

<https://doi.org/10.61308/MTIL7248>

Молекулярно-генетични подходи в птицевъдството

Радостина Стойкова-Григорова

Селскостопанска Академия, София, Институт по животновъдни науки–Костинброд

Кореспондиращ автор: rstoikova@abv.bg

Резюме: Птицевъдството е животновъден отрасъл обезпечаващ нуждата от яйца и месо с подчертани деликатесни качества. За да може да отговори на изискванията на потребителите е необходимо поддържането на високопродуктивни културни породи. С настоящия литературен обзор си поставихме за цел да проследим проучванията насочени към оценката на кандидат гени свързани с продуктивността при птици. Молекулярно-генетичните подходи, като Секвениране, Асоциативни проучвания на целия геном при големи групи, Микросателитни маркери, Real time PCR, PCR-RFLP дават възможност за разкриване на генетичните механизми, регулиращи процеси в организмите, отразяващи се върху желани продуктивни качества на селскостопанските птици. Месната и яйчната продуктивност са пряко зависими от редица генетични и негенетични фактори. Генетичните фактори включват широк набор от гени, контролиращи експресията на протеини, включени в различни биохимични процеси.

Ключови думи: Маркерно-асистирана селекция; ДНК анализ; продуктивност; птицевъдство

Molecular-genetic approaches in poultry breeding

Radostina Stoykova-Grigorova

Agriculture Academy, Sofia, Institute of Animal Sciences – Kostinbrod

Corresponding author: rstoikova@abv.bg

Citation: Stoykova-Grigorova, R. (2024). Molecular-genetic approaches in poultry breeding. *Bulgarian Journal of Animal Husbandry*, 61(4), 40-47 (Bg).

Abstract: Poultry farming is an animal breeding industry addressing the need for eggs and meat with prominent delicacy qualities. Modern, highly productive breeds need to be created and maintained in order to let this industry meet the consumers' demands. With the following literature overview we aimed to examine the studies evaluating the candidate genes that are related to birds' productivity. Molecular-genetic approaches such as sequencing, Genome Wide Association Studies, Microsatellite markers, Real time PCR, PCR-RFLP enable the discovery of the genetic mechanisms that regulate the processes in organisms, thus affecting the desired productive qualities of farm animals. Meat and egg productivity directly depend on a number of genetic and non-genetic factors. The genetic factors include a wide variety of genes that control the expression of proteins involved in various biochemical processes

Keywords: Marker-assisted selection; DNA analysis; poultry; farm's productivity

ВЪВЕДЕНИЕ

Птицевъдството е един от основните отрасли на животновъдството, със съществено стопанско значение (Babayi et al., 2014, Tavárez

and Santos, 2016). Според Saxena et al., (2009) в световен мащаб е на второ място, след свиневъдството, по отношение на приноса му за обезпечаване на нуждата от месо. Развива се в две основни направления – месодайно и яйце-

носно. Отглеждането на по-редките домашни птици като пуйки, патици, гъски обикновено е по-ограничено. Най-често птицевъдството е по-силно развито в зърнопроизводителните райони.

Факторите, които определят продуктивността на птиците условно могат да се разделят на генетични и негенетични. Към втората група се включват условията, в които се отглеждат животните. Създаването на комфортна и здравословна околна среда е от решаващо значение за постигане на оптимална производителност и увеличаване на икономическата ефективност на фермите (Mustafa and Ihsan, 2022). Размножителния процес при птиците оказва пряко влияние върху носливостта. В дивата природа птиците снасят толкова яйца, колкото могат да измътат. При високопродуктивните културни породи носачките снасят почти непрекъснато. Генетичните фактори включват широк набор от гени, контролиращи експресията на протеини, включени в различни биохимични процеси (Fouda et al., 2021, Zhang et al., 2008).

Селекцията основаваща се на фенотипните показатели, чрез класическите програми, при признаци с нисък коефициент на унаследяемост е труден и бавен процес. Молекулярните маркери и използването на ДНК методите, са възможност за определяне на алелните състояния на гените свързани с количеството и качеството на продуктивността на животните. С установяване на различните полиморфни вариации и тяхното фенотипно проявление могат да се натрупат бази данни за управление на генетичната реализация на икономически важни признаци (Deeb and Lamont, 2002, El-Shafaey et al., 2017, Fouda et al., 2021). Развитието на нови подходи като Асоциативните проучвания на целия геном при големи групи (т.нар. Genome Wide Association Studies – GWAS) дава възможност за разкриване на генетичните механизми, регулиращи биохимичните процеси в организмите, отразяващи се върху желани продуктивни качества на селскостопанските птици (Gao et al., 2022).

Според Fouda et al. (2021), Babayi et al. (2014) и Nicholson (1998) интензивната селекция в птицевъдството имаща за цел да повиши месната продуктивност несъмнено дава резултати, но и води до някои нежелани последици като здравословни проблеми, повишена честота на синдрома на внезапната смърт, имуносупресия и заболявания на краката на птиците. Авторите посочват, че са необходими целенасочени генетични проучвания и включване в селекционните програми на нови молекулярни подходи, които в съчетание с традиционните методи да дадат възможност за подобряване на производствените характеристики, но и едновременно с това запазване на здравето на птици.

С настоящия литературен обзор си поставихме за цел да проследим проучванията насочени към оценка на кандидат гени свързани с продуктивността при птици.

Гени свързани с месната продуктивност при птици

Поради ценните си хранителни свойства и подчертани диетични качества птичето месо придобива все по-голямо значение за човека. Това води до необходимост от увеличаване на месодайността на птиците (Windhorst, 2006). Живата маса, скоростта на растежа и на оперяването на младите птици, угоителната им способност, качеството на месото и храненето са част от негенетичните фактори, оказващи влияние върху месната продуктивност на птици. Редица изследвания доказват, че това е комплексен признак, характеризиращ се с два основни компонента - растеж и развитие на мускулната тъкан и физикохимичните и технологичните характеристики на месото, като тези количествени признаци са под полигенетичен контрол от множество гени (Sun et al., 2013, 2022). За по-добро разбиране на въздействието на генетичните фактори е от значение познаването на нормалните функции и развитието на скелетната мускулатура (Saxena et al. 2009, Urbanski et al., 2007).

Плейотропните ефекти на инсулиноподобните растежени фактори IGF-I и IGF-II

върху метаболизма, растежа и развитието са установени в редица изследвания (Fouda et al., 2021, McMurtry et al. 1997, Yokomine et al., 2001). IGF-I и IGF-II са два от генетичните маркери, определени като кандидат главни гени в птицевъдството (Al-Hassani et al., 2023, Babayi et al., 2014, Nurcahya et al., 2020.). Това са полипептиди с инсулиноподобна структура, които контролират растежа на пилетата. Гена на IGF е разположен на хромозома 5, и има два интрона и три екзона (Darling et al., 1996; Yokomine et al., 2001). Интроните и екзоните на IGF-II при птиците наподобяват тези при мишките и човека (Yokomine et al., 2001).

Al-Hassani et al. (2023) проучват полиморфизмите на кокошия инсулиноподобен растежен фактор 2 (IGF-II) при бройлери *Cobb 500* и *Hubbard F-15*. Взети са общо 300 кръвни проби. Чрез полимеразно-верижна реакция (PCR) са амплифицирани фрагменти от промоторния участък на гена с дължина 1146 bp. Рестрикционният анализ е проведен с ензима *HinfI*. Установени са и двата алела в локуса на гена T и C, със съответните честоти 73,3% и 26,7%. Наблюдавани са генотипове TT, TC и CC с честоти 59,1%, 28,4% и 12,5%, както и отклонение от закона на Харди-Вайнберг ($P \leq 0,01$). Статистическата обработка на данните е показала, че птиците с генотип TC имат по-голяма телесна маса на 8-седмична възраст в сравнение с тези с генотипове TT и CC. Този факт е дал възможност на авторите да направят заключение, че генът IGF-II проявява значителна степен на вариабилност и може да се разглежда като възможен генетичен маркер в програмите за селекция и развъждане на домашни птици.

Прилагайки същият подход Babayi et al. (2014) установяват слабо влияние на генетичния полиморфизъм в локуса на гена на IGF-I върху някои характеристики на месната продуктивност при бройлери.

Генетичното вариране и моделите на експресия на IGF-I гена са изследвани при 300-дневни пилета *Cobb*, *Avian* и *Ross* от Fouda et al. (2021). PCR-RFLP анализа, извършен чрез специфичната ендонуклеаза *PstI*, е

показал, че се среща само локус A и съответно генотип AA. Следователно локуса на гена е мономорфен и не може да се използва при Маркерно-асистирана селекция за месна продуктивност и в трите породи. За разкриване на експресионните модели на IGF-I гена е приложен Real time PCR анализ, като са събрани проби от черен дроб на 10 женски птици от всяка порода. В заключение е посочено, че промените в моделите на експресия на IGF-I могат да бъдат маркер за проследяване и подобряване на растежа на бройлерите.

Представените изследвания се потвърждават и от Abbasi et al. (2011) и Zhou et al. (2005), които чрез PCR-RLFP анализи намират достоверно влияние на полиморфни вариации в локуса на IGF1 гена върху месната продуктивност при птици.

Ahiagbe et al. (2023) посочват токачките, като важен местен вид домашни птици в Западна Африка. Чрез секвениране авторите идентифицират единични нуклеотидни полиморфизми (SNP) в локуса на IGF2 гена в три популации на местни токачки в северна Гана. Наблюденията полиморфизъм не е показал значим ефект върху тегловното развитие на птиците.

Гените на меланокортиновия-4 рецептор (MC4R) и калпаин 1 (CAPN1) също са част от групата на кандидат гените, които се проучват като маркери за месната продуктивност при птици. Според Molee et al. (2018) селекцията на бързо растящи птици оказва нежелани вредно влияние, като влошава качеството на месото. Авторите изследват генетичното вариране в локусите на гените, кодиращи IGF-I, IGF-II, MC4R и CAPN1 и ефекта, който оказва върху телесното тегло и качеството на месото при птици. Установено е, че гените IGF-II и CAPN1 могат да се използва като генетични маркери, както за ускорения растеж на птиците, така и за подобряване качеството на месото.

Генът на растежния хормон (cGH) е друг маркер включен в проучванията на някои автори (Anh et al., 2015). Обект на изследването са кръстоски между комерсиална порода (PS)

и бройлери от четири тайландски синтетични породи: *Kaen Thong (KT)*, *Khai Mook Esarn (KM)*, *Soi Nin (SN)* и *Soi Pet (SP)*. Авторите установяват, че генът *cGH* е свързан в значителна степен с телесното тегло при излюпване, на 4, 6, 8, 10-седмична възраст и със средния дневен прираст на възраст от 2 до 4, от 4 до 6, от 0 до 6, от 0 до 8 и от 0 до 10 седмици в кръстоската *PS*×*KM*. За *PS* × *KT* кръстоската *cGH* генът е показал значителна връзка с телесното тегло при излюпване и средния дневен прираст от 8 до 10 седмична възраст. *IGF-I* генният полиморфизъм е имал значимо влияние върху телесното тегло при излюпване, на 2, 4 и 6-седмична възраст и средния дневен прираст от 0 до 2, от 4 до 6 и от 0 до 6 седмици, във всичките тайландски бройлерни популации. Заключение е, че генът на *cGH* може да се използва като кандидат-ген за подобряване на растежните характеристики на тайландските бройлери породи.

След секвениране на 6695 независими SNP маркера, разпределени във всички автозомии Sun et al. (2013) намират, че 33 от тях са свързани с определени качествени характеристики на месото. Направен е анализ на експресията на 17 гена, които са локализирани и се унаследяват свързано с посочените 33 SNP. От тях 14 са определени като възможни кандидат гени за месната продуктивност при птици.

Върху качеството на месото влияят редица показатели, като цвят, крехкост, интрамускулно съдържание на мазнини и други (Sun et al., 2022). Цветът е индекс не само за външния вид, но и проява на физиологичните, биохимични и микробиологични промени в мускулните тъкани. Sun et al. (2022) си поставят за цел да установят кандидат-гени, свързани с цвета на месото при птици. Изследвани са две породи – бързо и бавно растящи, които имат значителни разлики в посочения показател. С помощта на комплексен молекулярен подход, включващ анализи като секвениране на целия геном, РНК секвениране, Real time PCR и сравнение на резултатите с бази данни, авторите откриват 16 генетични маркера, които регулират цвета на месото в пилешки гърди.

Направено е заключение, че това проучване е основа за по-нататъшното изясняване на молекулярните механизми и разработването на молекулярни маркери за улесняване на избора на цвят на пилешкото месо.

Гени свързани с яйчната продуктивност и репродуктивните качества при птици

Яйчната продуктивност е от съществено икономическо значение за всяка птицеферма (Wolc et al., 2014). При определянето ѝ се имат предвид редица характеристики като брой на снесените яйца, телесно тегло при първо снасяне, тегло на яйцата, дебелина и здравина на черупката, единица Naugh и др. Негенетичните фактори влияещи върху носливостта са вида на птиците, породната принадлежност, сезона, храненето, заболявания и други (Mustafa and Ihsan, 2022).

Demir et al. (2020) публикуват изследване, насочено към определяне на полиморфизми в 11 кандидат гени (*OCX32-exon4*, *OCX32-exon2*, *GHR-intron2*, *GHR-intron5*, *DRD1*, *DRD2*, *VIP-501*, *VIP-I2*, *VIPR-1*, *VIPR-2* и *MR1C*), които са свързани с добива и качеството на яйцата. С помощта на PCR-RFLP анализ са генотипирани 192 пилета, отглеждани в Института за изследване на птиците в Анкара. Установено е, че полиморфизмите в гените *GHR-intron2*, *GHR-intron5*, *DRD2* и *MR1C* имат статистически достоверен ефект за повишаване на добива и качеството на яйцата, което ги прави подходящи за включване, като маркери за Асистирана селекция в птицевъдството.

Достоверен ефект на полиморфното вариране в локусите на три гена върху яйчната продуктивност наблюдават и Promket et al. (2023). Чрез PCR-RFLP анализ, авторите изследват локусите на гените на невропептида Y (*NPY*), допаминовия рецептор D2 (*DRD2*) и вазоактивния интестинален пептид (*VIP*) при 300 носачки от тайландски местни породи.

PCR-RFLP анализ Ogunpaimo et al. (2021) проучват връзката между генното вариране в локуса на инсулиноподобния растежен фактор 1 (*IGF1*) и репродуктивните характерис-

тики на кокошки от три породи. Избрани са общо 250 здрави кокошки, като кръвната проба е взета на 34 седмична възраст. Проведен е PCR-RFLP анализ чрез рестрикционен ензим *Hinf*I. Идентифицирани са два алела А и С (с честота 58% и 42%) и три генотипа АА, АС и СС, съответно с честоти 22%, 43% и 35%. Установена е статистически достоверна връзка между полиморфизма на гена *IGF1* и възрастта на птиците при първо снасяне и тегло им при първо мътене. Животните с генотип СС са с по-добри репродуктивните характеристики от тези с другите два генотипа. В резултат на това авторите правят предположение, че този генотип може да се използва като генетичен маркер за подобряване производителност при птиците.

PCR-RFLP анализ е приложен и в проучването на Bal et al. (2019). Авторите изследват генетичното вариране в локусите на три кандидат гена (рецептор на растежния хормон (GHR), инсулиноподобен растеж фактор 1 (IGF-1) и пролактина (PRL)) и връзката му с яйчната продуктивност при птици. В локусите на GHR и IGF-1 е наблюдаван полиморфизъм, докато локуса на PRL е бил мономорфен. Установена е връзка между някои от генотиповете и търсените продуктивни качества.

Прави впечатление, че в цитираните резултати относно генетичния полиморфизъм в локуса на гена на IGF-I, той е определен като мономорфен от Fouda et al. (2021), но според други автори е полиморфен (Abbasi et al., 2011; Babayi et al., 2014; Bal et al., 2019; Ogunpraimo et al., 2021; Zhou et al., 2005). Различните ендонуклеази използвани от изследователите не могат да се определят като фактор за обяснение на този факт, тъй като ензима *Pst*I приложен от Fouda et al. (2021) е част от методиката в проучванията на Abbasi et al. (2011) и Bal et al. (2019). Най-вероятна причина за наличието или отсъствието на генетично вариране, в локуса на гена на IGF-I, е породата и насоката на селекцията водена във различните ферми.

Gao et al. (2022) търсят молекулярни маркери и кандидат-гени, свързани с производство-

то и качеството на яйцата, като телесно тегло при първо снасяне, брой на яйцата снесени за 500 дни, тегло на яйцата, дебелина и здравина на черупката, единица *Naugh*. Направено е секвениране на целия геном и Асоциативно проучване на целия геном (GWAS анализ) на 266 птици *LingKun*. Резултатите са показвали, че тридесет и седем единични нуклеотидни полиморфизма (SNPs) оказват влияние върху всички показатели. Тези SNP са разположени в непосредствена близост до тринадесетте кандидат-гена, свързани с качеството на яйцата. Интересен факт е, че един от гените, участващи в образуването на костите (*SLIT3*), е идентифициран като кандидат ген за здравина на черупката на яйцето. Авторите подчертават, че са необходими още проучвания за изясняване на връзката между посочените маркери и продуктивността при птиците. Информацията от представените анализи дава възможност за определяне на посоката на бъдещите изследвания.

Горепосочените два молекулярни подхода са използвани и от Fu et al. (2023). Анализите са разкрили достоверно влияние на двадесет и седем SNP, върху броя на снесените яйца, разположени в 0.57 Mb област на гена *GGA10* и групирани в пет региона. Намерени са и три кандидат гена *NEO1*, *ADPGK* и *CYP11A1* свързани с посочения признак, докато гените *S1PR4*, *LDB2* и *GRM8* са свързани с теглото на яйцата.

В две последователни проучвания екип китайски изследователи (Liu et al., 2018b, 2019) прилагат GWAS анализ при местни породи. Целта е да се намерят нови генетични маркери свързани с яйчна продуктивност. Liu et al. (2018b) доказват, че гените *GTF2A1* и *CLSPN* оказват влияние на функцията на яйчниците и матката. Продължавайки анализа при 1078 Rhode Island Red кокошки Liu et al. (2019) установяват, че регионът от 117,87–118,36 Mb на *GGA1* гена повлиява броя снесени яйца при кокошки между 37–72 седмична възраст.

Lei et al. (2024) и Yang et al (2024) също потвърждават, че GWAS анализ е подходящ подход за идентифициране на полиморфно

вариране и кандидат-гени свързани с яйчната продуктивност при птици.

Здравината на черупката е от значение за качеството на яйчната продуктивност, тъй като яйцата с тънка обвивка се развалят по-бързо и са много крехки. В края на яйценовия период този показател се влошава, тъй като количеството калциев карбонат в черупката се запазва, а теглото им се увеличава. Този факт оказва неблагоприятно влияние във всяка птицеферма (Liu et al., 2018a). При задълбочено проучване, в търсенето на кандидат гени за здравина на черупката, посочените автори постигат теоретични резултати, които дават ценна информация за разгадаване на механизмите за регулация на яйчната продуктивност и са добра база за бъдещи проучвания.

Възрастта, на която настъпва полова зрялост също е фактор, влияещ върху яйчна продуктивност. El-Tahawy and Abdel-Rahman (2020) определят генетичното вариране в локусите на три гена на пролактина, 3-хидрокси-3-метилглутарил-коензим А редуктазата (HMGCR) и на гонадотропин-освобождаващия хормон (GNRHR). Генотипирани са три породи Lohmann Brown (n=17), Sinai (n=24) и Gimmizah (n=7). Установен е полиморфизъм и е направено предположение за евентуалната му връзка с наблюдаваното по-бързото съзряване при породата Lohmann Brown. Според авторите тази връзка би се доказала по-категорично чрез Real time PCR.

Nabashy and Adomako (2023) изследват експресията на гена на фактора на диференциация на растежа 9 (GDF9), с цел по-добро разбиране генетичната основа на носливостта. При една от трите проучени породи Lohman Brown, резултатите са показали, че има пряка връзка между броя на снесените яйца, тяхното качество и нивото на експресия на GDF9. Освен това, Lohman Brown са с по-добри продуктивни характеристики и могат да се използват при кръстосване за подобряване на продуктивността.

Анализа на експресията на два гена - апо-липопротеинът В (apoB) и 5-аминоимидазол

- 4 - карбоксамид рибонуклеотид формил-трансфераза / IMP циклохидролаза (PURH), е показал значително по-високи нива в черния дроб на птици с висока яйчната продуктивност от местни Тайвански породи (Ding et al., 2008). В заключение е посочено, че не е известно дали промените в експресията на тези гени е пряко свързана с производството на яйца, но те могат да бъдат полезни маркери за повишаване на производителността при кокошки носачки.

ИЗВОДИ

Натрупването на познания за генетичната основа на количествени и качествени параметри на продуктивността чрез методи базирани се на съвременни молекулярни техники, чието предимство се изразява в ранна оценка и максимална точност на очаквано фенотипно вариране, може да бъде от полза на Развъдните организации в тяхната дейност. Идентифицирането на генетични маркери дава възможност за провеждане на целенасочена селекция за отстраняване от развъдните програми на носители на гени с неблагоприятно влияние върху признаци, свързани с определени продуктивните качества.

ЛИТЕРАТУРА

- Abbasi, H. A. & Kazemi, M. (2011). Detection of polymorphism of the insulin-like growth factor-I (IGF-I) gene in Mazandaran native chicken using PCR-RFLP method. *African Journal of Biotechnology*, 10(61), 13351-13354.
- Ahiagbe, K. M. J., Adenyo, C., Inoue-Murayama, M., Amuzu-Aweh, E. N., Bonney, P. & Kayang, B. B. (2023). Single Nucleotide Polymorphisms in Insulin-like Growth Factor 2 (IGF2) gene and their associations with body weight and growth rate traits in indigenous guinea fowls (*Numida meleagris*) of northern Ghana. *Animal Gene.*, 27, 200139.
- Al-Hassani, A. S., Al-Hassani, D. H. & Abdul-Hassan, I. A. (2023). PCR-RFLP Analysis of Insulin-Like Growth Factor 2 Gene Polymorphisms in Two Commercial Broiler Chicken Strains (Cobb 500 and Hub-

- bard F-15) and Their Associations with Performance Traits. *Archives of Razi Institute*, 78(3), 1153-1157.
- Anh, N. T. L., Kunhareang, S. & Duangjinda, M.** (2015). Association of chicken growth hormones and insulin-like growth factor gene polymorphisms with growth performance and carcass traits in thai broilers. *Asian Australas. J. Anim.*, 28(12), 1686-1695.
- Babayi, M. S., Seyedabadi, H., Gorbani, A. & Zarghami, N.** (2014). IGF-I Gene Polymorphism and its Associations with Some Growth traits in West-Azerbaijan Native chicken using PCR-RFLP Techniques. *Bull. Env. Pharmacol. Life Sci.*, 3(6), 29-32.
- Bal, G. R., Vishesh, K. S., Usha, R. & Mahendra, C. K.** (2019). PCR-RFLP Study of Candidate Genes for Egg Production in Layer Chicken. *Arch Anim Poult Sci.*, 1(3), 555-563.
- Darling, D. C. & Brickell, P. M.** (1996). Nucleotide sequence and genomic structure of the chicken insulin-like growth factorII (IGF-II) coding region. *Gen Comp Endocrinol.*, 102(3), 283-287.
- Deeb, N. & Lamont, S. J.** (2002). Genetic Architecture of Growth and Body Composition in Unique Chicken Populations. *J. Heredity*, 93(2), 107-118.
- Demir, E., Karsh, T., Fidan, H. G., Argun, Karsh, B., Aslan, M., Aktan, S., Kamanlı, S., Karabağ, K., Şahin, Semerci, E. & Balcıoğlu, M. S.** (2020). Polymorphisms in some candidate genes associated with egg yield and quality in five different white layer pure lines. *Kafkas Univ Vet Fak Derg.*, 26(6), 735-741.
- Ding, Y. H., Ko, B. R., Ou, P. H., Wang, C. L., Chen, M. C., Huang, Y. P., Lee, E. C., Lin, S. T., Chen, C. F., Lin, H. W. & Cheng, W. T. K.** (2008). The expression of genes related to egg production in the liver of taiwan country chickens. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 21(1), 19-24.
- El-Shafaey, E.-S., Ateya, A., Ramadan, H., Saleh, R., Elseady, Y., Abo, E., Fadl, El. & El-Khodery, S.** (2017). Single Nucleotide Polymorphisms in IL8 and TLR4 Genes as Candidates for Digital Dermatitis Resistance/Susceptibility in Holstein Cattle. *Animal Biotechnology*, 28(2), 131-137.
- El-Tahawy, W. S. & Abdel-Rahman, M. M.** (2020). Molecular Breeding of Three Genes Associated with Egg Production Traits in Three Strains of Chickens. *J. World Poult. Res.*, 10(4), 605-614.
- Fouda, M., Ateya, A., Araby, I. E. L. & Elzeer, A.** (2021). Genetic polymorphisms and expression pattern of Igfl gene in commercial broiler strains. *Journal of Animal & Plant Sciences*, 31(6), 1542-1547.
- Fu, M., Wu, Y., Shen, J., Pan, A., Zhang, H., Sun, J., Liang, Z., Huang, T., Du, J. & Pi, J.** (2023). Genome-Wide Association Study of Egg Production Traits in Shuanglian Chickens Using Whole Genome Sequencing. *Genes*, 14, 2129.
- Gao, J., Xu, W., Zeng, T., Tian, Y., Wu, C., Liu, S., Zhao, Y., Zhou, S., Lin, X., Cao, H. & Lu, L.** (2022). Genome-Wide Association Study of Egg-Laying Traits and Egg Quality in LingKun Chickens. *Front. Vet. Sci.*, 9, 877739.
- Habashy, W. S. & Adomako K.** (2023). The relationship between egg production, reproductive hormones, and the GDF9 gene in three different chicken strains. *Animal Gene*, 27, 200147.
- Lei, Q., Zhang, S., Wang, J., Qi, C., Liu, J., Cao, D., Li, F., Han, H., Liu, W., Li, D., Tang, C. & Zhou, Y.** (2024). Genome-wide association studies of egg production traits by whole genome sequencing of Laiwu Black chicken. *Poultry Science*, 103, 103705.
- Liu, Z., Sun, C., Yan, Y., Li, G., Shi, F., Wu, G., Liu, A. & Yang, N.** (2018a). Genetic variations for egg quality of chickens at late laying period revealed by genome-wide association study. *Scientific Reports*, 8, 10832.
- Liu, Z., Sun, C., Yan, Y., Li, G., Wu, G., Liu, A. & Yang, N.** (2018). Genome-wide association analysis of age-dependent egg weights in chickens. *Frontiers in genetics*, 9, 128.
- Liu, Z., Yang, N., Yan, Y., Li, G., Liu, A., Wu, G. & Sun, C.** (2019). Genome-wide association analysis of egg production performance in chickens across the whole laying period. *BMC genetics*, 20, 1-9.
- McMurtry, J. P., Francis, G. L. & Upton Z.** (1997). Insulin-like growth factors in poultry. *Domest Anim Endocrinol*, 14(4), 199-229.
- Molee, A., Kuadsantia, P. & Kaewnakian, P.** (2018). Gene Effects on Body Weight, Carcass Yield, and Meat Quality of Thai Indigenous Chicken. *Journal of Poultry Science*, 55, 94-102.
- Mustafa, A. A. & Ihsan, T. T.** (2022). Improving eggs production and quality for layer by Stocking density and medicinal plants Iraqi. *Journal of Agricultural Sciences*, 53(6), 1270-1279.
- Nicholson, D.** (1998). Research: Is it the broiler industry's partner into the new millennium World's. *Poultry Science J.*, 54(3), 271-278.
- Nurcahya, H., Sinaga, E., Darwati, S. & Khaerunissa, I.** (2020). Relationship between of Insuline Like growth Factor-2 Gene and Growth Traits in Crosses of Indonesian Local Chicken. *Journal of Physics: Conference Series*, 1665, 012015.
- Ogunpaimo, O. J., Ojoawo, H. T., Wheto, M. Y., Adebambo, A. O. & Adebambo, O. A.** (2021). Association of insulin-like growth factor 1 (IGF1) gene polymorphism with the reproductive performance of three dual-purpose chicken breeds. *Transl. Anim. Sci.*, 5, 1-7.
- Promket, D., Pengmeesri, K., Kammongkun, J. & Somchan, T.** (2023). Polymorphism of the candidate

- genes and their association with egg production traits in Thai native chickens. *Adv. Anim. Vet. Sci.*, 11(4), 630-636.
- Saxena, V. K., Sachdev, A. K., Gopal, R. & Pramod, A. B.** (2009). Roles of important candidate genes on broiler meat quality. *World's Poultry Science Journal*, 65, 37-50.
- Sun, J., Tan, X., Yang, X., Bai, L., Kong, F., Zhao, G., Wen, J. & Liu, R.** (2022). Identification of candidate genes for meat color of chicken by combing selection signature analyses and differentially expressed genes. *Genes*, 13, 307.
- Sun, Y., Zhao, G., Liu, R., Zheng, M., Hu, Y., Wu, D., Zhang, L., Li, P. & Wen, J.** (2013). The identification of 14 new genes for meat quality traits in chicken using a genome-wide association study. *BMC Genomics*, 14, 458.
- Tavárez, M. A. & Santos, F. S. D. L.** (2016). Impact of genetics and breeding on broiler production performance: a look into the past, present, and future of the industry. *Animal Frontiers*, 6(4), 37-41.
- Elminowska-Wenda, G., Pierzchała, K. W., Bogucka, J. & Wszyńska-Koko, J. K.** (2007). A relationship between the polymorphism in the coding and 5' regions of the porcine MyoD genes and microstructure traits of longissimus lumborum muscle. *Animal Science Papers and Reports*, 25(4), 249-258.
- Wolc, A., Arango, J., Jankowski, T., Dunn, I., Settar, P., Fulton, J. E., O'Sullivan, N. P., Preisinger, R., Fernando, R. L., Garrick, D. J. & Dekkers, J. C. M.** (2014). Genome-wide association study for egg production and quality in layer chickens. *Journal of animal breeding and genetics*, 131, 173-182.
- Yang, S., Ning, C., Yang, C., Li, W., Zhang, Q., Wang, D. & Tang, H.** (2024). Identify Candidate Genes Associated with the Weight and Egg Quality Traits in Wenshui Green Shell-Laying Chickens by the Copy Number Variation-Based Genome-Wide Association Study. *Vet. Sci.*, 11, 76.
- Yokomine, T., Kuroiwa, A., Tanaka, K., Tsudzuki, M., Matsuda, Y. & Sasaki, H.** (2001). Sequence polymorphisms, allelic expression status and chromosome locations of the chicken IGF2 and MPR1 genes. *Cytogenet Cell Genet.*, 93(1-2), 109-113.
- Zhang, C., Zhang, W., Luo, H., Yue, W., Gao, M. & Jia, Z.** (2008). A New Single Nucleotide Polymorphism in the IGF-I Gene and Its Association with Growth Traits in the Nanjiang Huang Goat. *Asian-Australasian J. Anim. Sciences*, 21(8), 1073-1079.
- Zhou, H., Mitchell, D. A., McMurtry, J. P., Ashwell, C. M. & Lamont, S. J.** (2005). Insulin-Like Growth Factor-I Gene Polymorphism Associations with Growth, Body Composition, Skeleton Integrity, and Metabolic Traits in Chickens. *Poultry Science*, 84, 212-219.

Received: July, 02, 2024; Approved: July, 29, 2024; Published: August, 2024