

بررسی وجود QTL های مرتبط با صفات وزن بدن تا سن ۲۸ روزگی در نواحی کانیدیدا از ژنوم در بلدرچین ژاپنی

الهام رضوان نژاد^{۱*}، عباس پاکدل^۲، سید رضا میرایی آشتیانی^۳، حسن مهربانی یگانه^۱ و محمد مهدی یعقوبی^۴
۱، ۲، ۳، دانشجوی دکتری، استادیاران و استاد، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج
۴، استادیار، مرکز علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان
(تاریخ دریافت: ۹۰/۲/۱۴ - تاریخ تصویب: ۹۱/۸/۱۴)

چکیده

وزن بدن از جمله صفات مهم اقتصادی و در عین حال پیچیده در طیور است که انتخاب به کمک نشانگر^۱ (MAS) می تواند در بهبود آن نقش قابل توجهی داشته باشد. هدف از مطالعه حاضر تعیین جایگاههای صفات کمی^۲ (QTL) مرتبط با وزن بدن در سنین مختلف با استفاده از طرح ناتی می باشد. ۲۲۰ بلدرچین ژاپنی برای ۶ نشانگر ریز ماهاوره با قدرت اطلاع دهنده بالا بر روی کروموزومهای شماره ۱، ۲ و ۹ تعیین ژنوتیپ شده و به روش نقشه یابی فاصله ای برای تعیین QTL های موثر بر وزن بدن در سنین مختلف شامل وزن تولد، ۱، ۲، ۳ و ۴ هفتهگی استفاده شدند. برای وزن بدن در زمان تولد و نیز وزن بدن در سن ۱ هفتهگی، QTL های موثری ($P < 0.01$) بر روی کروموزوم شماره ۲ شناسایی شد. برای وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتهگی نیز QTL های موثری به ترتیب با احتمال ($P < 0.05$) و ($P < 0.01$) بر روی کروموزوم شماره ۱ شناسایی شد. علاوه بر این برای وزن بدن در سن ۴ هفتهگی دو QTL بر روی کروموزومهای ۲ و ۹ پیشنهاد شد. QTL شناسایی شده برای وزن تولد ۱/۲۵٪ از واریانس فنوتیپی را تشریح نمود. این در حالی است که QTL شناسایی شده برای وزن ۱ هفتهگی ۱/۶۳٪، QTL شناسایی شده برای وزن در سن ۳ هفتهگی ۱/۱۸٪ و QTL شناسایی شده برای وزن در سن ۴ هفتهگی ۱/۱۳٪ از واریانس فنوتیپی را تشریح نمودند. QTL های شناسایی شده برای وزن بدن در سنین مختلف در این تحقیق می توانند در مطالعات آینده جهت بررسی ژنهای کانیدیدا و نیز انجام انتخاب به کمک نشانگر (MAS) برای صفت وزن بدن در بلدرچین ژاپنی مفید و سودمند باشند.

واژه های کلیدی: QTL، وزن بدن، نشانگرهای ریزماهاوره، طرح ناتی، بلدرچین ژاپنی

مقدمه

شدت مورد انتخاب قرار گرفته اند و از صفات اقتصادی مهم در برنامه های اصلاحی طیور محسوب می شوند و توام کردن روشهای انتخاب سنتی با روشهای مدرن ملکولی در اصلاح نژاد طیور اهمیت دارد (Liu et al., 2007).

بلدرچین ژاپنی پرنده ای است که در تحقیقات زیستی به عنوان یک مدل آزمایشگاهی مناسب مورد استفاده قرار گرفته است و علاوه بر این در سالهای اخیر به پرورش آن در مزارع توجه بیشتری معطوف شده است. صفات وزن بدن و نرخ رشد در دهه های اخیر به

1. Marker Assisted Selection
2. Quantitative Trait Loci

شماره ۱ و برای صفات سن در اولین تخمگذاری و تعداد تخم بر روی کروموزوم شماره ۶ شناسایی شد. از آنجایی که طبق بررسی های بعمل آمده بجز برای وزن بدن در سن ۳۵ روزگی، مطالعه دیگری برای شناسایی QTL های مرتبط با وزن بدن در سایر سنین در بلدرچین ژاپنی انجام نشده است، تحقیق حاضر اولین مطالعه جهت بررسی وجود QTL های موثر بر صفات وزن بدن از تولد تا سن ۴ هفتگی در این گونه می باشد.

مواد و روش ها

طرح آزمایش

جمعیت F_2 مورد استفاده از تلاقی بین دو لاین انتخاب شده بلدرچین ژاپنی برای افزایش (لاین H) و کاهش (لاین L) وزن ۴ هفتگی حاصل شده بود. دو لاین والدینی H و L، اختلاف معنی داری در وزن بدن در سن ۲۸ روزگی با یکدیگر داشتند ($P < 0.01$). ۱۰ نر از لاین سنگین وزن (H) با ۱۲ ماده از لاین سبک وزن (L) و همچنین ۱۰ نر از لاین سبک وزن با ۱۲ ماده از لاین سنگین وزن جهت تولید بلدرچینهای نسل F_1 مورد استفاده قرار گرفتند (تلاقی های: $H \times L$, $L \times H$). نرهای F_1 حاصل، هر کدام با ۲ یا ۳ ماده از گروه شاهد که رابطه خویشاوندی با یکدیگر نداشتند آمیزش داده شده و نسل F_2 را بوجود آوردند. ۴ خانواده ناتنی بزرگ (خانواده های مورد استفاده تعداد ۴۹، ۵۲، ۵۴ و ۶۵ بلدرچین حاصل از ۲ هج را شامل می شدند) از بین خانواده های ناتنی تولید شده برای آنالیز QTL مورد استفاده قرار گرفتند. پرندها در F_2 در داخل قفس و بر روی بستری که دسترسی آنها به غذا و آب به صورت آزاد بود و با جیره غذایی شامل ۲۶٪ پروتئین خام و ۲۹۰۰ کیلوکالری بر کیلوگرم انرژی قابل متابولیسم پرورش داده شدند.

صفات مورد بررسی

صفات وزن تولد، ۱، ۲، ۳ و ۴ هفتگی (به ترتیب BW_0 , BW_1 , BW_2 , BW_3 و BW_4) اندازه گیری شدند. تعداد پرنده های مورد اندازه گیری برای صفت وزن بدن در زمان هج، وزن در سن ۱ هفتگی و وزن در سن ۲ هفتگی به ترتیب ۶۵۰، ۶۴۴ و ۶۴۰ قطعه و برای وزن بدن در سن ۳ و ۴ هفتگی ۶۳۵ قطعه بود.

برنامه اصلاح نژادی در طیور بسیار پیچیده است چرا که در این برنامه ها بایستی صفات زیادی از جمله کیفیت تولید، سلامت و کاهش هزینه تولید را لحاظ نمود. از طرف دیگر رابطه بین این صفات بسیار پیچیده بوده و اندازه گیری بعضی از این صفات نیز مشکل می باشد. به منظور افزایش میزان تولید در واحد سطح و نائل شدن به پیشرفت ژنتیکی سریعتر، شناسایی QTL های مرتبط با صفات و استفاده از آنها در برنامه های انتخاب می تواند راهکار مفیدی در این خصوص باشد (Liu et al., 2007).

علی رغم اینکه تنوع زیادی در صفاتی که در بلدرچین ژاپنی مورد مطالعه قرار گرفته اند، وجود دارد اما مطالعات اندکی در خصوص شناسایی گروههای پیوستگی در بلدرچین ژاپنی انجام شده است و به همین دلیل تعداد اندکی از ژنهای کنترل کننده صفات مهم اقتصادی در این گونه نقشه یابی شده است (Tsudzuki, 2008). در بلدرچین ژاپنی همچنین گزارشات محدودی در خصوص شناسایی QTL با استفاده از نشانگرهای DNA ارائه شده است. بیامونت^۱ و همکاران (۲۰۰۵) با استفاده از نشانگرهای AFLP که قبلا توسط روزوت^۲ و همکاران (۲۰۰۳) شناسایی شده بود به بررسی QTL های موثر بر وزن بدن و ۱۱ صفت رفتاری پرداختند که برای صفات لگاریتم عدم تحرک ناشی از ترس و تعداد تحریکات لازم برای این عدم تحرک، QTL معنی دار، همچنین برای صفت میزان فریاد زدن QTL نزدیک به معنی داری و برای صفت سکون قبل از تحرک QTL در حد پیشنهادی روی کروموزوم شماره یک شناسایی کردند.

مینوییل^۳ و همکاران (۲۰۰۵) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره که توسط کایانگ^۴ و همکاران (۲۰۰۴) شناسایی شده بود به تجزیه و تحلیل QTL ها برای برخی صفات اقتصادی پرداختند که QTL های بسیار معنی دار، برای صفات طول چنگال، وزن بدن در ۵ هفتگی و میزان غذای مصرفی بر روی کروموزوم

1. Beaumont
2. Roussot
3. Minivielle
4. Kayang

آنالیز QTL

داده های فنوتیپی با استفاده از نرم افزار SAS (SAS Institute, 2000) آنالیز شد و میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات هر یک از صفات تعیین شد. از نرم افزار QTL express (http://qtl.cap.ed.ac.uk) و مدل نانتی برای تجزیه و تحلیل QTL استفاده شد. اثرات جنس و هج بعنوان اثرات ثابت در مدل منظور گردید. درصد اختلاف مجموع مربعات باقیمانده بین دو مدل کامل و کاهش یافته به عنوان درصدی از واریانس فنوتیپی که توسط QTL مورد نظر توجیه می شود، در نظر گرفته شد. سطح معنی داری با استفاده از آزمون جایگشت^۲ (Churchill, Doerge and 1994) محاسبه شد. ۱۰۰۰ تکرار جهت آزمون آماری فرض صفر یعنی فرض عدم وجود QTL مورد مطالعه قرار گرفت. در هر کروموزوم سه سطح معنی داری شامل: سطح پیشنهادی در سطح ۱۰٪، معنی داری در سطح ۵٪ و بسیار معنی داری در سطح ۱٪ مورد استفاده قرار گرفت.

نتایج و بحث

توصیف آماری داده ها

مقادیر میانگین و انحراف معیار صفات مورد بررسی در نسل F2 در جدول شماره ۱ نشان داده شده است. ضریب تغییرات صفات وزن بدن از ۹/۶۰٪ (برای وزن ۱ هفتگی) تا ۱۴/۷۳٪ (برای وزن ۴ هفتگی) برآورد شد. در مقایسه ای که بین لاینهای والدی صورت گرفت، تفاوت معنی داری بین میانگین وزن بدن در سن ۴ هفتگی در دو لاین سبک وزن (۱۳۷/۵±۱۳/۰g) و سنگین وزن (۱۷۱/۱۲±۱۲/۳g) مشاهده شد (p<۰/۰۱).

برآورد پارامترهای ژنتیکی

وراثت پذیری صفت وزن بدن در سنین مختلف و نیز همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات در جدول شماره ۲ ارائه شده است. وراثت پذیری برآورد شده برای وزن بدن در سنین مختلف از ۰/۳۱ تا ۰/۶۳ متغیر بود. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که با افزایش سن،

تجزیه و تحلیل ژنتیکی

به منظور برآورد وراثت پذیری و نیز همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات وزن بدن در سنین مختلف از آنالیز دو صفت مدل حیوانی و نرم افزار ASREML (Gilmoure et al., 2002) استفاده شد.

$$\begin{pmatrix} y1 \\ y2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X1 & 0 \\ 0 & X2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b1 \\ b2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} Z1 & 0 \\ 0 & Z2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a1 \\ a2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e1 \\ e2 \end{pmatrix}$$

در مدل فوق Y_1 و Y_2 صفت وزن بدن در سنین مختلف می باشد، b_1 و b_2 بردار مربوط به اثرات ثابت، a_1 و a_2 بردار مربوط به اثرات ژنتیکی افزایشی برای هر صفت و e_1 و e_2 بردار اثرات باقیمانده برای صفات مورد نظر می باشند. ماتریس ضرایب X_1 و X_2 بین عناصر دو بردار b_1 و b_2 با مقادیر Y_1 و Y_2 ارتباط برقرار می کند. امید ریاضی Y_1 ، b_1 و X_1 امید ریاضی Y_2 ، b_2 و X_2 می باشد. اثرات ثابت برای صفات وزن بدن شامل اثرات جنس (نر و ماده) و هج (۱ و ۲) هر کدام با ۲ سطح بود.

تعیین ژنوتیپ پرندگان

در این تحقیق از ۶ نشانگر ریزماهواره با قدرت اطلاع دهندگی^۱ بالا مستقر بر روی ۳ کروموزوم ۱، ۲ و ۹ استفاده گردید. انتخاب این نشانگرها بر اساس تنها مطالعه انجام شده در زمینه بررسی QTL برای صفات وزن بدن بود که QTL های معنی داری برای صفت وزن بدن در سن ۵ هفتگی با استفاده از این نشانگرها شناسایی شده بود (Miniville et al., 2005). خونگیری بعد از کشتار و از طریق ورید گردنی پرندگان مورد آزمایش انجام شد. DNA ژنومی حاصل از نمونه های خون بدست آمده، به روش نمکی (Helms, 1990) استخراج گردید. هر واکنش PCR شامل ۲۰۰-۱۰۰ ng DNA در هر واکنش، بافر PCR ۱X، ۰/۲۵ μM از هر آغازگر، ۲۰۰ μM دزاکسی نوکلئوتید تری فسفات (dNTP)، ۲/۵ mM کلرید منیزیم (MgCl₂) و ۰/۵ واحد از آنزیم تک پلیمرز در هر واکنش بود. محصولات PCR با استفاده از ژل ۶٪ پلی اکریل آمید الکتروفورز شدند. اندازه باندها با استفاده از نرم افزار TOTAL Lab (http://www.totallab.com) تعیین گردید. به طور کلی ۴ پرنده از نسل F1 (۴ پدر) و نیز فرزندان آنها در نسل F2 (۲۲۰ پرنده) تعیین ژنوتیپ شدند.

میزان وراثت پذیری وزن بدن نیز افزایش می یابد بطوریکه بالاترین وراثت پذیری برآورد شده مربوط به وزن بدن در سن ۴ هفتگی می باشد.

جدول ۱- توصیف آماری صفات مورد نظر

صفت*	تعداد	میانگین (g)	انحراف معیار (g)	ضریب تغییرات (%)	حداقل (g)	حداکثر (g)
BW ₀	۶۵۰	۸/۸۳	۰/۰۸	۱۰/۸۷	۷	۱۱
BW ₁	۶۴۴	۳۳/۷۱	۰/۵۰	۹/۶۰	۲۱/۹	۴۳/۱۵
BW ₂	۶۴۰	۵۹/۵۳	۰/۷۳	۱۲/۸۵	۳۳/۴۲	۸۴/۹
BW ₃	۶۳۵	۱۰۸/۳۱	۱/۰۰	۱۱/۹۴	۶۰/۵۵	۱۳۱/۱۵
BW ₄	۶۳۵	۱۴۹/۴۸	۱/۴۹	۱۴/۷۳	۶۷	۲۰۰

*: وزن بدن در زمان تولد (BW₀), یک هفتگی (BW₁), دو هفتگی (BW₂), سه هفتگی (BW₃), چهار هفتگی (BW₄)

سطح وسیع به علت ساختار داده های حاصل این همبستگی به سمت کوچک تر و منفی شدن میل می کند (Grosso et al., 2010). در شرایطی که میزان کوواریانس بین ژنتیک مادری و ژنتیک افزایشی مثبت می باشد، زمانی که میزان ژنتیک مادری بسیار کاهش می یابد و یا حذف می شود میزان واریانس ژنتیک افزایشی و بالطبع وراثت پذیری (h²) نیز کاهش می یابد (Grosso et al., 2010). آنچه در تحقیق حاضر برای کاهش در وراثت پذیری وزن دو هفتگی نسبت به وزن یک هفتگی رخ داد می تواند ناشی از این مطلب همبستگی ژنتیکی متوسط تا بالایی نیز بین تمام صفات مورد نظر مشاهده شد. بالاترین همبستگی ژنتیکی بین دو صفت وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتگی (۰/۷۹±۰/۰۲) برآورد گردید. این در حالی است که پایین ترین میزان همبستگی ژنتیکی برآورد شده بین دو صفت وزن بدن در زمان هیچ و وزن بدن در سن ۳ هفتگی بود (۰/۴۰±۰/۰۹).

همبستگی فنوتیپی بین همه صفات مورد نظر مثبت برآورد گردید. بالاترین همبستگی فنوتیپی برآورد شده مربوط به دو صفت وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتگی (۰/۹۷±۰/۱۲) و کمترین همبستگی فنوتیپی برآورد شده مربوط به دو صفت وزن بدن در زمان هیچ و وزن بدن در سن ۲ هفتگی (۰/۴۹±۰/۱۹) بود. اثر ژنتیک مادری که در طیور هم می تواند معنی دار باشد به صورت اندازه تخم بزرگتر یا حفاظت بهتر از از جوجه ها تا سنین بالاتر نیز قابل مشاهده است.

در تحقیق حاضر نیز تاثیر ژنتیک مادری تا سن یک هفتگی بر وزن جوجه ها معنی دار بود و از سن دو هفتگی به بعد غیر معنی دار بود. بعلاوه کوواریانس ژنتیک مادری و ژنتیک افزایشی نیز در وزن هیچ و وزن یک هفتگی معنی دار بود و مقدار آن نیز مثبت برآورد شد. عموماً گزارش شده است در رکورد گیری هایی که در شرایط آزمایشی انجام می شود این همبستگی تمایل به مثبت بودن دارد اما در شرایط مزرعه و در

جدول ۲- برآورد ضرایب وراثت پذیری (بر روی محور قطری) همبستگی ژنتیکی (در بالای محور قطری) و همبستگی فنوتیپی (در پایین محور قطری) با استفاده از آنالیز دو صفته برای وزن بدن در سنین مختلف

صفت*	BW ₀	BW ₁	BW ₂	BW ₃	BW ₄
BW ₀	۰/۰۸±۰/۳۱	۰/۰۸±۰/۵۳	۰/۰۹±۰/۴۶	۰/۰۹±۰/۴۰	۰/۰۵±۰/۴۴
BW ₁	۰/۱۸±۰/۶۱	۰/۱۱±۰/۴۸	۰/۰۶±۰/۵۹	۰/۰۴±۰/۵۰	۰/۰۴±۰/۵۳
BW ₂	۰/۱۹±۰/۴۹	۰/۱۳±۰/۶۶	۰/۱۲±۰/۴۰	۰/۰۲±۰/۵۹	۰/۰۲±۰/۵۹
BW ₃	۰/۱۹±۰/۵۴	۰/۰۸±۰/۷۰	۰/۰۵±۰/۷۷	۰/۰۸±۰/۵۷	۰/۰۲±۰/۷۹
BW ₄	۰/۱۰±۰/۵۸	۰/۱۰±۰/۷۳	۰/۰۵±۰/۷۸	۰/۱۲±۰/۹۷	۰/۰۶±۰/۶۳

*: وزن بدن در زمان تولد (BW₀), یک هفتگی (BW₁), دو هفتگی (BW₂), سه هفتگی (BW₃), چهار هفتگی (BW₄)

وراثت پذیری مستقیم صفات رشد افزایش می یابد که علت آن کاهش تاثیر ژنتیک و محیط مادری و افزایش

همانطور که در جدول شماره ۲ مشاهده می شود با افزایش سن، میزان واریانس افزایشی صفات و در نتیجه

همچنین بین وزن بدن در سنین نزدیک به هم، همبستگی بالاتری مشاهده شد که منطبق بر نتایج تحقیقات گذشته (Toelle et al., 1991) می باشد.

تجزیه و تحلیل QTL با استفاده از مدل ناتنی

QTL های شناسایی شده برای صفات وزن بدن در سنین تولد (هچ) تا ۴ هفتگی با استفاده از آنالیز مدل ناتنی در جدول ۳ ارائه شده است. QTL معنی داری بین نشانگرهای CUJ۰۰۶۳ و CUJ۰۰۲۷ بر روی کروموزوم شماره ۲ برای وزن بدن در زمان هچ شناسایی گردید ($p < 0.01$). همچنین بین نشانگرهای CUJ۰۰۶۳ و CUJ۰۰۲۷ بر روی همین کروموزوم QTL معنی داری برای وزن بدن در سن یک هفتگی شناسایی شد ($p < 0.01$). بر روی کروموزوم شماره ۱ و بین نشانگرهای CUJ۰۰۵۲ و CUJ۰۰۵۵ نیز QTL معنی داری برای وزن بدن در سن سه هفتگی شناسایی شد ($p < 0.05$). همچنین در این تحقیق سه QTL برای وزن بدن در سن ۴ هفتگی شناسایی شد. یک QTL معنی دار بر روی کروموزوم شماره ۱ و بین نشانگرهای CUJ۰۰۵۲ و CUJ۰۰۵۵ ($p < 0.01$) و دو QTL در حد پیشنهادی روی کروموزوم شماره ۲ بین نشانگرهای CUJ۰۰۶۳ و CUJ۰۰۲۷ و همچنین بر روی کروموزوم شماره ۹، بین نشانگرهای CUJ۰۰۷۴ و CUJ۰۰۷۱ ملاحظه شد ($p < 0.10$).

اثر ژنتیک مستقیم با افزایش سن برای هر فرد می باشد. از آنجا که سرعت رشد در بلدرچین ژاپنی بالا می باشد به طوری که طی مدت یک ماه به مرحله بلوغ جسمی می رسد لذا افزایش تاثیر ژنتیک مستقیم در این پرنده بسیار سریع می باشد و در طی ماه اول تولد وراثت پذیری مستقیم وزن بدن افزایش قابل توجهی می یابد (Toelle et al., 1991). در تحقیقات گذشته دامنه وسیعی از وراثت پذیری برای صفات مربوط به رشد در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است. در این مطالعات وراثت پذیری وزن بدن در سنین مختلف و نیز با استفاده از روشهای مختلف برآورد شده است. مینوییل (۱۹۹۸) در یک بررسی مروری وراثت پذیری برآورد شده برای وزن بدن در سنین ۴ تا ۸ هفتگی را در دامنه ی از ۰/۴۷ تا ۰/۷۴ گزارش نموده است. ولی^۱ و همکاران (۲۰۰۵) وراثت پذیری صفت وزن بدن در سنین ۳۴، ۴۲، ۴۹ و ۶۳ روزگی را برای سویه *Coturnix japonica* به ترتیب ۰/۱۳±۰/۴۱ و ۰/۲۳±۰/۴۵ و ۰/۲۲±۰/۴۰ و ۰/۲۱±۰/۴۷ برآورد کردند. مک کای و فالکونر^۲ (۱۹۹۶) بیان می کنند که وراثت پذیری یک صفت خاص می تواند مقادیر متفاوتی داشته باشد که با شرایط محیطی، جمعیت، روش محاسباتی و اشتباه نمونه برداری در داده های کوچک مرتبط است. همانطور که نتایج نشان می دهند میزان همبستگی بین همه صفات مورد بررسی متوسط تا زیاد برآورد گردید.

جدول ۳- بررسی QTL های موثر بر صفات وزن بدن در سنین مختلف با استفاده از مدل ناتنی بر روی کروموزومهای شماره ۱، ۲ و ۹

صفت	کروموزوم	محدوده مارکری	جایگاه (cM)	*F _{ratio}	QTL واریانس %†
BW ₀	۲	CUJ۰۰۲۷، CUJ۰۰۶۳	۶۰	۷/۵۱**	۱/۲۵
BW ₁	۲	CUJ۰۰۲۷، CUJ۰۰۶۳	۶۰	۸/۳۵**	۱/۶۳
BW ₃	۱	CUJ۰۰۵۵، CUJ۰۰۵۲	۱۱	۴/۶۸*	۱/۱۸
BW ₄	۱	CUJ۰۰۵۵، CUJ۰۰۵۲	۱۳	۶/۲۰**	۱/۱۳
BW ₄	۲	CUJ۰۰۲۷، CUJ۰۰۶۳	۶۰	۲/۸۲†	۱/۰۵
BW ₄	۹	CUJ۰۰۷۱، CUJ۰۰۷۴	۴	۲/۳۳†	۱/۰۶

*: †در حد پیشنهادی در سطح ۰/۱۰، **معنی دار در سطح ۰/۰۵ در سطح کروموزوم، ** معنی دار در سطح ۰/۰۱ در سطح کروموزوم

†: درصد کل واریانس توجیه شده توسط QTL

شده باشند (Weller, 2001). در تحقیق حاضر لاینهای مورد استفاده، برای وزن بدن در سن ۴ هفتگی به

به طور کلی در بررسی QTL ها، طرح تلاقی لاینها نسبت به طرح ناتنی از قدرت بالاتری برخوردارند مشروط به اینکه آلهها در لاینهای مورد بررسی تشبیت

سنی نیز با یکدیگر متفاوت باشد که این مطلب در نتایج تحقیق حاضر قابل مشاهده است به طوریکه برای وزن بدن در زمان هج و وزن بدن در سن یک هفتگی بر روی یک کروموزوم بلدرچین QTL شناسایی شد و برای وزن بدن در سنین بالاتر (۳ و ۴ هفتگی) نیز بر روی کروموزوم دیگری (کروموزوم شماره ۱) QTL شناسایی شد.

همچنین در مرغ، وجود QTL معنی دار برای صفات وزن بدن در تحقیقات متفاوت بر روی کروموزوم شماره ۱ گزارش شده است (VanKaam et al., 1999; Sewalem et al., Fujinaka and Tatsuda, 2001; Jennen et al., 2005; Kerje et al., 2003; 2002). در بلدرچین نیز، مینوییل و همکاران (۲۰۰۵) برای صفات وزن بدن در سن ۵ هفتگی و میزان غذای مصرفی در سن پنج هفتگی به ترتیب QTL های معنی دار و پیشنهادی بر روی کروموزوم شماره ۱ شناسایی و گزارش نموده اند. در تحقیق حاضر نیز برای صفات وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتگی QTL های معنی داری بر روی کروموزوم شماره ۱ ملاحظه شد. تحقیقات گذشته بر روی مرغ نشان داده است که QTL های مرتبط با صفات رشد مقدار کمی از واریانس فنوتیپی را توجیه می کنند. از آنجایی که این صفات تحت تاثیر عوامل متعددی از جمله تعداد زیادی جایگاه ژنی، میزان مصرف غذا، وضعیت تغذیه ای، ترکیبات بدن، نرخ متابولیسم، فعالیت های بدنی و ... می باشند، صفت رشد صفتی پیچیده محسوب می شود. این بدین مفهوم است که هر جایگاه شناسایی شده موثر بر صفات رشد به تنهایی مقدار کمی از واریانس ژنتیکی صفات رشد را توجیه می کند (Park et al., 2005; Siwek et al., 2004; Sewalem et al., 2002). در تحقیق حاضر میزان واریانس توصیفی توسط QTL های یافت شده برای صفات رشد در بلدرچین ژاپنی نیز تنها ۱/۰۵ تا ۱/۶۳٪ از واریانس فنوتیپی صفات مذکور است که منطبق بر نتایج یافت شده در مورد مرغ می باشد.

نتیجه گیری کلی

قبل از تلاش برای تشخیص ژنهای موثر بر صفات کمی و ضریب دادن به آنها در برنامه های اصلاح نژادی حیوانات بر پایه انتخاب بر اساس نشانگرها (MAS) لازم

صورت کوتاه مدت مورد انتخاب قرار گرفته بودند و بنابراین احتمال اینکه آللهای QTL در این لاینها تثبیت شده باشند بعید بنظر می رسد، لذا در این تحقیق استفاده از طرح نانتی نسبت به طرح تلاقی لاینها ترجیح داده شد.

کواکل^۱ و همکاران (۱۹۹۳) در پالت های لگهورن سفید که به صورت آزاد تغذیه می شدند، دو فاز رشدی مختلف تعریف کردند که فاز اول رشد شامل رشد اسکلت، پردرآوری، ماهیچه سازی و تشکیل ارگانهای ضروری بدن می باشد که حداکثر تا سن ۶/۶ هفتگی از رشد مرغ رخ می دهد. اما فاز دوم که با بلوغ جنسی همراه است، حداکثر تا سن ۱۴ هفتگی رخ می دهد. این فازها مطابق با QTL های شناسایی شده برای وزن در سنین مختلف در مرغ می باشد. همچنین سیوک^۲ و همکاران (۲۰۰۴) که در تلاقی بین دو لاین تخمگذار و انتخاب شده بر اساس پاسخ ایمنی به آنتی ژنهای غیر عفونی^۳، نشان دادند ژنهای کنترل کننده صفات وزن بدن در سنین اولیه با ژنهای کنترل کننده صفات وزن بدن در سنین بالاتر متفاوت می باشد و QTL های شناسایی شده برای این دو دسته از صفات بر روی کروموزومهای متفاوتی قرار گرفته اند. این نتایج در نقشه یابی QTL برای وزن بدن در تلاقی دو لاین مرغ گوشتی و تخمگذار که توسط سوالم^۴ و همکاران (۲۰۰۲) انجام شد نیز تایید شد. این محققین برای وزن بدن در سنین ۶ و ۹ هفتگی QTL های معنی دار بر روی کروموزومهای ۲، ۴، ۷ و ۸ شناسایی نمودند. این در حالی بود که برای سنین ابتدایی رشد (۳ هفتگی) در این نواحی QTL شناسایی نشد. اما در بلدرچین ژاپنی تحقیقات نشان داده است که رشد اندامهای جنسی و بلوغ جنسی از سن ۳ تا ۴ هفتگی آغاز می شود (Miniville et al., 2007; Moritsu et al., 1997). اینرو انتظار می رود الگوی رشد بلدرچین از این سن به بعد با سنین اولیه متفاوت می باشد. همچنین جایگاههای QTL های مورد بررسی برای این دو گروه

1. Kwakkele

2. Siwek

3. immune response to complex noninfectious antigens

4. Sewalem

شده بود، تایید شد و این مساله ضرورت بررسی های دقیق تر و با تعداد بیشتر نشانگر را در این نواحی نشان می دهد.

است که QTL های شناسایی شده در ژنوم حیوانات در جمعیت های متفاوت و مستقل تایید گردد. در تحقیق حاضر وجود QTL در نقاطی که در گذشته نیز QTL معنی دار برای صفات رشد شناسایی

REFERENCES

1. Beaumont, C., Roussot, O., Fève, K., Plisson-Petit, F., Leroux, S., Pitel, F., Faure, J. M., Mills, A. D., Guémené, D., Leterrier, C., Sellier, N., Mignon-Grasteau, S., Sellier, N., Le Roy, P., Perez-Enciso, M. & Vignal, A. (2005). Genetic analysis of tonic immobility in Japanese quail with AFLP markers. *Animal Genetic*, 36, 000-000.
2. Churchill, G. A. & Doerge, R. W. (1994). Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*, 138, 963-971.
3. Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman, London.
4. Gilmour, A. R., Cullis, B. R., Welham, S. J. & Tompson, R. (2002). *ASREML*. NSW Agriculture, Orange, Australia.
5. Grosso, J. L. B. M., Balieiro, J. C. C., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., Mattos, E. C. & Michelan Filho, T. (2010). Comparison of different models to estimate genetic parameters for carcass traits in a commercial broiler line. *Genetics and Molecular Research*, 9, 908-918.
6. Helms, C. (1990). Salting out procedure for human DNA extraction. In the doniskeller lab- lab manual home page (online). [http://hdkklab.Wustl.edu/ lab manual/dna/dna2.html](http://hdkklab.Wustl.edu/lab%20manual/dna/dna2.html).
7. Jennen, D. G. J., Vereijken, A. L. J., Bovenhuis, H., Crooijmans, R. M. P. A., van der Poel, J. J. & Groenen, M. A. M. (2005). Confirmation of quantitative trait loci affecting fatness in chicken. *Genetic Selection Evolution*, 37, 215-228.
8. Kayang, B. B., Vignal, A., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Monvoisin, J. L., Ito, S. & Minvielle, F. (2004). A first generation micro satellite linkage map of the japaneas quail. *Animal Genetic*, 35, 195-200.
9. Kerje, S., Carlborg, Ö., Jacobsson, L., Schütz, K., Hartmann, C., Jensen, P. & Andersson, L. (2003). The twofold difference in adult size between the red jungle fowl and White Leghorn chickens is largely explained by a limited number of QTLs. *Animal Genetic*, 34, 264-274.
10. Kwakkel, R. P., Ducro, B. J. & Koops, W. J. (1993). Multiphasic analysis of growth of the body and its chemical components in White Leghorn pullets. *Poultry Science*, 72, 1421-1432.
11. Liu, X., Li, H., Wang, S., Hu, X., Gao, Y., Wang, Q., Li, N., Wang, Y. & Zhang, H. (2007). Mapping quantitative trait loci affecting body weight and abdominal fat weight on chicken chromosome one. *Poultry Science*, 86, 1084-1089.
12. Minvielle, F. (1998). Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world In: *Proceedings of the 6th Asian Pacific Poultry Congress*, Nagoya, Japan.
13. Minvielle, F., Kayang, B. B., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Vignal, A., Gourichon, D., Neau, A., Monvoisin, J. L. & Ito, S. (2005). Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genetic*, 6, 87-96.
14. Minvielle F., Gourichon, D., Ito, S., Inoue-Murayama, M. & Riviere, S. (2007). Effects of the Dominant Lethal Yellow Mutation on Reproduction, Growth, Feed Consumption, Body Temperature, and Body Composition of the Japanese quail. *Poultry Science*, 86, 1646-1650.
15. Moritsu Y., Nestor, K. E., Noble, D. O., Anthony, N. B. & Bacon, W. L. (1997). Divergent Selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix japonica*: 12. Heterosis in reciprocal crosses between divergently selected lines. *Poultry Science*, 76, 437-444.
16. Park, H., Jacobsson, L., Wahlberg, P., Siegel, P. B. & Andersson, L. (2006). QTL analysis of body composition and metabolic traits in a intercross between chicken lines divergently selected for growth. *Physiological Genomic*, 25, 216-223.
17. Roussot, O., Fève, K., Plisson-Petit, F., Pitel, F., Faure, J. M., Beaumont, C. & Vignal, A. (2003). AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. *Genetic Selection Evolution*, 35, 559-572.
18. SAS . (2000). SAS Release 8e. SAS, Institute Inc., Cary, NC
19. Sewalem, A., Morrice, D. M., Law, A., Windsor, D., Haley, C. S., Ikeobi, C. O., Burt, D. W. & Hocking, P. M. (2002). Mapping of quantitative trait loci for body weight at three, six, and nine weeks of age in a

- broiler layer cross. *Poultry Science*, 81, 1775-1781.
20. Siwek, M., Cornelissen, S. J. B., Buitenhuis, A. J., Nieuwland, M. G. B., Bovenhuis, H., Crooijmans, R. P. M. A., Groenen, M. A. M., Parmentier, H. K. & van der Poel, J. J. (2004). Quantitative trait loci for body weight in layers differ from quantitative trait loci specific for antibody responses to sheep red blood cells. *Poultry Science*, 83, 853-859.
 21. Tatsuda, K. & Fujinaka, K. (2001). Genetic mapping of the QTL affecting body weight in chickens using a F2 family. *British Poultry Science*, 42, 333-337.
 22. Toelle, V. D., Havenstein, G. B., Nestor, K. E. & Harvey, W. R. (1991). Genetic and phenotypic relationships in Japanese quail. 1. Body weight, carcass and organ measurements. *Poultry Science*, 70, 1679-1688.
 23. Tsudzuki, M. (2008). Mutations of Japanese quail (*coturnix japonica*) and recent advances of molecular genetics for this species. *Journal Poultry Science*, 45, 159-179.
 24. Vali, N., Edriss, M. A. & Rahmani, H. R. (2005). Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *Journal Poultry Science*, 4, 296-300.
 25. Van Kaam, J. B., Groenen, M., Bovenhuis, H., Veenendaal, A., Vereijken, A. L. & van Arendonk, J. A. (1999). Whole genome scan in chickens for quantitative trait loci affecting growth and feed efficiency. *Poultry Science*, 78, 15-23.
 26. Weller, J. I. (2001). Quantitative trait loci analysis in animals. CABI Publishing, London.