



## تولیات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

صفحه‌های ۹۹-۸۹

# نقشه‌یابی ریزماهوره‌ای جایگاه صفات کمی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی

حسن مرادیان<sup>۱\*</sup>، علی اسمعیلی‌زاده کشکوئیه<sup>۲</sup>، محمدرضا محمدآبادی<sup>۲</sup>

۱. کارشناس ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۲/۱۲/۰۳

تاریخ وصول مقاله: ۱۳۹۲/۰۸/۰۱

### چکیده

هدف از انجام پژوهش حاضر، شناسایی جایگاه صفات کمی (QTL) مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم یک در جمعیت  $F_7$  بلدرچین ژاپنی بود. بدین منظور، جمعیتی سه‌نسلی از آمیزش متقابل دوسویه سفید (تخم‌گذار) و وحشی (گوشتی) بلدرچین ژاپنی ایجاد شد. هشت جفت بلدرچین سفید و وحشی آمیزش داده شد و تعداد ۳۴ پرنده  $F_1$  تولید شد. از تلاقی پرندگان  $F_1$  تعداد ۴۲۲ پرنده  $F_7$  تولید شد. رکوردهای فنوتیپی وزن اجزای متفاوت لاشه پرندگان نسل  $F_7$  ثبت شدند. ژنوتیپ همه پرندگان هر سه نسل (۴۷۲) برای هشت نشانگر ریزماهوره موجود روی کروموزوم شماره یک تعیین شد. آنالیز QTL به روش مکان‌یابی درون‌فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون انجام گردید. پس از آنالیز، QTL‌های معنی‌داری برای صفات وزن سینه، وزن لاشه، وزن سر، و درصد سینه شناسایی شد. نتایج نشان داد که یک QTL معنی‌دار با اثر ایمپریتینگ روی کروموزوم شماره یک وجود دارد که بر وزن سینه به‌عنوان قطعه‌ای با ارزش اقتصادی مؤثر است. واریانس QTL برآوردشده در پژوهش حاضر برای QTL‌های با اثرهای افزایشی، غلبه، و ایمپریتینگ به‌ترتیب در محدوده ۱/۸-۲/۳، ۱/۲-۲/۲، و ۰/۵-۲/۲ درصد بود.

کلیدواژه‌ها: بلدرچین ژاپنی، صفات لاشه، طرح  $F_7$ ، نشانگرهای ریزماهوره، نقشه‌یابی QTL.

## مقدمه

استفاده از روش‌های مبتنی بر تئوری ژنتیک کمی به‌عنوان روشی رایج برای اصلاح نژاد دام در دهه‌های اخیر، سهم زیادی در بهبود عملکرد بسیاری از صفات مهم اقتصادی (نظیر صفات رشد) داشته است، ولی برخی از صفات نظیر صفات لاشه، روی حیوان زنده قابل اندازه‌گیری نیست که این عاملی محدودکننده در بهبود ژنتیکی این صفات با روش‌های رایج محسوب می‌شود (۲۲). ظهور فناوری نشانگرهای مولکولی و پیشرفت آن در سال‌های اخیر ابزار قدرتمندی را برای متخصصان اصلاح نژاد به‌وجود آورده است. با استفاده از این نشانگرها می‌توان صفات پلی‌ژنتیکی را که آنالیز آن‌ها با روش‌های کلاسیک اصلاح دام مشکل است، به‌صورت مستقیم بررسی و ژن‌های این صفات را مکان‌یابی کرد (۳). مکان‌یابی جایگاه صفات کمی (QTL) روشی مستقیم برای انتخاب ژن‌های مطلوب به دلیل ارتباط آن‌ها با نشانگرهای مولکولی است. تشخیص و تعیین ژن‌های کنترل‌کننده این صفات هم سبب افزایش اطلاعات علمی در زمینه ژن‌ها می‌شود، هم برنامه‌های اصلاح نژادی را از طریق انتخاب بر پایه نشانگر کارآمدتر می‌کند (۱۵).

در چند سال گذشته، محققان به نشانگرهای ریزماهوره توجه زیادی کرده‌اند. استفاده از این نشانگرهای مبتنی بر DNA در تهیه نقشه‌های ژنومی اهمیت بسیاری دارد (۲۴). این نقشه‌های ریزماهوره‌ای با توالی‌های تکراری متنوع دارای خصوصیات نظیر پوشش کل ژنوم، چندشکلی زیاد، تنوع زیاد، و کاربرد آسان هستند و از آن‌ها در مطالعات ژنتیکی تکامل و تنوع ژنوم حیوانات استفاده می‌شود. با توجه به تهیه نقشه‌های پیوستگی این نشانگرها در گونه‌های متفاوت مطالعات بسیاری در زمینه مکان‌یابی ژن‌ها و QTLها بر مبنای این نشانگرها انجام شده است (۱۹ و ۲۱). بیشترین تعداد نشانگرهای ریزماهوره‌ای در بین گونه‌های پرندگان، در مرغ شناسایی شده است. حدود

۸۰۰ نشانگر ریزماهوره‌ای در ژنوم مرغ شناسایی شده است (۸). در سال‌های اخیر تلاش‌هایی برای ایجاد نقشه پیوستگی با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره در بلدرچین صورت گرفته است (۱۳).

مطالعات بسیار زیادی در زمینه نقشه‌یابی QTLهای مرتبط با صفات گوناگون اقتصادی همچون رشد و لاشه، روی مرغ انجام شده است و QTLهای بسیاری برای صفات متفاوت گزارش شده است (۲، ۱۱، ۱۶ و ۱۸). در سال‌های اخیر نیز چندین مطالعه در زمینه نقشه‌یابی ژنتیکی صفات گوناگون در بلدرچین صورت گرفته است. در تحقیقی که روی جمعیتی از بلدرچین ژاپنی انجام گرفت، QTLهایی برای وزن بدن در سن سه، چهار، پنج، و شش‌هفتگی روی کروموزوم شماره یک گزارش شد (۷). در مطالعه دیگر، روی یک جمعیت  $F_2$  بلدرچین ژاپنی، QTLهای گوناگونی برای وزن بدن در زمان تفریح و صفات رشد روی کروموزوم شماره یک مکان‌یابی شد (۲۰).

هدف از انجام پژوهش حاضر، شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره یک در یک جمعیت  $F_2$  بلدرچین ژاپنی بود.

## مواد و روش‌ها

تعداد هشت جفت پرندۀ از سویه سفید (S) یا تخم‌گذار و هشت جفت پرندۀ از سویه وحشی (W) یا گوشتی به‌عنوان نسل والد (P) انتخاب و نسل اول ( $F_1$ ) از تلاقی دوطرفه بین آن‌ها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) ایجاد شد. در تولید این نسل، هر پرندۀ نر در نسل P با یک پرندۀ ماده آمیزش داده شد. تعداد ۳۴ پرندۀ از بین پرندگان نسل  $F_1$  (شامل ۱۷ نتاج تلاقی نر سفید × ماده وحشی (SW) و ۱۷ نتاج تلاقی نر وحشی × ماده سفید (WS)) برای تولید نسل دوم ( $F_2$ ) انتخاب شدند. هر پرندۀ نر با سه پرندۀ ماده

## تولیدات دامی

نقشه‌یابی ریزماهوره‌ای جایگاه صفات کمی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی

دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد) و سپس ۳۰ چرخه شامل مراحل واسرشته‌سازی (۳۰ ثانیه با دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد)، اتصال آغازگر به رشته الگو (۳۰ ثانیه با دمای بهینه هر آغازگر)، بسط با پلیمراز (۴۵ ثانیه با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد)، و در پایان مرحله بسط نهایی (پنج دقیقه با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد) (۲۵). برای تفکیک باندهای مربوطه و مشخص شدن آلل‌ها، محصولات واکنش PCR روی ژل پلی‌اکریل آمید هشت درصد بارگذاری شد. برای آشکارسازی باندها از روش رنگ‌آمیزی نیترات نقره استفاده گردید (۳).

آنالیز داده‌های فنوتیپی با استفاده از مدل ۱ و با نرم‌افزار ASRmel انجام شد.

(رابطه ۱)

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta k(X_k - \bar{X}) + e_{ijk}$$

برای برآورد تأثیرات افزایشی، غلبه، و ایمپرینتینگ

QTL از مدل‌های آماری ۲-۴ استفاده شد:

(رابطه ۲)

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta k(X_k - \bar{X}) + aPak + e_{ijk}$$

(رابطه ۳)

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta k(X_k - \bar{X}) + aPak$$

$$+ dPdk + e_{ijk}$$

(رابطه ۴)

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta k(X_k - \bar{X}) + aPak +$$

$$dPdk + ipik + e_{ijk}$$

به‌صورت چرخشی آمیزش داده شد. یعنی هر سه روز یک بار هر پرنده نر با یکی از پرندگان ماده آمیزش داده شد. از آمیزش نرهای SW با ماده‌های WS، ۱۵۳، پرنده F<sub>۲</sub> (SWWS)، از آمیزش نرهای WS با ماده‌های SW، ۲۳۰ پرنده F<sub>۲</sub> (WSSW)، و از آمیزش ماده‌های WS و نرهای WS، ۳۹ پرنده F<sub>۲</sub> (WSWS) طی پنج نوبت جوجه‌کشی متوالی تولید شدند (جدول ۱). برای رکوردگیری فنوتیپی از پرندگان نسل F<sub>۲</sub>، این پرندگان در ۳۵ روزگی که به بلوغ جنسی رسیده بودند و وزن آن‌ها مناسب بود کشتار شدند. خصوصیات صفات لاشه با ترازویی با دقت ۰/۰۱ گرم اندازه‌گیری شد.

در هنگام کشتار از تمامی پرندگان خون‌گیری شد. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل با روش استخراج نمکی انجام گرفت (۱۷). ژنوتیپ پرندگان هر سه نسل (تعداد ۴۷۲ پرنده) برای هشت نشانگر ریزماهوره روی کروموزوم یک تعیین شد (جدول ۲). نشانگرهای ریزماهوره با واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) تکثیر یافتند. واکنش PCR در حجم کلی ۲۵ میکرولیتر شامل دو میکرولیتر DNA، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR، یک میکرولیتر MgCl<sub>۲</sub>، ۰/۵ میکرولیتر dNTP، یک میکرولیتر پرایمر رفت (۰/۲۵ میکرومول)، یک میکرولیتر پرایمر برگشت (۰/۲۵ میکرومول)، ۱۶/۵ میکرولیتر آب استریل، و ۰/۳ میکرولیتر آنزیم تک‌پلیمرز (یک واحد) به‌ازای هر نمونه تحت شرایط زیر انجام شد: واسرشته‌سازی ابتدایی (پنج دقیقه با

جدول ۱. ساختار جمعیت و تعداد پرندگان استفاده‌شده در این پژوهش به تفکیک جنس

مشاهده	کل	ماده	نر	نسل
تعیین ژنوتیپ	۱۶	۸	۸	P
تعیین ژنوتیپ	۳۴	۲۵	۹	F <sub>۱</sub>
تعیین فنوتیپ و ژنوتیپ	۴۲۲	۱۷۶	۲۴۶	F <sub>۲</sub>

## تولیدات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

جدول ۲. مشخصات کلی نشانگرهای ریزمهاواره مطالعه شده در این تحقیق

دما <sup>۳</sup>	دامنه اندازه آلی (bp) <sup>۲</sup>	برگشت	توالی آغازگر	رفتن	موقعیت <sup>۱</sup> (cM)	نشانگر	شماره
۵۵	۱۵۹-۱۸۳	5'-GCATACTGCAATATACCTGA-3'	5'-TTGACATACTTGGATTAGAGA-3'		۰	GUJ0055	۱
۴۳	۹۶-۱۰۸	5'-AAACTACCGATGTAAGTAAG-3'	5'-ATGAGATATATAAGGAACCC-3'		۱۹	GUJ0052	۲
۵۵	۱۳۰-۱۳۸	5'-AACGCATACAACACTGACTGGG-3'	5'-GGATAGCATTCAGTCACGG-3'		۵۷	GUJ0048	۳
۵۵	۱۲۷-۱۳۹	5'-ACCAAAACCCGAGATCCGACA-3'	5'-AGCGTTCGCGTTCCTCTTC-3'		۹۱	GUJ0013	۴
۵۵	۱۸۱-۱۸۵	5'-GTTACATCCATCCTGCCTCA-3'	5'-CTCTTGAGCCTACCAGTCTG-3'		۱۲۲	GUJ0056	۵
۵۵	۱۹۷-۲۰۵	5'-GCATAACTGAACTACCACGC-3'	5'-GCATCAGTTCATCAGCTAG-3'		۱۷۲	GUJ0098	۶
۵۴	۲۰۴-۲۱۶	5'-TAGGAGAGGTCACGATTTGC-3'	5'-ATCTTAACTGCCCCAGCCTT-3'		۱۹۷	GUJ0068	۷
۵۵	۹۶-۱۰۶	5'-GCCTTCAGAGTGGGAAAT-3'	5'-TCTCACAGAAACAGCTCC-3'		۲۰۶	GUJ0090	۸

۱. موقعیت نشانگرها روی کروموزوم یک بلدرچین ژاپنی براساس نقشه پیوستگی (۱۳). ۲. Besse pair. ۳. دمای بهینه اتصال آغازگر به رشته الگو

## تولیدات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن QTL نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح پنج و یک درصد بود که با روش تبدیل ۵ محاسبه شد. مقادیر حاصل از آنالیز تعداد ۱۰ هزار سری داده برای ایجاد توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم QTL، رتبه‌بندی شدند. آنالیزها با نرم‌افزار آنلاین GridQTL انجام شد.

### نتایج و بحث

خلاصه آماری داده‌های فنوتیپی حاصل از تفکیک لاشه ۴۲۲ پرندۀ نسل F<sub>۲</sub> بلدرچین ژاپنی در جدول ۳ آورده شده است.

نتایج حاصل از بررسی اثر جنس (نر و ماده) و نوبت جوجه‌کشی (پنج سطح) بر صفات بررسی‌شده در این پژوهش نشان داد که تفاوت میانگین وزن لاشه، وزن سر، وزن پشت، و وزن بال در دو جنس معنی‌دار بود. تفاوت میانگین همه صفات بررسی‌شده در نوبت جوجه‌کشی معنی‌دار بود (جدول ۴).

در این مدل‌ها،  $Y_{ijk}$  مشاهده مربوط به آمین نوبت جوجه‌کشی،  $\mu$  میانگین جمعیت،  $H_i$  اثر ثابت نوبت جوجه‌کشی (پنج سطح)،  $S_j$  اثر جنس (نر و ماده)،  $\beta_k$  ضریب رگرسیون صفت بر متغیر کمکی پرندۀ  $k$ ،  $X_k$  متغیر کمکی پرندۀ  $k$ ،  $\bar{X}$  میانگین متغیر کمکی جمعیت،  $a$  اثر افزایشی QTL،  $P_{ak}$  احتمال شرطی دریافت آل سویه وحشی توسط پرندۀ  $k$ ،  $d$  اثر غلبه QTL،  $P_{dk}$  احتمال شرطی هتروزیگوت بودن پرندۀ  $k$ ،  $i$  اثر ایمپرینتینگ QTL،  $P_{ik}$  احتمال شرطی این که پرندۀ  $k$  هتروزیگوت باشد و آل سویه وحشی را از والد پدری دریافت کند و  $e_{ijk}$  اثر تصادفی عوامل باقیمانده است.

از روش نقشه‌یابی درون‌فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون برای آنالیز QTL استفاده شد (۹). براساس مدل‌های آماری مزبور، یک QTL در فواصل یک سانتی‌مورگان در طول کروموزوم یک برازش گردید. نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود به‌عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر

جدول ۳. خلاصه آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی پرندگان نسل F<sub>۲</sub>

درصد ضریب تغییرات	انحراف معیار	حداکثر	حداقل	میانگین <sup>۲</sup>	تعداد <sup>۱</sup>	صفت (گرم)
۱۲/۶۵	۱۳/۲۲	۱۴۱/۰۰	۴۶/۳۰	۱۰۴/۵	۴۲۱	وزن لاشه
۵/۰۰	۰/۲۹	۷/۵۳	۴/۰۶	۵/۹	۴۲۲	وزن سر
۷/۶۷	۱/۶۴	۳۰/۰۸	۹/۹۱	۲۱/۴	۴۲۲	وزن ران
۱۱/۱۰	۰/۴۶	۶/۹۱	۲/۱۲	۴/۲	۴۲۲	وزن گردن
۸/۳۹	۳/۱۰	۵۴/۸۰	۱۴/۳۹	۳۶/۹	۴۲۲	وزن سینه
۱۰/۵۸	۱/۸۳	۳۰/۹۵	۸/۵۴	۱۷/۳	۴۲۲	وزن پشت
۱۱/۱۵	۱/۰۹	۱۳/۵۲	۴/۶۹	۹/۸	۴۲۲	وزن بال

۱. تعداد مشاهدات برای هر صفت، ۲. میانگین تصحیح‌شده برای تأثیرات ثابت جنس و نوبت جوجه‌کشی

## تولیدات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

جدول ۴. میانگین حداقل مربعات (اشتباه استاندارد) صفات بررسی شده به تفکیک جنس و نوبت جوجه کشی

صفت	وزن لاشه	وزن سر	وزن ران	وزن گردن	وزن سینه	وزن پشت	وزن بال	تأثیرات ثابت
جنس	***	***	NS	NS	NS	*	**	
نر	۱۰۱/۵ (۰/۸۵)	۵/۹ (۰/۰۲)	۲۱/۳ (۰/۱۱)	۴/۱ (۰/۰۳)	۳۶/۸ (۰/۲۰)	۱۷/۱ (۰/۱۲)	۹/۶ (۰/۰۷)	
ماده	۱۰۷/۵ (۱/۰۱)	۵/۷ (۰/۰۲)	۲۱/۵ (۰/۱۳)	۴/۲ (۰/۰۴)	۳۷/۱ (۰/۲۴)	۱۷/۶ (۰/۱۴)	۹/۹ (۰/۰۸)	
نوبت جوجه کشی	***	***	**	**	**	***	***	
۱	۱۰۹/۱ (۱/۵۳)	۶/۴ (۰/۰۳)	۲۲/۰ (۰/۱۹)	۴/۲ (۰/۰۵)	۳۶/۸ (۰/۳۶)	۱۷/۲ (۰/۲۲)	۱۰/۲ (۰/۱۳)	
۲	۱۰۵/۷ (۱/۵۹)	۶/۱ (۰/۰۴)	۲۱/۴ (۰/۰۲)	۴/۱ (۰/۰۶)	۳۷/۹ (۰/۳۷)	۱۶/۵ (۰/۲۲)	۹/۷ (۰/۱۳)	
۳	۱۰۵/۱ (۱/۵۶)	۵/۹ (۰/۰۴)	۲۱/۲ (۰/۱۹)	۴/۱ (۰/۰۵)	۳۷/۳ (۰/۳۷)	۱۸/۰ (۰/۲۲)	۹/۶ (۰/۱۳)	
۴	۹۸/۷ (۱/۲۷)	۵/۴ (۰/۰۳)	۲۱/۱ (۰/۱۶)	۴/۰ (۰/۰۵)	۳۶/۲ (۰/۳۰)	۱۷/۶ (۰/۱۸)	۹/۹ (۰/۱۱)	
۵	۱۰۳/۹ (۱/۳۶)	۵/۴ (۰/۰۳)	۲۱/۲ (۰/۱۷)	۴/۳ (۰/۰۵)	۳۶/۵ (۰/۳۲)	۱۷/۳ (۰/۱۹)	۹/۴ (۰/۱۱)	

NS. عدم معنی داری، \*، \*\*، \*\*\*- به ترتیب اثر معنی دار در سطح (P<۰/۰۵)، (P<۰/۰۱)، (P<۰/۰۰۱)

در مدل ۲ فقط اثر افزایشی QTL برازش گردید. این اثر برای صفات وزن سر (P<۰/۰۱) و وزن سینه (P<۰/۰۵) معنی دار بود (جدول ۵).

جدول ۵. خلاصه نتایج آنالیز QTL حاصل از برازش مدل حاوی اثر افزایشی QTL

صفت	موقعیت (cM)	اثر		آماره F	نشانگر <sup>۳</sup>
		QTL <sup>۱</sup>	درصد واریانس		
		a (SE)	QTL <sup>۲</sup>		
وزن سر	۴۵	۰/۴۳(۰/۱۳)	۲/۳	۱۱/۰ **	GUJ0048
وزن سینه	۱۷۲	۰/۲۶(۰/۰۹)	۱/۸	۸/۸ *	GUJ0098

۱. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی مانده، ۲. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر افزایشی QTL، ۳. نزدیکترین نشانگر به موقعیت QTL  
\* و \*\*. به ترتیب اثر معنی داری در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم.

## تولیدات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

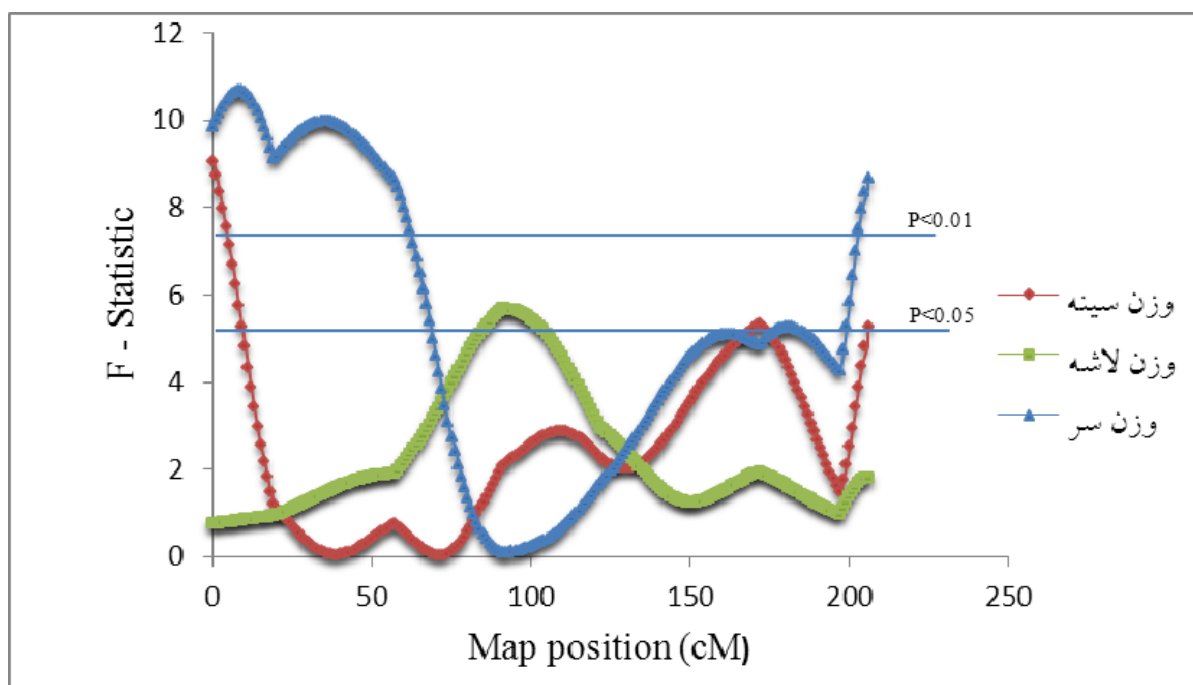
نقشه‌یابی ریزماهوره‌ای جایگاه صفات کمی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی

در مدل ۳ علاوه بر اثر افزایشی QTL، اثر غلبه نیز برآزش گردید. برای صفات وزن لاشه ( $P < 0/05$ )، وزن سر ( $P < 0/01$ )، و وزن سینه ( $P < 0/01$ ) به ترتیب در موقعیت‌های ۹۱، هشت، و صفر QTL معنی‌دار شناسایی شد (جدول ۶) (شکل ۱).

جدول ۶. خلاصه نتایج آنالیز QTL حاصل از برآزش مدل با اثر افزایشی و غلبه QTL

نشانهگر <sup>۵</sup>	آماره F	درصد واریانس QTL		اثر QTL		موقعیت (cM)	صفت
		d <sup>۴</sup>	a <sup>۳</sup>	d (SE) <sup>۲</sup>	a (SE) <sup>۱</sup>		
GUJ0013	*۵/۷	۱/۲	۱/۰	۰/۳۹ (۰/۱۹)	۰/۲۶ (۰/۱۱)	۹۱	وزن لاشه
GUJ0055	**۱۰/۷	۲/۲	۲/۳	-۰/۶۹ (۰/۱۹)	۰/۳۴ (۰/۱۱)	۸	وزن سر
GUJ0055	**۹/۱	۲/۰	۱/۸	۰/۵۴ (۰/۱۳)	-۰/۱۵ (۰/۰۸)	صفر	وزن سینه

۱. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی‌مانده، ۲. اثر غلبه QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی‌مانده، ۳. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر افزایشی QTL، ۴. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر غلبه QTL، ۵. نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL \* و \*\*. به ترتیب معنی‌دار بودن QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم.



شکل ۱. مقادیر آماره F حاصل برای صفات در نواحی گوناگون کروموزوم یک حاصل از برآزش مدل QTL با اثر افزایشی و غلبه.

(خطوط افقی آستانه‌های معنی‌دار در سطح ۵ و ۱ درصد)

## تولیدات دامی

دوره ۱۵ ■ شماره ۲ ■ پاییز و زمستان ۱۳۹۲

وجود دارد. کاربوتیپ هر دو گونه شامل ۷۸ کروموزوم (۷۸=۲n) است. با مقایسه موقعیت QTL های شناسایی شده روی کروموزوم یک بلدرچین ژاپنی با موقعیت QTL های گزارش شده برای صفات مشابه در مرغ، می توان این بخش از ژنوم را از نظر ساختاری بررسی کرد (۱۲). در این تحقیق برای صفت وزن سینه سه QTL معنی دار در موقعیت های با اثر غلبه، ۱۷۲ با اثر افزایشی، و ۲۰۶ سانتی مورگان با اثر ایمپریتنینگ شناسایی شد. برای صفت درصد سینه نیز در انتهای کروموزوم و در موقعیت ۲۰۶ سانتی مورگان یک QTL با اثر ایمپریتنینگ مکان یابی شد. در مطالعاتی که روی مرغ صورت گرفته است تاکنون پنج QTL معنی دار برای وزن سینه (۱، ۲، ۱۰، ۱۴) و یک QTL معنی دار برای درصد سینه روی کروموزوم یک گزارش شده است (۳). در این مطالعه، محتمل ترین موقعیت QTL معنی دار شناسایی شده برای وزن لاشه، ۹۱ سانتی مورگان با اثر غلبه بود. در مقایسه با بلدرچین، در مرغ برای وزن لاشه روی کروموزوم یک، سه QTL در فاصله ۱۶۹-۲۰۵ و در موقعیت های ۴۴۱ و ۴۴۳ سانتی مورگان گزارش شده است (۲، ۶، و ۲۳).

در مدل ۴ هر سه اثر افزایشی، غلبه، و ایمپریتنینگ QTL برازش داده شد. باتوجه به نتایج حاصل از این آنالیز، برای سه صفت وزن سر ( $P < 0/01$ )، وزن سینه ( $P < 0/01$ )، و درصد سینه ( $P < 0/01$ ) به ترتیب در موقعیت های ۲۰۳، ۲۰۶، و ۲۰۶ QTL معنی دار شناسایی شد (جدول ۷). با برازش این سه مدل آماری متفاوت، تعداد هشت QTL با اثر معنی دار برای صفات بررسی شده شناسایی شد. از بین صفات بررسی شده برای چهار صفت وزن سر، وزن سینه، وزن لاشه، و درصد سینه QTL با اثر معنی دار شناسایی شد. از بین این صفات دو صفت وزن سر و وزن سینه در تمام آنالیزها معنی دار شدند. به طور کلی، با در نظر گرفتن هر اثر در مدل، QTL های شناسایی شده برای همان اثر معنی دار شدند. باتوجه به نتایج متفاوت حاصل از آنالیز مدل های استفاده شده تشخیص مدل بهتر راحت نیست. برای مثال، در هر مدل برای وزن سینه، یک QTL متفاوت معنی دار شناسایی شد که از نظر موقعیت روی کروموزوم و همچنین نوع اثر معنی دار با هم متفاوت بود. بلدرچین ژاپنی از نظر فیلوژنی به گونه مرغ بسیار نزدیک است و شباهت بسیار زیادی بین ژنوم دو گونه

جدول ۷. خلاصه نتایج آنالیز QTL حاصل از برازش مدل حاوی اثر افزایشی، غلبه، و ایمپریتنینگ QTL

نشانهگر <sup>۷</sup>	آماره F	درصد واریانس QTL			اثر QTL			موقعیت (cM)	صفت
		a <sup>۴</sup>	d <sup>۵</sup>	i <sup>۶</sup>	i (SE) <sup>۳</sup>	d (SE) <sup>۲</sup>	a (SE) <sup>۱</sup>		
GUJ0090	**۸/۲	۰/۵	۲/۲	۲/۳	-۰/۳۲ (۰/۱۱)	-۰/۵۷ (۰/۱۸)	۰/۱۶ (۰/۰۹)	۲۰۳	وزن سر
GUJ0090	**۹/۶	۲/۲	۲/۰	۱/۸	۰/۳۸ (۰/۰۹)	۰/۳۲ (۰/۱۴)	۰/۰۷ (۰/۰۷)	۲۰۶	وزن سینه
GUJ0090	۷/۸**	۱/۴	۱/۳	۱/۰	۰/۳۷ (۰/۱۱)	۰/۳۸ (۰/۱۸)	۰/۱۴ (۰/۰۸)	۲۰۶	درصد سینه

۱. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی مانده، ۲. اثر غلبه QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی مانده، ۳. اثر ایمپریتنینگ QTL (اشتباه استاندارد) به واحد انحراف معیار باقی مانده، ۴. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر افزایشی QTL، ۵. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر غلبه QTL، ۶. درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر ایمپریتنینگ QTL، و ۷. نزدیک ترین نشانگر به موقعیت QTL \* و \*\*. به ترتیب اثر معنی دار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم.

## تولیدات دامی



### تشکر و قدردانی

بدین وسیله از معاونت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان و مرکز بین‌المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان و همچنین کارکنان و دانشجویان این دو مرکز قدردانی می‌گردد.

### منابع

1. Atzmon G, Blum S, Feldman M, Cahaner A, Lavi U and Hillel J (2008) QTLs detected in a multigenerational resource chicken population. *Heredity*. 99(5): 528-538.
2. Atzmon G, Ronin YI, Korol A, Yonash N, Cheng H and Hillel J (2006) QTLs associated with growth traits and abdominal fat weight and their interactions with gender and hatch in commercial meat-type chickens. *Animal Genetics*. 37(4): 352-358.
3. Baron EE, Moura AS, Ledur MC, Pinto LF, Boschiero C, Ruy DC, Nones K, Zanella EL, Rosário MF, Burt DW and Coutinho LL (2010) QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*. 42(2): 117-124.
4. Bassam BJ, Caetano-Anollés G and Gresshoff PM (1991) Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical Biochemistry*. 196(1): 80-83.
5. Churchill GA and Doerge RW (1994) Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*. 138(3): 963-971.
6. De Koning DJ, Haley CS, Windsor D, Hocking PM, Griffin H, Morris A, Vincent J and Burt DW (2004) Segregation of QTL for production traits in commercial meat-type chickens. *Genetics Research*. 83(3): 211-220.

برای وزن سر نیز در این پژوهش سه QTL معنی‌دار مکان‌یابی گردید. یک QTL در موقعیت هشت سانتی‌مورگان با اثر غلبه معنی‌دار شناسایی شد. در موقعیت ۴۵ سانتی‌مورگان نیز برای این صفت یک QTL با اثر افزایشی معنی‌دار شد. سومین QTL در انتهای کروموزوم و در موقعیت ۲۰۳ سانتی‌مورگان شناسایی شد که هم اثر غلبه آن و هم اثر ایمپریتینگ آن معنی‌دار بود. برای این صفت در مرغ تاکنون QTL معنی‌داری گزارش نشده است. یکی از دلایل تعداد بیشتر QTL‌های گزارش‌شده روی کروموزوم شماره یک مرغ در مقایسه با بلدرچین برای صفات بررسی‌شده، شناسایی بیشتر نشانگرها در ژنوم مرغ و ایجاد نقشه‌های پیوستگی بیشتر براساس این نشانگرها و در نتیجه مطالعات گسترده‌تر است.

منظور از واریانس فنوتیپی ناشی از QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مشخص شده است که به وسیله QTL ایجاد می‌شود. در هر موقعیت روی کروموزوم، نقشه‌یابی QTL با استفاده از مدل‌های گوناگون تعیین می‌کند که آیا میزان واریانس معنی‌دار موجود در آن صفت کمی را می‌توان به یک QTL موجود در آن نقطه ربط داد یا خیر. واریانس QTL برآوردشده در پژوهش حاضر برای QTL‌های با اثر افزایشی در محدوده ۱/۸-۲/۳، برای QTL‌های با اثر غلبه در محدوده ۱/۲-۲/۲ و برای QTL‌های با اثر ایمپریتینگ در محدوده ۰/۵-۲/۲ درصد بود.

باتوجه به اینکه ایجادکردن کل جمعیت  $F_2$  به‌طور یک‌باره و در طی یک نوبت جوجه‌کشی امکان‌پذیر نبود، برای تولید حداکثر میزان نتاج  $F_2$  به‌ازای هرکدام از والدین نر، در طی پنج نوبت جوجه‌کشی متوالی این جمعیت ایجاد شد. بنابراین اثر نوبت جوجه‌کشی به‌عنوان اثری ثابت تأثیر زیادی در شناسایی جایگاه‌های موردنظر داشت.

### تولیدات دامی

7. Esmailzadeh AK, Baghizadeh A and Ahmadzadeh M (2012) Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science*. 52(1): 64-66.
8. Groenen MA, Cheng HH, Bumstead N, Benkel BF, Briles WE, Burke T, Burt DW, Crittenden LB, Dodgson J, Hillel J, Lamont S, de Leon AP, Soller M, Takahashi H and Vignal A (2000) A consensus linkage map of the chicken genome. *Genome Research*. 10(1): 137-147.
9. Haley CS, Knott SA and Elsen JM (1994) Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. *Genetics*. 136(3): 1195-1207.
10. Ikeobi CON, Woolliams JA, Morrice DR, Law A, windsor D, Burt DW and Hocking PM (2004) Quantitative trait loci for meat yield and muscle distribution in a broiler layer cross. *Livestock Production Science*. 87(1): 143-151.
11. Jennen DG, Vereijken AL, Bovenhuis H, Crooijmans RM, van der Poel JJ and Groenen MA (2005) Confirmation of quantitative trait loci affecting fatness in chickens. *Genetics Selection Evolution*. 37(2): 215-228.
12. Kayang BB, Fillon V, Inoue-Murayama M, Miwa M, Leroux S, Fève K, Monvoisin JL, Pitel F, Vignoles M, Mouilhayrat C, Beaumont C, Ito S, Minvielle F and Vignal A (2006) Integrated maps in quail (*Coturnix japonica*) confirm the high degree of synteny conservation with chicken (*Gallus gallus*) despite 35 million years of divergence. *BMC Genomics*. 7: 101-119.
13. Kayang BB, Vignal A, Inoue-Murayama M, Miwa M, Monvoisin JL, Ito S and Minvielle F (2004) A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics*. 35(3): 195-200.
14. Lagarrigue S, Pitel F, Carre W, Abasht B, Le Roy P, Neau A, Amigues Y, Sourdoux M, Simon J, Cogburn L, Aggrey S, Leclercq B, Vignal A and Douaire M (2006) Mapping quantitative trait loci affecting fatness and breast muscle weight in meat-type chicken lines divergently selected on abdominal fatness. *Genetics Selection Evolution*. 38(1): 85-97.
15. Lie Z, Cheng L, Fang-yin D and Shou-min F (2010) Mapping of major quantitative trait loci for economic traits of silkworm cocoon. *Genetics and Molecular Research*. 9(1): 78-88.
16. McElroy JP, Kim JJ, Harry DE, Brown SR, Dekkers JC and Lamont SJ (2006) Identification of trait loci affecting white meat percentage and other growth and carcass traits in commercial broiler chickens. *Poultry Science*. 85(4): 593-605.
17. Miller SA, Dykes DD and Polesky HF (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*. 16(3): 1215-1223.
18. Nadaf J, Pitel F, Gilbert H, Duclos MJ, Vignoles F, Beaumont C, Vignal A, Porter TE, Cogburn LA, Aggrey SE, Simon J and Le Bihan-Duval E (2009) QTL for several metabolic traits map to loci controlling growth and body composition in an F<sub>2</sub> intercross between high- and low-growth chicken lines. *Physiological Genomics*. 38(3): 241-249.

19. Nassar FS, Moghaieb REA, Abdou AM and Stino FKR (2012) Microsatellite markers associated with body and carcass weights in broiler breeders. African Journal of Biotechnology. 11(1): 3514-3521.
20. Sohrabi SS, Esmailizadeh AK, Baghizadeh A, Moradian H, Mohammadabadi MR, Askari N and Nasirifar E (2012) Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F<sub>2</sub> intercross between two strains of Japanese quail. Animal Production Science. 52(1): 1012-1018.
21. Tautz D (1989) Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. Nucleic Acids Research. 17(16): 6463-6471.
22. Uemoto Y, Sato S, Odawara S, Nokata H, Oyamada Y, Taguchi Y, Yanai S, Sasaki O, Takahashi H, Nirasawa K and Kobayashi E (2009) Genetic mapping of quantitative trait loci affecting growth and carcass traits in F<sub>2</sub> intercross chickens. Poultry Science. 88(3): 477-482.
23. Van Kaam JB, Groenen MA, Bovenhuis H, Veenendaal A, Vereijken AL and Van Arendonk JA (1999) Whole genome scan in chickens for quantitative trait loci affecting carcass traits. Poultry Science. 78(8): 1091-1099.
24. Zane L, Bargelloni L and Patarnello T (2002) Strategies for microsatellite isolation: a review. Molecular Ecology. 11(1): 1-16.
25. Zhan A, Bao Z, Lu W, Hu X, Peng W, Wang M and Hu J (2007) Development and characterization of 45 novel microsatellite markers for sea cucumber (*Apostichopus japonicus*). Molecular Ecology Notes. 7(6): 1345-1348.