتباط چندشکلی این ژن در سایر جمعیت‌ها با تعداد نمونه بیشتر و رکورد صفات تولیدی دیگر می‌توان تصویر روشن‌تری از اثر این ژن ارایه داد. همچنین، با انجام مطالعات پویش ژنومی می‌توان جهش‌های کلیدی دیگری را برای صفات مورد نظر شناسایی نمود و در برنامه‌های به‌نژادی برای پیشرفت ژنتیکی صفات تولیدی به‌کار گرفت.

جدول ۲- اطلاعات مربوط به شاخص‌های ژنتیک جمعیت برای ژنگاه *STAT5B*Table 2. Information of genetic population parameters for *STAT5B* locus

Frequencies					Heterozygosity		HW test	Parameter/Index			
A	G	AA	GA	GG	Expected	Observed	$\chi^2=37.41^{**}$ P < 0.01	Shannon	NA	EA	PIC
0.69	0.31	0.41	0.56	0.03	0.55	0.44		0.61	2	1.89	0.49

PIC: Polymorphism information content; NA: Number of alleles; EA: Effective alleles

جدول ۳- ارتباط ژنوتیپ‌های *STAT5B* با صفات تولیدی با استفاده از آزمون من-ویتنیTable 3. The association of *STAT5B* genotypes with production traits using Mann-Whitney test

Traits	Genotypes comparisons	W-value	P-value
AFE	GG/GA	354.50*	0.04
	AA/GG	191.50**	0.005
	GA/AA	24814	0.18
BW12	GA/GG	638	0.95
	GG/AA	486	0.89
	GA/AA	26058.50	0.70
EN	GG/GA	15441	0.77
	AA/GG	8476.50	0.34
	AA/GA	17855	0.10
EW84	GG/GA	752	0.36
	AA/GG	522	0.62
	GA/AA	20023	0.18

AFE: Age at first egg (day); BW12: Body weight at 12 weeks of age (g); EN: Egg number; EW84: Egg weight at 84 weeks of age (g). The outcomes of Mann-Whitney test showed that there is a significant association between *STAT5B* gene polymorphism and AFE trait. No significant associations were reported for the remaining traits. * Significant at $P<0.05$; ** Significant at $P<0.01$

جدول ۴- مقایسه میانه ژنوتیپ‌های ژنگاه *STAT5B* برای صفات مورد مطالعهTable 4. Median comparison of *STAT5B* genotypes for the studied traits

Genotypes / Traits	BW12 (g)	AFE (day)	EN84	EW84 (g)
AA	1000	150 ^b	45	48.90
AG	1020	147 ^b	48	48.10
GG	1060	142 ^a	49	49.85

AFE: Age at first egg (day); BW12: Body weight at 12 weeks of age (g); EN: Egg number; EW84: Egg weight at 84 weeks of age (g)

^{a-b} Different superscript letters within the same column indicate significant differences ($P<0.05$).

جدول ۵- میانگین رکوردهای فنوتیپی صفات برای ژنوتیپ‌های ژنگاه *STAT5B*Table 5. Mean of the phenotypic records of the traits for *STAT5B* locus

Genotypes / Traits	BW12 (g)	AFE (day)	EN	EW84 (g)
AA	1033.90 ± 130.66	150.34 ± 11.98	45.37 ± 10.28	49.11 ± 3.36
GA	1037.75 ± 136.73	149.14 ± 12.74	47.09 ± 11.36	48.36 ± 3.87
GG	1047.50 ± 204.78	145 ± 6.78	45.25 ± 10.05	42.75 ± 3.60

AFE: Age at first egg (day); BW12: Body weight at 12 weeks of age (g); EN: Egg number; EW84: Egg weight at 84 weeks of age (g)

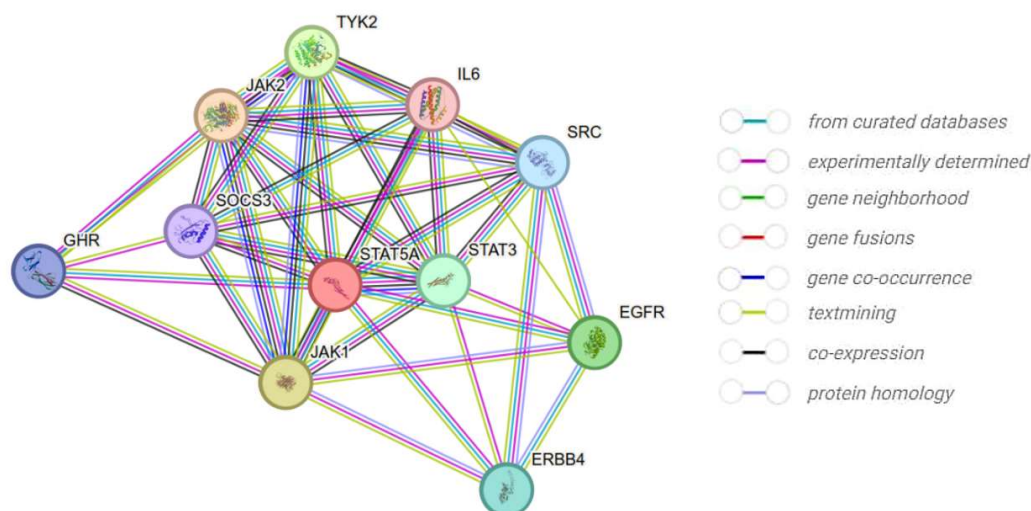


Fig. 3. Interaction network of *STAT5B* with other proteins in chicken

شکل ۳- شبکه برهمکنش پروتئین *STAT5B* با سایر پروتئین‌ها در مرغ

فهرست منابع

- Charoensook, R., Wichasit, N., Pechrkong, T., Incharoen, T., & Numthuam, S. (2016). *STAT5B* gene polymorphisms are associated with egg production and egg quality traits in laying hens. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 11, 847-853. doi: 10.3923/ajava.2016.847.853
- Cogburn, L. A., Wang, X., Carré, W., Rejto, L., Porter, T. E., Aggrey, S. E., & Simon, J. (2003). Systems-wide chicken DNA microarrays, gene expression profiling, and discovery of functional genes. *Poultry Science*, 82(6), 939-951. doi: 10.1093/ps/82.6.939
- Esfandiari, P., Dadpasand, M., Kharrati-Koopae, H., Atashi, H., Gharghi, A., & Niazi, A. (2020). Bioinformatics, phylogenetic and variant association analysis of *Ovocalycin-32* gene reveals its contribution to egg production traits in native chickens. *Animal Gene*, 17, 200108. doi: 10.1016/j.angen.2020.200108
- Gholipour, S., Ghavi Hossein-Zadeh, N., Shadparvar, A. A., & Darmani Kuhi, H. (2023). Genetic correlation estimates between direct and maternal genetic effects and estimates of the proportion of maternal permanent environmental variance to phenotypic variance for some important traits in Iranian fowls: A meta-analysis. *Journal of Poultry Sciences and Avian Diseases*, 1(1), 16-25. doi: 10.61838/kman.jpsad.1.1.2
- Jourshari, M. G., Shadparvar, A. A., Ghavi Hossein-Zadeh, N., Rafeie, F., Banabazi, M. H., & Johansson, A. (2023). Genome-wide association study on abdomen depth, head width, hip width, and withers height in native cattle of Guilan (*Bos indicus*). *PLoS ONE*, 18(8), e0289612. doi: 10.1371/journal.pone.0289612
- Hennighausen, L., & Robinson, G. W. (2008). Interpretation of cytokine signaling through the transcription factors *STAT5A* and *STAT5B*. *Genes & Development*, 22(6), 711-721. doi: 10.1101/gad.1643908
- Jamalpour, M., Dadpasand, M., Atashi, H., Niazi, A., Kharrati, H., & Hashemi, S. M. (2018). Bioinformatics and phylogenetic analysis for 5' UTR region of neuropeptide *NPY* gene and its association with body weight and egg production traits in Fars native chickens. *Iranian Journal of Animal Science*, 49(3), 453-458. doi: 10.22059/ijas.2018.262962.653652 [In Persian]
- Khan, K. I., Hazary, E. H., Miah, G., Das, A., Momin, M., Alvarez-Rodriguez, M., & Rodriguez-Martinez, H. (2024). Effects of *STAT5B* and *BMPR-1B* genes on growth and production traits in Red Jungle Fowl, Fayoumi, Hilly chickens, and their crossbreeds. *South African Journal of Animal Science*, 54(5), 660-672. doi: 10.4314/sajas.v54i5.12
- Kharrati-Koopae, H., Ebrahimie, E., Dadpasand, M., Niazi, A., & Esmailzadeh, A. (2019). Genomic analysis reveals variant association with high altitude adaptation in native chickens. *Scientific Reports*, 9(1), 9224. doi: 10.1155/2014/837421
- Kuhn, M., von Mering, C., Campillos, M., Jensen, L. J., & Bork, P. (2007). STITCH: interaction networks of chemicals and proteins. *Nucleic Acids Research*, 36(suppl_1), D684-D688. doi: 10.1093/nar/gkm795
- Miller, S. (1988). A simple salting-out procedure tissue for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16, 221. doi: 10.1093/nar/16.3.1215

- Moradian, H., Esmailizadeh, A. K., Sohrabi, S. S., Nasirifar, E., Askari, N., Mohammadabadi, M. R., & Baghizadeh, A. (2014). Genetic analysis of an F₂ intercross between two strains of Japanese quail provided evidence for quantitative trait loci affecting carcass composition and internal organs. *Molecular Biology Reports*, 41, 4455-4462. doi: 10.1007/s11033-014-3316-1
- Niknafs, S., Javaremi, A. N., & Sadeghi, M. (2014). Single nucleotide polymorphisms in BMPR-IB and *STAT5B* genes and their association with growth and reproductive traits in chicken. *Songklanakarin Journal of Science & Technology*, 36(2), 137-142.
- Ou, J. T., Tang, S. Q., Sun, D. X., & Zhang, Y. (2009). Polymorphisms of three neuroendocrine-correlated genes associated with growth and reproductive traits in the chicken. *Poultry Science*, 88(4), 722-727. doi: 10.3382/ps.2008-00497
- Pish Jang Aghajeri, J., Rahimi Mianji, G., Hafezian, S. H., & Gholizadeh, M. (2019). Identification of single nucleotide polymorphisms in IgL and IFN γ loci in some indigenous chickens. *Animal Production Research*, 8(1), 67-76. doi: 10.22124/ar.2019.10115.1301 [In Persian]
- Rostamzadeh Mahdabi, E., Esmailizadeh, A., Ayatollahi Mehrgardi, A., & Asadi Fozi, M. (2021). A genome-wide scan to identify signatures of selection in two Iranian indigenous chicken ecotypes. *Genetics Selection Evolution*, 53, 1-16. doi:10.1186/s12711-021-00664-9
- Sadeghi, M., Niknafs, S., Shahrababak, H. M., & Fatemi, S. A. (2012). Two SNP in *STAT5B* gene and their association with breeding value of growth and egg production traits in Mazandaran Indigenous chicken. *Livestock Science*, 147(1-3), 198-202. doi: 10.1016/j.livsci.2012.04.015.
- Talebi, R., Szmatoła, T., Mészáros, G., & Qanbari, S. (2020). Runs of homozygosity in modern chicken revealed by sequence data. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10(12), 4615-4623. doi:10.1534/g3.120.401860
- Telphoni, E., Alijani, S., Hasanpour, K., & Javanmard, A. (2018). Relationship between *STAT5B* candidate gene polymorphism with growth related traits and ascites index in commercial chicken line. *Research On Animal Production*, 9(20), 100-109. doi:10.29252/rap.9.20.100 [In Persian]
- Wang, M.-S., Thakur, M., Peng, M.-S., Jiang, Y., Frantz, L. A. F., Li, M., Zhang, J.-J., Wang, S., Peters, J., Otecko, N. O., Suwannapoom, C., Guo, X., Zheng, Z.-Q., Esmailizadeh, A., Hirimuthugoda, N. Y., Ashari, H., Suladari, S., Zein, M. S. A., Kusza, S., Sohrabi, S., Kharrati-Koopae, H., Shen, Q.-K., Zeng, L., Yang, M.-M., Wu, Y.-J., Yang, X.-Y., Lu, X.-M., Jia, X.-Z., Nie, Q.-H., Lamont, S. J., Lasagna, E., Ceccobelli, S., Gunwardana, H. G. T. N., Senasige, T. M., Feng, S.-H., Si, J.-F., Zhang, H., Jin, J.-Q., Li, M.-L., Liu, Y.-H., Chen, H.-M., Ma, C., Dai, S.-S., Bhuiyan, A. K. F. H., Khan, M. S., Silva, G. L. L. P., Le, T.-T., Mwai, O. A., Ibrahim, M. N. M., Supple, M., Shapiro, B., Hanotte, O., Zhang, G., Larson, G., Han, J.-L., Wu, D.-D., & Zhang, Y.-P. (2020). 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. *Cell research*, 30(8), 693-701. doi: 10.1038/s41422-020-0349-y
- Yang, L., Chen, S., Zhao, W., Zhang, G., Zhang, H., Zhang, T., Xue, L., Tian, J., Gu, Y., Li, L. and Wang, H. (2025). Genome-wide association analysis reveals genetic loci and candidate genes for white diarrhea in Jingyuan chickens. *Research in Veterinary Science*, 186, 105568. doi: 10.1016/j.rvsc.2025.105568
- Zhao, X. H., Wang, J. Y., Zhang, G. X., Wei, Y., Gu, Y. P., & 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*, 39, 4177-4183. doi: 10.1007/s11033-011-1202-7