

شناسایی جایگاه‌های صفات کمی مؤثر بر صفات لاشه و اندام‌های داخلی کروموزوم شماره دو بلدرچین ژاپنی

احسان نصیری فر^{۱*}، علی اسمعیلی زاده کشکوئیه^۲، حسن مرادیان^۳ و سعید سهرابی^۴
 ۱. دانشجوی دکتری دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران، گروه علوم دامی، تهران
 ۲، ۳، ۴. دانشیار، کارشناس ارشد و دانشجوی دکتری گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی،
 دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان
 (تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۶/۲ - تاریخ تصویب: ۱۳۹۴/۶/۱۰)

چکیده

برای مکان‌یابی جایگاه‌های صفات کمی (QTL) مؤثر بر صفات لاشه و اندام‌های داخلی کروموزوم شماره دو بلدرچین ژاپنی، با استفاده از تلاقی متقابل دو سویه پرنده سفید (تخم‌گذار) و وحشی (گوشتی)، پرندگان نسل F₁ ایجاد شدند. ۴۲۲ پرنده نسل F₂ حاصل از تلاقی تصادفی پرندگان نسل F₁ در پایان دوره ۳۵ روزه پرورش کشتار شدند و رکوردبرداری فنوتیپی صفات مربوط به لاشه انجام گرفت و نمونه‌های خون آن‌ها برای تعیین ژنوتیپ چهار نشانگر ریزماهواره واقع روی کروموزوم دو جمع‌آوری شد. داده‌های مربوط به تعیین ژنوتیپ و رکوردبرداری فنوتیپی با روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر تابعیت و با استفاده از ۳ مدل آماری متفاوت مورد تجزیه و تحلیل QTL قرار گرفتند و در مجموع ۱۵ جایگاه معنادار مربوط به این صفات شناسایی شدند. در مدل اول تمامی صفات با اثر غلبه معنادار شدند. در مدل دوم تمامی صفات نزدیک نشانگر GUJ0084 قرار داشتند و اغلب صفات QTL‌های معناداری با اثرات غلبه و ایمپریتینگ داشتند. در مدل سوم نیز بیشتر صفات در جنس ماده و با اثر غلبه معنادار شدند. نتایج این پژوهش نقش توارث غیر مندلی (ایمپریتینگ ژنومی) و اثرات پلیوتروپی و تک‌ژنی را روی بعضی صفات نشان می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: ایمپریتینگ، بلدرچین ژاپنی، نشانگر ریزماهواره، نقشه‌یابی QTL.

مقدمه

در چند سال اخیر مطالعات نقشه‌یابی جایگاه‌های مؤثر بر صفات کمی در پرندگان، نواحی کروموزومی مرتبط با تنوع در صفات مهم اقتصادی را بررسی کرده است. هدف نهایی از این مطالعات عموماً شناسایی نشانگرهای ژنتیکی نزدیک به QTL (دارای عدم تعادل ناشی از پیوستگی با جایگاه مورد نظر) یا ژن‌های واقع‌شده در QTL (نشانگرهای مستقیم) و استفاده از این اطلاعات در برنامه‌های اصلاحی و انتخاب به کمک نشانگرهاست (Dekkers, 2004).

صفات مرتبط با لاشه، شامل وزن لاشه گرم و سرد، وزن اندام‌های داخلی بدن و قطعات لاشه، از جمله صفات کمی مهم و دارای ارزش اقتصادی در بلدرچین و سایر حیوانات گوشتی است که بهبود این صفات سبب بهبود کیفیت محصول می‌شود و در نهایت افزایش سود اقتصادی را به دنبال دارد. در حالت معمول، انتخاب برای این صفات بدین صورت است که تعدادی از حیوانات، کشتار شده و از اطلاعات به‌دست‌آمده، خویشاوندان نزدیک به آن‌ها ارزیابی می‌شوند. در این روش تعدادی از کاندیداهای انتخاب

حدود ۳۵ میلیون سال پیش انشقاق یافته‌اند (Kayang *et al.*, 2006). در زمینه نقشه‌یابی QTL برای صفات اقتصادی در مرغ، پژوهش‌های بسیاری انجام گرفته است. برای مثال در تلاقی دو لاین تجاری مرغ و با استفاده از یک طرح نانتی و آنالیز آن برای صفات رشد و لاشه، با استفاده از مدل تابعیت در نهایت QTLهایی را برای وزن لاشه، وزن ران و وزن بدن در ۴۰ روزگی روی کروموزوم شماره یک گزارش کردند (De Koning *et al.*, 2004). در مطالعه‌ای دیگر درباره مرغ با استفاده از روش نقشه‌یابی فاصله‌ای برای مکان‌یابی جایگاه‌های مؤثر بر وزن بدن و وزن چربی شکمی روی کروموزوم یک، QTLهای مؤثری را برای وزن لاشه، وزن بدن، درصد چربی شکمی و همچنین وزن چربی شکمی گزارش کردند (Liu *et al.*, 2007). در بوقلمون نیز در یک طرح F2 حاصل از تلاقی دو لاین تجاری، QTLهای معناداری برای صفات وزن بدن، بازده سینه (طول و عرض ماهیچه سینه، درصد گوشت سینه) و کیفیت گوشت (درصد افت لاشه، رنگ گوشت سینه و PH نهایی گوشت) گزارش شد (Aslam *et al.*, 2011).

تاکنون مطالعات مختلفی به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی برای بهبود صفات مختلف در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (Navarro *et al.*, 2005; Danyel *et al.*, 2005; McElroy *et al.*, 2006; Khaldari *et al.*, 2010; Vali *et al.*, 2005; Ayatollahi, 2008, 2012; Moradian *et al.*, 2014; Rezvannejad, 2014; Charati & Esmailzadeh, 2013). در این بین تعدادی از پژوهش‌ها، بر مطالعه پارامترهای ژنتیکی مؤثر بر برخی صفات مرتبط با لاشه بلدرچین تمرکز داشته‌اند (Khaldari *et al.*, 2010; Vali *et al.*, 2005; Moradian *et al.*, 2014). با وجود تلاش‌های فراوان برای ایجاد نقشه پیوستگی و شناسایی QTL در ژنوم مرغ، اطلاعات اندکی در خصوص نقشه‌یابی نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی در بلدرچین ژاپنی وجود دارد (Esmailzadeh *et al.*, 2012; Jabbari *et al.*, 2014; Sohrabi *et al.*, 2012, 2015; Moradian *et al.*, 2014). بنابراین هدف از این پژوهش شناسایی QTLهای مؤثر بر خصوصیات

از بین می‌روند و از طرفی ژن‌های مفید مربوط به افراد کشتار شده قابل بهره‌برداری نیستند که این خود علاوه بر کاهش صحت انتخاب، موجب کاهش شدت انتخاب نیز خواهد شد. همچنین علاوه بر موارد یادشده، رکوردگیری برای این صفات نیز امری دشوار و پرهزینه است. در روش‌های کلاسیک، بخشی از اطلاعات شجره و فنوتیپ حیوانات نیز به‌درستی ثبت نمی‌شوند که این موضوع نیز موجب کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود. بدیهی است که با روش‌های کلاسیک مبتنی بر اطلاعات فنوتیپی، اصلاح این صفات بسیار کند خواهد بود و این روش بازدهی نسبتاً پایینی خواهد داشت؛ بنابراین در صورت استفاده از نشانگرهای ژنتیکی و شناسایی جایگاه‌های ژنومی مرتبط با این صفات (QTL) برای انتخاب به کمک نشانگر (MAS)، به کشتار حیوان و صرف وقت و هزینه فراوان نیازی نیست (Dadpasand, 2010).

تهیه نقشه‌های ژنومی حیوانات مزرعه ایزاری ضروری در مطالعات صفات کمی و اقتصادی و همچنین مکان‌یابی QTLهای مرتبط با این صفات است. اطلاعات ژنتیکی بلدرچین ژاپنی به عنوان یکی از حیوانات مهم در صنعت دامپروری، برای کمک به توسعه برنامه‌های ژنتیکی آن در مقایسه با دیگر گونه‌های پرندگان موجود در صنعت دامپروری نظیر مرغ و بوقلمون بسیار اندک است و این پرده نقشه ژنومی بسیار ناقصی دارد (Kayang *et al.*, 2000). به‌طور عمده توسعه نقشه‌های ژنتیکی غنی از نشانگرهای ریزماهواره در ژنوم پرندگان کمتر از پستانداران است؛ چراکه فراوانی نشانگرهای ریزماهواره در ژنوم پرندگان، ۵-۷ برابر کمتر از پستانداران است (Primmer *et al.*, 1997). همچنین تعداد میکروکروموزوم‌های غیرقابل تشخیص در ژنوم پرندگان فراوان است و بنابراین نقشه‌یابی سیتوژنتیکی برای آن‌ها سخت و مشکل است (Schmid *et al.*, 2000). بیشترین تعداد نشانگرهای ریزماهواره‌ای در بین گونه‌های پرندگان در مرغ شناسایی شده است. شایان ذکر است که دو گونه مرغ و بلدرچین در رده‌بندی جانوری متعلق به خانواده Galliformes با کاربوتیپ یکسان و ۳۹ جفت کروموزوم (۲n=۷۸)،

شد (جدول ۱) و پرندگان هر سه نسل (۴۷۲ پرنده) برای این ۴ نشانگر ریزماهواره تعیین ژنوتیپ شدند. نشانگرهای ریزماهواره با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) و در حجم کلی ۲۵ میکرولیتر شامل: ۲ میکرولیتر DNA، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR، یک میکرولیتر $MgCl_2$ ، ۰/۵ میکرولیتر dNTP، یک میکرولیتر پرایمر رفت، یک میکرولیتر پرایمر برگشت، ۱۶/۵ میکرولیتر آب استریل و ۰/۳ میکرولیتر آنزیم تک پلی مراز به ازای هر نمونه، تکثیر یافتند. واکنش PCR در شرایط زیر انجام گرفت: واسرشته‌سازی ابتدایی (۵ دقیقه با دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد)، 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 توسط پلیمرز (۴۵ ثانیه با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد) و در نهایت مرحله بسط نهایی (۵ دقیقه با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد) (Zhan *et al.*, 2007). برای الکتروفورز محصولات PCR و تفکیک قطعات حاصل، از ژل پلی آکریل آمید واسرشته‌ساز ۸ درصد استفاده شد. برای رنگ‌آمیزی ژل از روش رنگ‌آمیزی نیترا نقره استفاده شد (Bassam *et al.*, 1991).

آنالیز آماری داده‌های فنوتیپی و آنالیز QTL

برای آنالیز داده‌های فنوتیپی جمع‌آوری‌شده از مدل آماری رابطه ۱ و نرم‌افزار ASReml استفاده شد.

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta(X_k - \bar{X}) + e_{ijk} \quad (1)$$

همچنین برای برآورد اثرات افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL (آنالیز QTL) از رابطه ۲ استفاده شد:

$$Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + \beta(X_k - \bar{X}) + aP_{ak} + dP_{dk} + iP_{ik} + e_{ijk} \quad (2)$$

در این مدل‌ها، Y_{ijk} فنوتیپ مشاهده‌شده افراد k ؛ μ میانگین جمعیت؛ H_i و S_j به ترتیب اثرات ثابت هج و جنس؛ β_k ضریب تابعیت فنوتیپ مشاهده‌شده روی وزن لاشه؛ X_k وزن لاشه فرد k ؛ a و d و i اثرات افزایشی (اختلاف ژنوتیپ‌های هموزیگوت qq با QQ)، غلبه (انحراف از میانگین Qq از میانگین دو ژنوتیپ

لاشه و برآورد اثر آن‌ها در یک جمعیت F2 بلدرچین ژاپنی بود.

مواد و روش‌ها

جمعیت نقشه‌یابی و رکوردگیری فنوتیپی

۸ جفت پرنده از سویه سفید (تخم‌گذار) و ۸ جفت پرنده از سویه وحشی (گوشتی) به عنوان نسل والد (P) انتخاب شدند و تلاقی دوطرفه‌ای بین آن‌ها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) انجام گرفت. ۳۴ پرنده (۹ پرنده نر و ۲۵ پرنده ماده) از بین پرندگان نسل F₁ برای تولید نسل دوم (F₂) انتخاب شدند. از تلاقی بین پرندگان نسل F₁، تعداد ۴۲۲ پرنده نسل F₂ (۲۴۶ پرنده نر و ۱۷۶ پرنده ماده) طی ۵ هج متوالی تولید شدند. برای تولید نسل اول (F₁)، هر پرنده نر در نسل P با یک پرنده ماده تلاقی داده شد و برای ایجاد نسل دوم (F₂)، در نسل F₁ هر پرنده نر با سه پرنده ماده (به‌صورت چرخشی و هر سه روز یک بار با یکی از پرندگان ماده) تلاقی داده شد تا از باروری پرندگان اطمینان حاصل شود. به‌منظور رکوردگیری فنوتیپی از پرندگان نسل F₂، کشتار در ۳۵ روزگی (در این سن پرندگان به بلوغ جنسی رسیده و از وزن نسبتاً خوبی برخوردار بودند) انجام گرفت و رکوردهای مربوط به وزن اندام‌های مختلف (وزن سینه - وزن قلب - وزن سر - وزن طحال - وزن پیش‌معه - وزن غده اروپجیال - وزن روده) با استفاده از قیچی جراحی با دقت تفکیک شد. ۱۲ ساعت قبل از کشتار به پرندگان گرسنگی داده شد و نمونه‌برداری توسط یک نفر با ترازویی به دقت ۰/۰۱ گرم انجام گرفت.

استخراج DNA و تعیین ژنوتیپ

هنگام کشتار از تمام پرندگان خون‌گیری شد و نمونه‌های خون وارد لوله‌های حاوی ماده ضدانعقاد EDTA شد. سپس نمونه‌ها به فریزر منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. DNA با روش نمکی استخراج شد (Miller *et al.*, 1988). در این پژوهش، ۴ جایگاه ریزماهواره روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی، مطالعه

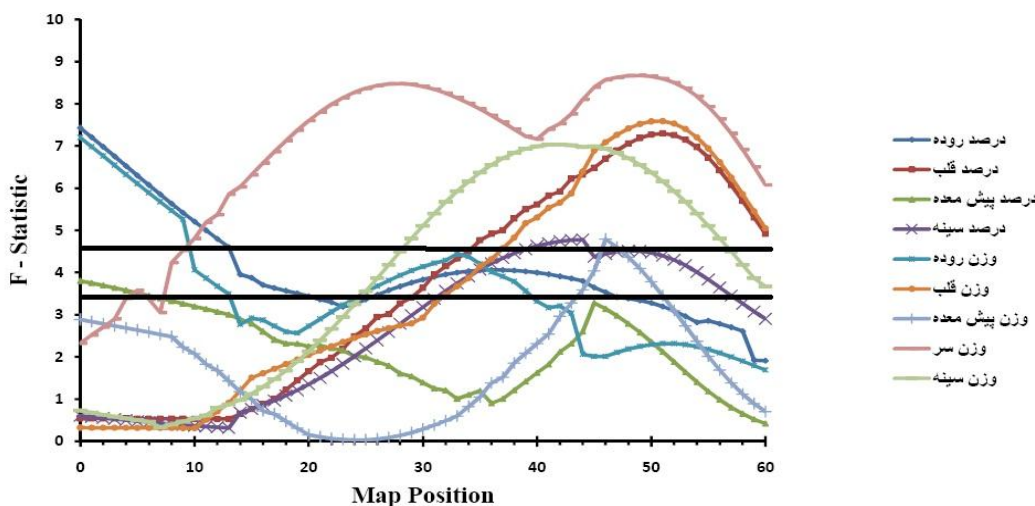
رتبه‌بندی شدند. آنالیزها با استفاده از نرم‌افزار آنالیز رتبه‌بندی شد. GridQTL صورت گرفت.

نتایج و بحث

خلاصه آماری داده‌های فنوتیپی در جدول ۲ ارائه شده است. سه مدل آماری مختلف در این تحقیق برآزش شد. در مدل اول اثرات افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ برای ۹ صفت معنادار شد. صفات وزن قلب ($P < 0.01$)، درصد قلب ($P < 0.01$)، وزن سر ($P < 0.01$)، وزن پیش‌معدده ($P < 0.05$)، درصد سینه ($P < 0.05$) و وزن سینه ($P < 0.01$) به ترتیب در موقعیت‌های ۵۱، ۵۱، ۴۹، ۴۵، ۴۴، ۴۲ سانتی مورگان قرار داشتند و نزدیک‌ترین نشانگر به آن‌ها GUJ0073 بود. وزن روده ($P < 0.01$)، درصد پیش‌معدده ($P < 0.05$) و درصد روده ($P < 0.01$) هر سه در موقعیت صفر سانتی مورگان قرار داشتند و نزدیک‌ترین نشانگر به آن‌ها GUJ0069 بود. ۴ صفت وزن سر ($P < 0.01$)، وزن پیش‌معدده ($P < 0.05$)، درصد سینه ($P < 0.05$) و وزن سینه ($P < 0.01$) با اثر غلبه منفی^۱ معنادار شدند (وزن سر علاوه بر غلبه، اثر افزایشی منفی نیز داشت) و بقیه صفات اثر غلبه مثبت داشتند (جدول ۳ و شکل ۱).

هموزیگوت qq و QQ) و ایمپرینتینگ (تفاوت دو ژنوتیپ هتروزیگوت Qq در مقابل qq). P_{ak} ، احتمال شرطی حیوان k برای حمل آلل سویه وحشی، P_{dk} ، احتمال شرطی حیوان k که هتروزیگوس باشد و P_{ik} احتمال شرطی حیوان k که هتروزیگوس است و آلل سویه وحشی را از پدرش به ارث برده و e_{ijk} ، اثر تصادفی باقیمانده است. علاوه بر مدل فوق، اثرات متقابل هج و جنس با اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL نیز در دو مدل (مدل ۲ مدل پایه است) دیگر برآورد شد.

برای آنالیز QTL از روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر تابعیت استفاده شد (Haley *et al.*, 1994). بر اساس مدل‌های آماری فوق، یک QTL در فواصل یک سانتی مورگان در طول کروموزوم ۲ برآزش گردید. نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود، به‌عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. تعیین آستانه‌های معنادار کروموزومی در سطوح ۵ درصد و ۱ درصد با استفاده از روش تبدیل، محاسبه شد (Doerge & Churchill, 1994). مقادیر به‌دست‌آمده از آنالیز ده هزار سری داده برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم QTL،



شکل ۱. پروفیل آماره F حاصل از برآزش مدل اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL. خط‌های افقی آستانه‌های معناداری در سطح ۱ و ۵ درصد را نشان می‌دهد.

۱. مثبت یا منفی بودن اثر غلبه ناشی از جایگاه شناسایی شده می‌تواند نشان‌دهنده این موضوع باشد که در این جایگاه، متوسط فنوتیپ مشاهده‌شده مربوط به ژنوتیپ هتروزیگوت، بیشتر یا کمتر از میانگین فنوتیپ‌های ناشی از هر کدام از دو ژنوتیپ هموزیگوت است. برای مثال اگر اثر غلبه مثبت باشد، نشان می‌دهد که احتمالاً آلل‌هایی که موجب تحریک رشد بیشتر می‌شوند، بر آلل‌هایی که موجب تحریک رشد کمتر می‌شوند، غلبه دارند.

جدول ۱. مشخصات کلی نشانگرهای ریزماهواره مورد مطالعه در این تحقیق

نشانگر	موقعیت ^۱ (cM)	توالی آغازگر		دامنه اندازه ^۳ آللی (bp) ^۲
		برگشت '3'-5'	رفت (3'-5')	
GUJ0073	۰	CAACTGCAAAGACAACATCC	GCTGCTATTCTGTTGATGTG	۱۶۰-۱۴۴
GUJ0069	۱۳	CACCAACCACCTTCATCTTC	TTCAGGGTAGCAGTCATCTC	۲۱۱-۲۰۱
GUJ0084	۴۴	TCCCGTCTCCCGATGTGTTT	ACTCCTCCTCTTTCTCCCTC	۱۶۵-۱۵۹
GUJ0093	۶۰	AGCCATAGAGGGCTATTAAG	CTCTGTATTGTAAGTGGGC	۲۳۱-۲۱۳

۱. موقعیت نشانگرها روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی بر اساس نقشه پیوستگی، ۲. Base pair (جفت باز)، ۳. دمای بهینه اتصال آغازگر به رشته الگو.

جدول ۲. خلاصه آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی پرندگان نسل F₂

صفت	تعداد ^۱	میانگین ^۲	حد اقل	حداکثر	انحراف معیار باقی مانده	درصد ضریب تغییرات
وزن سینه	۴۲۲	۳۶/۹۰	۱۴/۳۹	۵۴/۸۰	۳/۱۰	۸/۳۹
وزن ران	۴۲۲	۲۱/۴۰	۹/۹۱	۳۰/۰۸	۱/۶۴	۷/۶۷
وزن قلب	۴۲۲	۱/۳۰	۰/۵۹	۲/۰۱	۰/۱۶	۱۳/۱۸
وزن سر	۴۲۲	۵/۹۰	۴/۰۶	۷/۵۳	۰/۲۹	۵/۰۰
وزن طحال	۴۱۶	۰/۱۰	۰/۰۲	۰/۲۳	۰/۰۳	۳۲/۴۲
وزن پیش‌معدده	۴۲۱	۰/۶۰	۰/۰۵	۰/۹۲	۰/۱۰	۱۵/۵۴
وزن غده اروپجیال	۴۰۰	۰/۳۰	۰/۰۳	۰/۶۵	۰/۰۷	۲۵/۹۷
وزن روده	۴۲۲	۷/۰۰	۳/۴۶	۱۵/۱۴	۱/۱۴	۱۶/۲۳
درصد روده	۴۲۱	۶/۲۱	۳/۳۶	۱۳/۸۳	۱/۱۵	۱۸/۵۱
درصد پیش‌معدده	۴۱۹	۰/۵۶	۰/۶۰	۱/۱۲	۰/۹۶	۱۷۳/۱۳
درصد قلب	۴۲۱	۱/۰۹	۰/۶۱	۱/۹۹	۰/۴۴	۴۱/۰۲
درصد سر	۴۲۱	۵/۲۲	۳/۶۴	۸/۶۷	۰/۹۳	۱۷/۹۷
درصد سینه	۴۲۱	۳۵/۲۹	۳/۹۰	۴۷/۶۳	۲/۹۱	۸/۲۴
درصد طحال	۴۱۵	۰/۷۸	۰/۲۰	۰/۲۰	۰/۸۶	۱۱۰/۲۸
درصد بورس	۴۰۹	۰/۱۱	۰/۳۰	۰/۳۷	۰/۳۸	۳۵۲/۰۸

۱. تعداد مشاهدات برای هر صفت، ۲. میانگین تصحیح شده برای اثرات ثابت جنس و هج.

جدول ۳. خلاصه نتایج آنالیز اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL

نشانگر ^۷	V _{QTL} ^۶	اثر QTL			آماره ^۵ F	موقعیت ^۱ (cM)	صفت
		A (SE) ^۵	D (SE) ^۴	I (SE) ^۳			
GUJ0084	۴/۱۹	-۰/۰۴(۰/۲۴)	-۰/۴۸(۰/۱۱)	-۰/۵۰(۰/۲۷)	۷/۰۴**	۴۲	وزن سینه
GUJ0069	۴/۳۰	۰/۲۰(۰/۱۴)	۰/۷۶(۰/۱۴)	۰/۱۱(۰/۱۳)	۷/۲۰**	۰	وزن روده
GUJ0084	۴/۳۵	-۰/۰۱(۰/۰۲)	۰/۶۶(۰/۱۴)	۰/۰۲(۰/۰۲)	۷/۵۹**	۵۱	وزن قلب
GUJ0084	۵/۳۴	-۰/۳۱(۰/۰۹)	-۰/۵۴(۰/۱۳)	-۰/۰۳(۰/۰۳)	۸/۶۷**	۴۹	وزن سر
GUJ0084	۳/۱۶	-۰/۰۱(۰/۰۱)	-۰/۴۶(۰/۱۲)	-۰/۰۱(۰/۰۱)	۴/۹۵*	۴۵	وزن پیش‌معدده
GUJ0084	۲/۶۶	-۰/۰۸(۰/۲۸)	-۰/۴۸(۰/۱۳)	-۰/۴۳(۰/۳۱)	۴/۷۸*	۴۴	درصد سینه
GUJ0084	۴/۷۸	۰/۰۰(۰/۰۱)	۰/۲۲(۰/۰۵)	۰/۰۱(۰/۰۲)	۷/۳۰**	۵۱	درصد قلب
GUJ0073	۲/۱۱	۰/۰۰(۰/۰۱)	۰/۰۶(۰/۰۲)	۰/۰۱(۰/۰۱)	۳/۸۰*	۰	درصد پیش‌معدده
GUJ0073	۴/۴۴	۰/۱۷(۰/۱۴)	۰/۸۰(۰/۱۷)	۰/۰۵(۰/۱۴)	۷/۴۳**	۰	درصد روده

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. * و ** به ترتیب اثر معنادار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم، ۳. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۴. اثر غلبه QTL، ۵. اثر ایمپرینتینگ QTL، ۶. واریانس QTL، ۷. نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL.

جدول ۴. خلاصه نتایج آنالیز اثر متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با هج

صفت	موقعیت ^۱ (cM)	آماره ^۲ F	V _{QTL} ^۳	نشانگر ^۴	هج	اثر متقابل QTL و هج		
						δ_A (SE)	δ_D (SE)	δ_I (SE)
وزن طحال	۳۲	۲/۳**	۰/۰۱	GUJ0084	۱	-۰/۸۱(۰/۲۷)	-	۱/۱۴(۰/۳۳)
وزن ران	۴۵	۱/۹۷*	۳/۴۱	GUJ0084	۲	-	-	-۰/۶۱(۰/۲۱)
وزن سینه	۴۲	۲/۴۷*	۵/۰۴	GUJ0084	۲	-	-۰/۸۱(۰/۲۶)	-۰/۴۹(۰/۲۲)
وزن پیش‌معدده	۴۵	۲/۱۳*	۴/۲۱	GUJ0084	۴	-	-۰/۷۱(۰/۲۴)	-
وزن قلب	۵۰	۲/۱۰*	۳/۵۶	GUJ0084	۵	-	۱/۰۷(۰/۳۰)	-
وزن سر	۳۰	۳/۰۵**	۶/۹۴	GUJ0084	۱	-	-۱/۰۵(۰/۳۸)	-
درصد روده	۴۲	۲/۶۲**	۵/۵۳	GUJ0084	۳	-	۱/۶۵(۰/۳۴)	-
درصد طحال	۳۲	۲/۹۸**	۰/۰۱	GUJ0084	۲	-۰/۰۳(۰/۰۱)	-	۰/۰۴(۰/۰۱)
درصد قلب	۵۰	۲/۰۷*	۳/۸۳	GUJ0084	۳	-	۰/۳۵(۰/۱۰)	-
درصد سر	۴۱	۲/۰۱*	۳/۵۳	GUJ0084	۲	-	-	۰/۳۲(۰/۱۳)
درصد بورس	۴۵	۲/۰۳*	۳/۵۸	GUJ0084	۲	-	-۲/۶۲(۰/۸۷)	-۰/۳۹(۰/۱۳)
درصد سینه	۴۵	۲/۳۸*	۴/۷۶	GUJ0084	۳	-	-۱/۰۰(۰/۳۱)	-۰/۶۴(۰/۲۷)

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. * و ** به ترتیب اثر معنادار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL، ۷. اثر ایمپرینتینگ QTL.

جدول ۵. خلاصه نتایج آنالیز اثر متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با جنس

صفت	موقعیت ^۱ (cM)	آماره ^۲ F	V _{QTL} ^۳	نشانگر ^۴	جنس	اثر متقابل QTL و جنس		
						δ_A (SE)	δ_D (SE)	δ_I (SE)
وزن اروپیجیال	۴۵	۲/۹۸*	۰/۰۱	GUJ0084	۲	-	-	۰/۳۹(۰/۱۳)
وزن سینه	۴۲	۳/۶۳**	۳/۶۷	GUJ0084	۲	-	-۰/۵۶(۰/۱۴)	-
وزن سر	۲۷	۴/۹۷**	۵/۴۷	GUJ0069	۲	-۰/۴۵(۰/۱۵)	-۰/۶۴(۰/۲۱)	-
وزن پیش‌معدده	۴۸	۳/۷۴**	۴/۲۱	GUJ0084	۱	-	-	-۰/۳۸(۰/۱۵)
وزن قلب	۵۱	۳/۸۲**	۳/۹۵	GUJ0084	۲	-	-۰/۵۹(۰/۱۸)	-
وزن روده	۰	۴/۰۶**	۴/۲۵	GUJ0073	۱	-	۰/۶۳(۰/۲۷)	-
درصد روده	۰	۴/۳۲**	۴/۵۸	GUJ0073	۲	-	۰/۶۸(۰/۱۹)	-
درصد قلب	۵۱	۳/۶۷**	۳/۸۳	GUJ0084	۲	-	۰/۹۳(۰/۲۳)	-
درصد سینه	۴۶	۲/۷*	۲/۳۹	GUJ0084	۱	-	۰/۲۰(۰/۰۷)	-
					۲	-	۰/۲۳(۰/۰۶)	-
					۲	-	-۰/۶۹(۰/۱۸)	-

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. * و ** به ترتیب اثر معنادار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL، ۷. اثر ایمپرینتینگ QTL.

داشتند و بیشتر این صفات در هج‌های ۲ و ۳ دارای بیشترین اثر معنادار بودند و اغلب این صفات QTL‌های معناداری با اثرات غلبه و ایمپرینتینگ

در مدل دوم که شامل اثر متقابل QTL افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ با هج بود، ۱۲ صفت معنادار شد. تمامی این صفات نزدیک به نشانگر GUJ0084 قرار

است که در انتقال غذا از مادر به جنین و نوزاد به‌دنیای‌آمده، نقش مهمی دارد. ایمپرینتینگ نابجا نیز موجب بیماری‌های مختلف و سندروم می‌شود (Reik & Walter, 2001).

صفتی که در مدل‌های مختلف نزدیک یک نشانگر خاص دارای QTL معنادارند، به احتمال زیاد نشان‌دهنده اثر بالقوه پلیوتروپی است. صفات وزن سینه، وزن قلب، وزن پیش‌مده، درصد سینه، درصد قلب در هر سه مدل نزدیک به نشانگر GUJ0084 معنادار شدند. وزن طحال و درصد طحال دارای QTL معنادار با هر سه اثر توأم افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ بود و درصد واریانس فنوتیپی برای این صفات ۰/۰۱ بود.

منظور از واریانس فنوتیپی ناشی از QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که به‌وسیله QTL ایجاد می‌شود. واریانس QTL برآوردی در این تحقیق برای QTL‌هایی با اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ در محدوده ۲/۱۱-۴/۷۸ درصد، برای QTL‌های با اثر متقابل QTL افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ با هیچ در محدوده ۰/۰۱-۵/۵۳ درصد و برای QTL‌های با اثر متقابل QTL افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ با جنس در محدوده ۰/۰۱-۵/۴۷ درصد بود.

با توجه به اینکه ایجاد تمام جمعیت F_2 یک‌باره و طی یک هیچ امکان‌پذیر نبود، برای تولید حداکثر نتایج F_2 به ازای هر کدام از والدین نر، در طی پنج هیچ متوالی این جمعیت ایجاد شد. بنابراین اثر هیچ به عنوان یک اثر ثابت تأثیر شایان توجهی در شناسایی جایگاه‌های مورد نظر داشت.

شایان ذکر است در مدل سوم بیشتر صفات در جنس ماده و با اثر غلبه معنادار شدند که یکی از دلایل آن می‌تواند وزن بیشتر و جثه بزرگ‌تر پرندگان ماده در مقایسه با نرها در بلدرچین باشد (Vali *et al.*, 2005).

هدف از این تحقیق، مکان‌یابی QTL در بلدرچین ژاپنی بود و این اولین گزارش از بررسی و موقعیت‌یابی جایگاه‌های اثرگذار روی صفات مهم تجاری مرتبط با لاشه و اجزای آن روی کروموزوم ۲ در بلدرچین ژاپنی بود.

صفات لاشه مانند وزن سینه و وزن ران از لحاظ اقتصادی اهمیت فراوانی دارند و در این تحقیق برای

این صفات QTL‌هایی یافت شد که در اصلاح نژاد طیور، صفاتی حائز اهمیت هستند. علاوه بر این صفات، برای اجزای لاشه (وزن قلب، وزن پیش‌مده، وزن طحال و...) نیز در هر سه مدل، QTL‌های معناداری یافت شد که هر یک از این اجزا می‌توانند مستقیم یا غیرمستقیم بر صفات اقتصادی مهم در طیور تأثیرگذار باشند. صفات مرتبط با اجزای لاشه مجموعه زیادی از صفات تأثیرگذار بر جایگاه‌های مختلف هستند که اشتها، مقدار مصرف خوراک، تخصیص مواد مغذی، ترکیب بدنی، نرخ متابولیسم، فعالیت فیزیکی و فعالیت تولیدمثلی و ... را تحت تأثیر قرار می‌دهد. برای مثال، طحال نقش مهمی در تشکیل بافت لنفی جنینی دارد. در زمان هیچ، طحال یک ارگان لنفاوی ثانویه محسوب می‌شود که محیط مناسبی را برای اثر متقابل میان سلول‌های لنفاوی و غیرلنفاوی فراهم می‌کند (Davison *et al.*, 2008). طحال به عنوان بخشی از سیستم ایمنی بدن به تولید (برای مثال، گلبول سفید خون) و ذخیره‌سازی سلول‌های خونی می‌پردازد و در واقع جزئی از سیستم گردش خون محسوب می‌شود. نقش بورس فابریسیوس تولید آنتی‌بادی است. ایمنی‌زایی توسط بورس برای طیور ضروری است. بورس منبعی از لنفوسیت‌های B را فراهم می‌کند که تولیدکننده آنتی‌بادی هستند. اگر بورس در اوایل رشد (۶۰ ساعت اولیه) از بین برود، جوجه‌ها قادرند فقط IgM غیراختصاصی تولید کنند و قادر به پاسخ‌های آنتی‌بادی خاص نیستند (Davison *et al.*, 2008). از طرف دیگر نیز ایمنی هومورال مهم‌ترین مکانیسم دفاعی در برابر میکروب‌های خارج سلولی و ترشحات سمی آن‌هاست. مسئول اصلی این نوع ایمنی سلول‌های B هستند Glick (1994) که منشأ آن‌ها در پستانداران مغز استخوان و در پرندگان بورس فابریسیوس است. بنابراین اعتقاد بر این است که بورس در پرندگان مانند تیموس چندین فعالیت اندوکرینی در ارتباط با رشد و تولیدمثل دارد (Glick *et al.*, 1956). پس طحال و بورس هر دو به نحوی در ایمنی، رشد و تولیدمثل پرنده نقش دارند. از طرف دیگر وزن بدن تحت کنترل مکانیسم ژنتیکی پیچیده‌ای قرار دارد که کشف مکانیسم مولکولی

QTL و همچنین در تلاقی *Fayoumi*، برای درصد طحال در سطح ۱ درصد ژنومی در موقعیت ۹۰ سانتی‌مورگان و برای وزن و درصد گوشت سینه، وزن قلب و وزن طحال و درصد طحال به ترتیب در موقعیت‌های ۴۳۵، ۴۲۲، (۵۰۱، ۲۸۶/۹ و ۲۴۲/۷)، ۹۰ و ۹۴/۵ سانتی‌مورگان نیز QTL معنادار روی کروموزوم ۲ یافت شد. همچنین *Ikeobi et al.* (2004) روی کروموزوم ۲ برای صفت ماهیچه سینه با استفاده از وزن لاشه به عنوان کواریت در یک جمعیت F_2 از لاین‌های لگهورن سفید جوجه‌های گوشتی تجاری QTL معنادار شناسایی کردند (*Zhou et al.*, 2006). در تحقیق دیگری که روی جمعیت مرغ انجام گرفته بود، برای وزن طحال در موقعیت‌های صفر، ۱۱۱/۳۹، ۲۵۹/۴۷ و ۲۶۲/۷۲ سانتی‌مورگان روی کروموزوم ۲، QTL معنادار شناسایی شد (*Lei et al.*, 2012). در گزارش‌های سایر محققان درباره مرغ، با اینکه موقعیت‌های شناسایی شده دقیقاً مطابق با نشانگرهای موردبررسی در این پژوهش یا در نزدیکی آن‌ها نیستند، اما در صفاتی مانند درصد و وزن سینه و وزن طحال با توجه به فواصل، می‌توان آن‌ها را به موقعیت‌های گزارش شده در پژوهش حاضر نزدیک قلمداد کرد. برای درصد سر در موقعیت ۲۲۴ سانتی‌مورگان نیز QTL معناداری با اثر افزایشی منفی یافت شد (*Baron et al.*, 1991). وزن بورس فابرسیوس نیز در پلیموت راک سفید در یک طرح تلاقی لاین، روی کروموزوم ۱۷ و ۲۶ به ترتیب در موقعیت‌های ۳۲ و ۱۷ سانتی‌مورگان QTL معناداری را نشان داد (*Park et al.*, 2006). نتایج این پژوهش نیز در موقعیت ۴۵ سانتی‌مورگان برای وزن بورس فابرسیوس جایگاه معناداری را شناسایی کرد که اولین گزارش برای این صفت روی کروموزوم ۲ است.

نتیجه‌گیری کلی

تاکنون چندین تحقیق با هدف نقشه‌یابی صفات اقتصادی در بلدرچین ژاپنی انجام گرفته که در هیچ‌یک از این پژوهش‌ها صفات مرتبط با لاشه در نظر گرفته نشده است و این اولین گزارش در زمینه نقشه‌یابی QTL‌های مؤثر بر صفات مرتبط با لاشه در

مربوط به صفات لاشه و اجزای آن، می‌تواند در انتخاب کارآمد صفات مهم تجاری مؤثر باشد.

با توجه به اینکه تحقیقات مشابهی که صفات لاشه را در بلدرچین و روی کروموزوم شماره دو، نقشه‌یابی کرده باشد، وجود ندارد؛ بنابراین با مقایسه موقعیت QTL‌های شناسایی شده روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی با موقعیت QTL‌های گزارش شده برای صفات مشابه در مرغ، می‌توان این بخش از ژنوم را از لحاظ ساختاری بررسی کرد.

در تحقیقی از تلاقی جوجه‌های گوشتی و تخم‌گذار، QTL‌های معنادار برای درصد اجزای لاشه یافت شد. برای صفت درصد سینه در موقعیت‌های ۱۵۶ و ۲۴۲ سانتی‌مورگان روی کروموزوم ۲، QTL معناداری با اثر افزایشی مثبت کشف شد (*Baron et al.*, 1991). همچنین برای درصد ماهیچه سینه در موقعیت‌های ۷۶/۱ و ۹۳/۴ سانتی‌مورگان *McElroy et al.* (2006) و برای وزن ماهیچه سینه در جمعیت پلیموت راک سفید روی کروموزوم ۲ در موقعیت‌های ۷۷ و ۴۰۳ و ۳۹۲ سانتی‌مورگان QTL معنادار یافت شد (*Gil et al.*, 2008). در تحقیق دیگری چند QTL معنادار از صفات وزن چربی محوطه شکمی در موقعیت ۱۳ سانتی‌مورگان با اثر افزایشی، درصد وزن فیله (وزن زنده بعد از انتقال به مرکز فراوری) با اثر مادری منفی در موقعیت ۶۷ سانتی‌مورگان، درصد وزن گوشت سفید (وزن زنده بعد از انتقال به مرکز فراوری) در موقعیت ۶۹ سانتی‌مورگان با اثر مادری منفی و ۸۶ سانتی‌مورگان با اثر افزایشی منفی، درصد وزن لاشه بدون احشای داخلی (وزن زنده بعد از انتقال به مرکز فراوری) در موقعیت ۱۶۳ سانتی‌مورگان با اثر غلبه روی کروموزوم ۲ جوجه‌های گوشتی تجاری یافتند (*McElroy et al.*, 2006). در مطالعه‌ای دیگر تلاقی‌های F_2 منحصربه‌فردی از لاین نر تجاری جوجه‌های گوشتی و ۲ لاین همخون که از نظر ژنتیکی مجزا بودند (*Leghorn* و *Fayoumi*) برای شناسایی QTL مؤثر بر صفات لاشه در مرغ اجرا شد. در تلاقی *Leghorn*، برای وزن گوشت سینه در سطح ۱ درصد ژنومی و وزن قلب در سطح ۱ درصد کروموزومی در موقعیت ۲۳۸ و ۲۷۲ سانتی‌مورگان

سپاسگزاری

هزینه این تحقیق از محل گرانت پژوهشی دانشگاه شهید باهنر کرمان به نگارنده دوم مقاله تأمین شده است. نگارندگان مقاله از کارکنان ایستگاه دامپروری دانشگاه شهید باهنر کرمان و دانشجویان بخش علوم دامی، تشکر و قدردانی می‌گردند.

بلدرچین ژاپنی است. در این تحقیق تعدادی از نواحی ژنومی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره دو بلدرچین ژاپنی شناسایی شد. نتایج این پژوهش نقش توارث غیرمندلی (ایمپرینتینگ ژنومی) و اثرات پلیوتروپی و تک‌ژنی را در چندین صفت لاشه که در اصلاح نژاد بلدرچین اهمیت دارند، نشان می‌دهد.

REFERENCES

1. Aslam, M.L., Bastiaansen, JWM., Crooijmans, RPMA., Vereijken, A., Megens, H-J. & Groenen, M.A.M. (2011). Whole genome QTL mapping for growth, meat quality and breast meat yield traits in turkey. *BMC Genetics*, 12, 61.
2. Ayatollahi-Mehrgardi, A. (2008). Divergent selection for growth and reproduction traits in Japanese quail. *Ph. D. dissertation, University of Tehran*. (in Farsi)
3. Ayatollahi A. (2012) Divergent selection for four-week body weight in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*): response to selection and realized heritability. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 1(1), 61-64.
4. Baron, E.E., Moura, A.S.A.M.T., Ledur, M.C., Pinto, L.F.B., Boschiero, C., Ruy, D.C., Nones, K., Zanella, E.L., Rosa rio, M.F., Burt, D.W. & Coutinho, L.L. (1991). QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, 1365-2052.2010.02105.
5. Bassam, B.J., Caetano-Anollés, G. & Gresshoff, PM. (1991). Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical Biochemistry*, 196, 80-83.
6. Charati, H. & Esmailzadeh, A.K. (2013). Carcass traits and physical characteristics of eggs in Japanese quail as affected by genotype, sex and hatch. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 2 (1), 59-64.
7. Churchill, GA. & Doerge, RW. (1994). Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*, 138, 963-971.
8. Dadpasand, M. (2010). *Principles of animal breeding*. (1st ed.), Shiraz University Publications. (In Farsi)
9. Davison, F (Ed.), Kaspers, B (Ed.) & Karel, A. (Ed.) (2008) *Avian Immunology*. (1st ed.) Academic Press is an imprint of Elsevier, ISBN: 978-0-12-370634-8.
10. Dekkers, J. C. (2004). Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82(E-Suppl.), E313-E328.
11. De Koning, D J., Haley, C S., Windsor, D., Hocking, P M., Griffin, H., Morris, A., Vincent, J. & Burt, D W. (2004). Segregation of QTL for production traits in commercial meat-type chickens. *Genetical research*, 83 (3), 211-20.
12. Esmailzadeh, A.K., Baghizadeh, A. & 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, 64-68.
13. Gil, A., Shula, B., Marc, F., Avigdor, C., Uri, L. & Jossi, H. (2008). QTLs detected in a multigenerational resource chicken population. *The Journal of heredity*, 99 (5), 528-38.
14. Glick, B., Timothy, S., Chang, R. & Jaap, G. (1956). The bursa of fabricius and antibody production. *Poultry Science*, 35(1), 224-225.
15. Glick, B. (1994). The bursa of fabricius: the evolution of a discovery. *Poultry Science*, 73(7):979-83.
16. Haley, CS., Knott, SA. & Elsen, JM. (1994) Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. *Genetics*, 136, 1195-1207.
17. Jabbari Ori, R., Esmailzadeh, AK., Charati, H., Mohammadabadi, MR. & Sohrabi, SS. (2014). Identification of QTL for live weight and growth rate using DNA markers on chromosome 3 in an F2 population of Japanese quail. *Molecular Biology Reports*, 41, 1049-1057.
18. Jenne 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 chickens. *Genetics Selection Evolution*, 37, 215-228.
19. Kayang, B.B., Inoue-Murayama, M., Nomura A., Kimura K., Takahashi H., Mizutani M. & Ito S. (2000). Fifty microsatellite markers for Japanese quail. *The Journal of Heredity*, 91, 502-5.
20. Kayang, B. B., Fillon, V., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Leroux, S., Fève, K., Monvoisin, J. L., Pitel, F., Vignoles, M., Mouilhayrat, C., Beaumont, C., Ito, S. I., Minvielle F. & 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.

21. Khaldari, M., Pakdel, A., Mehrabani Yegane, H., Nejati Javaremi, A. & Berg P. (2010). Response to selection and genetic parameters of body and carcass weights in Japanese quail selected for 4 week body weight. *Poultry Science*, 89, 1834-1841.
22. Lei, Z., Mai-Qing, Z., Ran-Ran, L., Jie, W., Dan, W., Yao-Dong, H., Yan-Fa, S., Peng, L., Li, L. & Gui-ping, Z. (2012). Genome-Wide Association of Thymus and Spleen Mass in Chicken. *Scientia Agricultura Sinica*, 45(15), 3165-3175
23. 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 (6), 1084-9.
24. McElroy, J.P., Kim, J.J., Harry, D.E., Brown, S.R., Dekkers, JCM. & Lamont SJ. (2006). Identification of trait loci affecting white meat percentage and other growth and carcass traits in commercial broiler chickens. *Poultry Science*, 85, 593-605.
25. Miller, S.A., Dykes, D.D. & Polesky, HF. (1988). A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16, 1215.
26. Minvielle, F., Kayang, B., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Vignal, A., Gourichon, D., Neau, A., Monvoisin, J. & Ito, S. (2005) Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics* 6, 87.
27. Moradian, H., Esmailzadeh, A.K., Sohrabi, S.S. & Nasirifar, E. (2014a). Effect of reciprocal cross on growth related traits and carcass characteristics in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. *Animal Production Research*, 2 (4), 61-68. (in Farsi)
28. Moradian, H., Esmailzadeh, AK., Sohrabi, SS., Nasirifar, E., Askari, N., Mohammadabadi, MR. & Baghizadeh, A. (2014b). 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.
29. Moradian, H., Esmailzadeh, A.K., Mohammadabadi, MR. & Sohrabi, SS. (2015). Identification of quantitative trait loci associated with weight and percentage of internal organs on chromosome 1 in Japanese quail. *Agricultural Biotechnology*, 6(4), 143-158. (in Farsi)
30. Navarro, P., Visscher, PM., Knott, S.A., Burt, D.W., Hocking, PM. & Haley, CS. (2005) Mapping of quantitative trait loci affecting organ weights and blood variables in a broiler layer cross. *British Poultry Science*, 46(4), 430-42.
31. Park, H.B., Jacobsson, L., Wahlberg, P., Siegel, P.B. & Andersson, L. (2006). QTL analysis of body composition and metabolic traits in an intercross between chicken lines divergently selected for growth. *Physiological Genomics*, 25(2), 216-23
32. Primmer, C.R., Raudsepp, T., Chowdhary, B.P., Møller, A.P. & Ellegren, H. (1997). Low frequency of microsatellites in the avian genome. *Genome Research*, 7, 471-82.
33. Reik, W. & Walter, J. (2001). Genomic imprinting: paternal influence on the genome. *Macmillan Magazines Ltd*. Volume 2, January nature reviews.
34. Rezvannejad, E. (2014) Productive, reproductive performance and biochemical parameters of short-term divergently selected Japanese quail lines and their reciprocal crosses. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 1(2), 35-42.
35. Schmid, M., Nanda, I. & Guttenbach, M. (2000). First report on chicken genes and chromosomes. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 90, 169-218.
36. Sohrabi, SS., Esmailzadeh, A.K., Baghizadeh, A., Moradian, H., Mohammadabadi, M.R., Askari, N. & Nasirifar, E. (2012). Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. *Animal Production Science*, 2012, 52, 1012-1018.
37. Sohrabi, SS., Esmailzadeh, AK., Mohammadabadi, MR. & Moradian, H. (2014). Mapping Quantitative Trait Loci underlying Kleiber ratio and identification of their mode of action in an F2 population of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Agricultural Biotechnology*, 6(1), 111-122. (in Farsi)
38. Vali, N., Edriss, MA. & Rahmani, HR. (2005) Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, 4(5), 296-300.
39. Wakasugi, N. (1984). *Japanese quail*. In: *Evolution of Domesticated Animals* (Ed. by I.L. Mason), pp. 319-21. Longman, London.
40. Zhan, A., Bao, Z., Lu, W., Hu, X., Peng, W., Wang, M. & Hu, J. (2007). Development and characterization of 45 novel microsatellite markers for sea cucumber (*apostichopus japonicus*). *Molecular Ecology*, Notes 7, 1345-1348.
41. Zhou, H., Deeb, N., Evock-Clover, CM., Ashwell, CM. & Lamont, SJ. (2006). Genome-wide linkage analysis to identify chromosomal regions affecting phenotypic traits in the chicken. II. Body composition. *Poultry Science*, 85, 1712-1721.

Identification of quantitative trait loci affecting carcass traits and internal organs on chromosome two in Japanese quail

Ehsan Nasirifar^{1*}, Ali K. Esmailzadeh², Hasan Moradian³ and Saeed Sohrabi⁴

1. Ph. D. Student, Department of Animal Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

2, 3, 4. Associate Professor, Former M. Sc. Student and Ph. D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

(Received: Aug. 24, 2014 - Accepted: Sep. 1, 2015)

ABSTRACT

The aim of present research was to locate genomic loci (QTL) on chromosome 2. It is associated with the carcass traits in Japanese quail. The F1 population was created by using reciprocal crosses between two strains of white birds (layer) and wild (broiler) birds. The F2 birds (422 birds) were derived by random mating of the F1 birds. All of the F2 birds were slaughtered at 35 days of age and recorded for carcass traits. Blood samples were collected at slaughtering time to genotype for four microsatellite markers on chromosome 2. Genotypic and phenotypic data were analyzed for QTL mapping with interval mapping method based on regression applying three different genetic models. A total number of 15 loci was found to be significantly associated with carcass traits. In the first model all traits with dominance effect were significant. The second model often had significant QTL with dominance and imprinting effects and all the traits were closest to the GUA0084 marker. When it comes to the third model, most of the traits were significant in the female with dominance effect. Results of this study showed the role of Non-Mendelian inheritance (genomic imprinting) and pleiotropy as well as single gene effects in some traits.

Keywords: imprinting, Japanese quail, microsatellite markers, QTL mapping.