نشریه علوم دامی
(پژوهش و سازندگی)

شماره ۱۱٤، بهـــار ۱۳۹٦
ص‌ص: ۲۷۳~۲۸٤

برآورد وراثت پذیری ژنومی صفات رشد در نسل F2 حاصل از تلاقی لاین آرین و مرغ بومی آذربایجان به کمک تراشه 60K

- **حسین عمرانی**
دانش آموخته دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.
- **رسول واعظ ترشیزی** (نویسنده مسئول)
دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.
- **علی‌اکبر مسعودی**
استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
- **علیرضا احسانی**
استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

تاریخ دریافت : فروردین ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش : اردیبهشت ۱۳۹۶

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۲۳۲۱۱۶۵۳
Email: rasoult@modares.ac.ir

چکیده

درک کنترل ژنتیکی صفات رشد یکی از مهم‌ترین اهداف اصلاح نژادی در پرورش طیور است. به‌منظور یافتن وراثت پذیری ژنومی صفات رشد، از تراشه تجاری SNP ژنوم مرغ در جمعیت F2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی آذربایجان و لاین B سویه گوشتی آرین استفاده گردید. وراثت‌پذیری ژنومی با استفاده از روش آماری، بهترین پیش بینی نااریب خطی ژنومی (GBLUP) برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک برآورد گردید. به منظور بررسی ارتباط بین حداقل فراوانی آللی SNP ها (MAF) و میزان وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی، SNPها به پنج گروه MAF تقسیم گردیدند(۰/۱-۰، ۰/۲-۰/۱، ۰/۳-۰/۲، ۰/٤-۰/۳، ۰/٥-۰/٤). همچنین برای برآورد وراثت‌پذیری ژنومی در هر گروه، پنج مدل مطابق با ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی داخل هر گروه استفاده گردید. وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده برای وزن‌های هفتگی از ۰/٤۳ در هفته اول تا ۰/۲۷ در هفته نهم و برای صفات هفتگی شانک از ۰/٤٦ در هفته اول تا ۰/۱۲ در هفته نهم برآورد گردید. مقدار همبستگی ژنومی به‌دست‌آمده برای دو صفت در طی این هفته‌ها نشان‌دهنده همبستگی ژنومی بالا برای این دوصفت است. مقدار وراثت‌پذیری برای پنج گروه MAF به ترتیب ۰/۱٥، ۰/۳۰، ۰/۱۷، ۰/۲٦ و ۰/۲۷ به دست آمد. در این تحقیق، بیشترین مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده مربوط به گروه فراوانی ۰/۲-۰/۱ است. وراثت پذیری ژنومی یافت شده در این تحقیق درک بهتری از کنترل ژنتیکی صفات رشد را نشان می‌دهد. استفاده از این یافته‌ها می‌تواند باعث تسریع در پیشرفت ژنتیکی برنامه‌های اصلاح نژادی شود.

واژه‌های کلیدی: مرغ، جمعیتF2 ، وراثت پذیری ژنومی، وزن بدن، طول شانک

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 114 pp: 273-284

Estimation of genomic heritability for growth traits in an F2 crosses of Arian broiler line and Azerbaijan indigenous chicken using 60K SNP Beadchip

By: Hossein Emrani[1], Rasoul Vaez Torshizi[2]*, Aliakbar Masoudi[3], Alireza Ehsani[3]
1: Ph.D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran
2: Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran
3: Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran

Received: April 2017 **Accepted: May 2017**

Understanding the genetic control of growth traits is one of the most important breeding goals in poultry breeding. In order to estimate the genomic heritability of growth traits, we used Illumnia 60K chicken SNP Beadchip in a chicken F2 resource population derived from the reciprocal cross between Arian line and Azerbaijan indigenous chicken. The genomic heritability was estimated through genomic relationship matrix for body weights and Shank lengths at different ages 1,3,5,7 and 9 weeks. To investigate the relationship between allele frequency and genomic heritability estimated for BW7 explained by markers, SNPs were classified into five groups of MAF (0 – 0.1, 0.1 –0.2, 0.2– 0.3, 0.3–0.4 and 0.4–0.5). To estimate the genomic heritability, five models were fitted accounting for the similarity relationship matrix within each of the five MAF groups, respectively. The genomic heritability estimations ranged from 0.43 to 0.27 for bw1 and bw9, and from 0.46 to 0.12 for Shl1 and Shl9, respectively. The estimated genomic correlations between BW and ShL at different ages were moderately high. Estimated heritabilities were 0.15, 0.3, 0.17, 0.26 and 0.27 for each of the five MAF groups, respectively. Interestingly, heritability estimates revealed highest value for MAF group (0. 1 to 0. 2). Genomic heritability estimated here can contribute to a better understanding of the genetic control of growth traits in broiler chickens. In addition, using these findings can accelerate the genetic progress in the breeding programs.

Key words: chicken, F2 population, genomic heritability, body weight, shank length

مقدمه

در حال حاضر پیشرفت‌های ژنتیکی و بهبود مدیریت تغذیه‌ای باعث افزایش سرعت رشد و بازدهی خوراک در جوجه‌های گوشتی شده است. جوجه‌های گوشتی در سال ۱۹۵۰ در مدت ۱۴ هفته به وزن ارائه به بازار می‌رسیدند (Havenstein و همکاران، 1994) اما امروز زمان موردنیاز برای رسیدن به وزن زنده دو کیلوگرم در جوجه‌های گوشتی به ۳۷ روز کاهش پیدا کرده است (Shariatmadari, 2012). برنامه‌های اصلاحی تجاری برای افزایش سرعت رشد به طور مداوم در حال انتخاب بر روی جوجه‌های گوشتی است که باعث کوتاه‌تر شدن دوره پرورش شده است. این پیشرفت ژنتیکی با توجه به وراثت‌پذیری متوسط وزن بدن (۰/۳۵) و هزینه‌بر بودن ثبت شجره و رکوردگیری این صفات، در جمعیت‌های بزرگ صورت گرفته است. برآورد وراثت پذیری صفات به منظور طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی و پیشرفت ژنتیکی سریع‌تر ضروری است. امروزه نشان داده شده است که استفاده از تراشه‌های ژنومی جهت برآورد وراثت پذیری ژنومی و انتخاب بر اساس ژنوم می‌تواند باعث افزایش پیشرفت

ژنتیکی گردد. مطالعات نشان داده‌اند که صحت پیش بینی‌های ژنومی در صفات کمی براساس تراشه های SNP، به مقدار واریانس ژنتیکی تبیین شده به وسیله SNPها بستگی دارد که این به خودی خود تابعی از عدم تعادل پیوستگی (LD) بین SNPها و جهش‌های علی تاثیرگذار بر صفت می‌باشد (Abdollahi-Arpanahi و همکاران، 2014). مطالعات پویش ژنومی انجام‌شده در انسان نشان داده‌اندکه SNP های شناسایی‌شده از این طریق تنها بخش کوچکی از وراثت‌پذیری صفات کمی را بیان می‌کنند.

Yange و همکاران (2011) دریافتند که بخش قابل‌توجهی از واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری به‌وسیله تعداد زیادی SNP علی و مدل آماری مناسب قابل تبیین است. روش آماری بهترین پیش بینی نااریب خطی ژنومی (GBLUP) از ماتریس خویشاوندی ژنومی به جای ماتریس خویشاوندی شجره‌ای استفاده می‌کند و فرض بر این است که تغییرات صفت، تابع مدل ژنتیکی نامحدود است و کلیه چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی بر روی صفت موثرند. این روش ساده، سریع و قابل فهم است و به عنوان روشی کارا در مطالعات ژنومی استفاده می گردد (VanRaden, 2008).

هدف تحقیق حاضر، برآورد وراثت پذیری ژنومی با استفاده از این روش برای صفات وزن بدن و طول شانک در ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹ هفتگی در نسل F2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی آذربایجان غربی با سرعت رشد پایین و لاین B سویه گوشتی آرین با سرعت رشد بالا بود. سپس در فاز بعدی، اثر فراوانی آللی نادر در پنج گروه MAF (۰/۱-۰، ۰/۲-۰/۱، ۰/۳-۰/۲، ۰/۴-۰/۳، ۰/۵-۰/۴) بر روی وراثت‌پذیری وزن هفته هفتم برآورد گردید.

مواد و روش‌ها

برای اجرای این پروژه، تعداد ۷۹ پرنده بومی (۴۰ مرغ و ۳۹ خروس) از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان آذربایجان غربی واقع در شهرستان ارومیه و تعداد ۴۹ پرنده خط B لاین گوشتی آرین (۲۶ مرغ و ۲۳ خروس) از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ لاین آرین واقع در بابل کنار، با سن مشابه (تقریباً ۱۳ هفته)، در اسفند ۱۳۹۰ به مرغداری دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس انتقال داده شدند. هویت این پرندگان با شماره بال مشخص و با شرایط یکسان در قفسه‌های انفرادی مجهز به آب‌خوری نیپل و دان خوری انفرادی در یک سالن نگهداری شدند. به دلیل سنگینی خروس آرین، از تلقیح مصنوعی برای تولید تخم‌های نطفه‌دار استفاده شد. در این پژوهش، از آمیزش ۲ خروس با ۸ مرغ به صورت دوطرفه (یک خروس به ازای ۴ مرغ) برای تولید نسل F1 استفاده گردید. در مجموع تعداد ۹۵ جوجه آمیخته آرین × بومی (پدر آرین و مادر بومی) و ۳۵ جوجه آمیخته بومی × آرین (پدر بومی و مادر آرین) تولید شدند. تمامی جوجه‌ها با استفاده از شماره پلاک زیر بال شماره گذاری شدند و پس از ثبت رکورد به سالن پرورش منتقل و تا پایان دوره درگروه‌هایی ۲۰ تایی در آشیانه‌هایی با دان‌خوری ناودانی و آب‌خوری سیفونی، روی بستر پرورش داده شدند. به منظور تغذیه جوجه‌های این نسل از جیره‌های آغازین، رشد، پیش تولید و جیره تخم‌گذاری استفاده گردید.

با مشاهده اولین تخم گذاری در هفته ۲۰، تعداد ۳۲ مرغ و ۸ خروس انتخاب و به سالن دیگری منتقل شدند. در این سالن ۸ خانواده بر روی بستر در ۸ آشیانه جداگانه مجهز به تله تخم گذاری پرورش داده شدند. آمیزش‌ها در این نسل به صورت جفت‌گیری طبیعی انجام گرفت. برای ایجاد نسل F2 از شش هچ در مجموع حدود ۳۱۲ پرنده به‌دست آمد. جوجه های هچ شده به سالن دیگری که مجهز به قفس‌های انفرادی مجهز به آب‌خوری نیپل و دان‌خوری انفرادی بود، منتقل گردید. در طول این مدت پرندگان هیچ‌گونه واکسنی دریافت ننمودند و در جیره آن‌ها نیز آنتی‌بیوتیک استفاده نشد. این پرنده‌ها با استفاده از سه جیره غذایی پلت شده شامل : آغازین، رشد و پایانی پرورش داده شدند. وزن و طول شانک هفتگی نیز رکوردبرداری شد. نمونه‌های خون از افراد نسل F2 تهیه و استخراج DNA ژنومی از نمونه های خون کامل به روش بهینه شده و تغییر یافته نمکی انجام گردید (Javanrouh و همکاران، 2006).

مرحله کنترل کیفیت و فیلتراسیون داده‌های ژنوتایپینگ برای ۳۱۲ قطعه

به منظور پویش ژنومی، نمونه‌های DNA با غلظت ۳۰۰ نانوگرم رقیق سازی و سپس لیوفیلیزه گردیدند و جهت تعیین ژنوتیپ با یک تراشه SNP 60K تجاری ژنوم مرغ، به دانشگاه Aarhus دانمارک ارسال گردیدند. این آرایه، امکان تعیین ژنوتیپ هم-زمان حدود ۵۴۳۴۰ جایگاه تک نوکلئوتیدی را فراهم نمود. برای اطمینان از کیفیت داده‌های حاصل از ژنوتیپ در تجزیه‌وتحلیل نهائی، مراحل مختلف کنترل کیفیت بر روی داده‌های اولیه اعمال گردید. این مراحل به کمک نرم‌افزار PLINK 1.07 (Purcell و همکاران، 2007) انجام شد. برای صفات رشد و طول و قطر شانک تعداد چهار پرنده به دلیل این‌که بیش از ۱۰ درصد ژنوتیپ از دست رفته داشتند، حذف شدند (Sample call rate<90%). در مرحله بعد تعداد ۵۹۵۳ نشانگر SNP به دلیل اعمال شرایط زیر حذف و ۴۸۴۳۹ نشانگر باقی ماند.

برخی از نشانگرها به دلیل انحراف از تعادل هاردی واینبرگ با P-value کمتر از $^{-6}$ ۱۰، فراوانی آللی نادر (MAF) کمتر از ۰/۰۱ و ژنوتیپ ازدست‌رفته بیشتر از ۰/۰۵، از داده‌ها خارج شدند. به دلیل عدم استفاده از SNPهای کروموزوم‌های ۳۱ تا ۳۸ در طراحی ریزآرایه مورداستفاده، تنها از SNP های که بر روی اتوزوم‌های ۱ تا ۲۸ ، دو گروه لینکاژی (LGE22 و LGE64) قرار داشتند، استفاده گردید. پس از مراحل کنترل کیفیت ژنوتیپ‌ها، ایمپیوتیشن[1] ژنوتیپ‌های از دست‌رفته به کمک نرم افزار Linkim 0.1 و برنامه R3.2.2 انجام گردید (Xu و همکاران، 2014). توزیع نشانگرهای SNP بر روی کروموزوم‌ها بعد و قبل از کنترل کیفیت برای صفات به کمک نرم افزار synbreed و برنامه R3.2.2 انجام گردید (Wimmerو همکاران، 2016).

به‌منظور مدنظر قرار دادن لایه‌بندی جمعیت[2]، آزمون سنجش چندبعدی[3] (MDS) بر اساس ماتریس همبستگی IBS در نسل F2 به کمک نرم‌افزار PLINK و R انجام گردید. ابتدا تعداد SNP های مستقل محاسبه گردید. بدین منظور، پالایش SNP های مستقل در کروموزوم‌های اتوزومی با اندازه پنجره SNP۲۵ ، گام‌های ۵ SNP و r^2 با سطح آستانه ۰/ ۲ انجام گردید و ماتریس IBS بر اساس این تعداد SNP مستقل به دست آمد. درنهایت آزمون سنجش چندبعدی (MDS) بر اساس ماتریس[4] IBS محاسبه گردید (Sun و همکاران،2013 ; Gu و همکاران، 2011) و به عنوان کوریت وارد مدل گردید. همچنین ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی[5] با استفاده از نشانگرهای SNP مستقل تشکیل شد.

به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری ژنومی برای صفات وزن بدن و طول شانک در هفته‌های یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی، از روش حداکثر درست نمایی محدودشده به‌وسیله نرم افراز آنالیز پویش ژنومی صفات پیچیده (GCTA) و مدل GBLUP زیر استفاده گردید (Yangو همکاران، 2011).

مدل $y = Xb + Zu + e$

در این مدل **y** مربوط به بردار فنوتیپ‌ها، b بردار اثرات ثابت جنس و هچ، u مربوط به اثرات ژنتیکی افزایشی افراد ژنوتیپ شده است. Z و X مربوط به ماتریس اثرات u و b می‌باشند. در این مدل ساختار واریانس کوواریانس اثرات پلی ژنیک به‌صورت $U_n \sim N(0, G\sigma^2_u)$ و G ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی و σ^2a واریانس ژنتیکی افزایشی است.

اثر فراوانی آللی بر روی وراثت‌پذیری

به منظور بررسی ارتباط بین فراوانی آللی نادر SNP ها (MAF) و میزان وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی، SNPها به پنج گروه MAF (۰/۱-۰، ۰/۲-۰/۱، ۰/۳-۰/۲، ۰/۴-۰/۳، ۰/۵-۰/۴) تقسیم گردیدند. تعداد SNPهای هر گروه مشخص و ماتریس ژنومی روابط خویشاوندی برای هر گروه برآورد و سپس اندازه وراثت‌پذیری برای هر گروه محاسبه شد

[1]- Imputation
[2] - Population Stratification
[3] - Multidimensional scaling
[4] - identity-by-state matrix
[5] - Genomic relative kinship matrix

نتایج

از مجموع ۵۴۳۴۰ SNP به کار رفته در این تحقیق، تعداد ۴۸۴۳۹ مورد توانستند مراحل مختلف کنترل کیفیت را برای صفات رشد بگذرانند. تعداد چهار پرنده به دلیل این‌که بیش از ۱۰ درصد ژنوتیپ از دست‌رفته داشتند، حذف شدند. در مرحله بعد، تعداد ۵۹۵۳ نشانگر SNP به دلیل اعمال شرایط زیر حذف شدند (جداول۱ و ۲) .

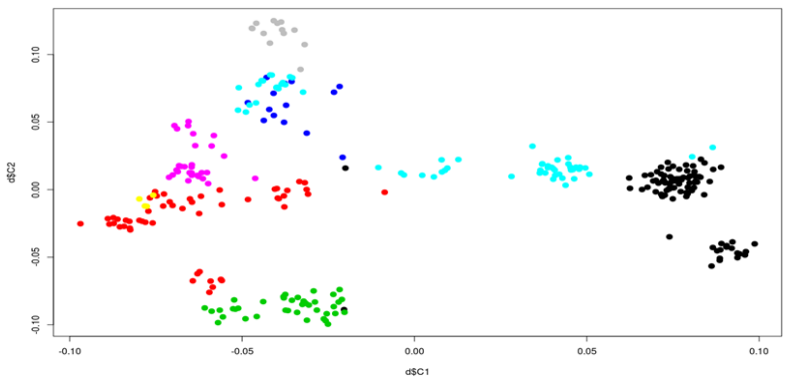
جدول ۱- تعداد نشانگرهای SNP قبل و بعد از کنترل کیفی برای صفات رشد و شانک در ۳۱۲ قطعه جوجه نسل F2

تعداد کل نشانگر SNP قبل از کنترل کیفی	۵۴۳۴۰
تعداد SNP با فراوانی آللی کمتر از ۳ درصد (MAF< 0.03)	۵۶۶۳
تعداد SNP با میزان ژنوتیپ ازدست‌رفته بیش از ۵ درصد	۲۷۳
تعداد SNP خارج از تعادل هاردی- واینبرگ	۱۷
تعداد افراد با ژنوتیپ ازدست‌رفته بیشتر از ۱۰ درصد	۴
تعداد نشانگرهای SNP بعد از کنترل کیفی	۴۸۴۳۹

ساختار جمعیت نسل F2 مورد مطالعه

آنالیز سنجش چندبعدی (MDS) با ۷۱۹۷ نشانگر SNP مستقل از ۲۸ کروموزوم اتوزومی و دو گروه لینکاژی با r^2=۰/۲ برای ۳۱۲ فرد نسل F2 انجام گردید. دو سطح اول آزمون MDS نشان‌دهنده وجود هشت زیر جمعیت در نسل F2 است (شکل ۱).

تحقیقات متعددی نشان داده‌اند که با انجام آزمون سنجش چندبعدی، افراد یک خانواده تقریباً با هم در یک کلاستر قرار می‌گیرند (Sun و همکاران، 2013 ;Gu و همکاران، 2011) . در این تحقیق نیز دو سطح اول آزمون سنجش چندبعدی نشان داد که افراد یک خانواده ناتنی در داخل یک کلاستر قرارگرفته‌اند.



شکل ۱- تعیین ساختار جمعیت با آزمون سنجش چند بعدی (**MDS**) برای ۳۱۲ پرنده نسل F2.
خانواده‌های ناتنی با رنگ‌های مشابه نشان داده شده‌اند.

جدول ۲- توزیع نشانگرهای SNP بر روی کروموزوم‌ها بعد از کنترل کیفیت برای صفات رشد و شانک

کروموزوم	تعداد SNP ها در تراشه ژنومی	نقشه فیزیکی (Mb)	تعداد SNP ها بعد از کنترل کیفیت	میانگین فاصله (kb)	حداکثر فاصله (kb)	حداقل فاصله (kb)
۱	۸۳۰۳	۲۰۰/۹	۷۵۴۶	۲۶/۶	۱۵۲۶/۷۹۰	۰/۰۱۸
۲	۶۳۵۵	۱۵۴/۷	۵۷۶۲	۲۶/۸	۱۵۱۶/۶۴۱	۰/۰۰۱
۳	۴۷۳۹	۱۱۳/۶	۴۳۴۰	۲۶/۱	۱۵۲۹/۵۴۷	۰/۰۰۲
۴	۳۸۷۲	۹۴/۱	۳۵۵۳	۲۶/۵	۱۵۳۸/۵۲۵	۰/۰۰۵
۵	۲۵۴۲	۶۲/۲	۲۳۰۳	۲۷	۱۵۵۶/۸۱۱	۰/۰۴۶
۶	۱۹۹۵	۳۵/۸	۱۸۱۵	۱۹/۷	۱۰۶/۲۰۶	۰/۰۱۴
۷	۲۰۸۹	۳۸/۱	۱۹۰۷	۲۰	۱۵۵۷/۲	۰/۱۴۵
۸	۱۶۳۶	۳۰/۶	۱۵۰۲	۲۰/۴	۱۵۱۷/۶۸۱	۰/۰۵۴
۹	۱۳۶۶	۲۴	۱۲۶۹	۱۸/۹	۹۲/۰۹۱	۰/۰۰۳
۱۰	۱۵۵۳	۲۲/۴	۱۳۷۸	۱۶/۲	۱۵۰۳/۹۹۰	۰/۰۰۱
۱۱	۱۵۳۱	۲۱/۸	۱۳۲۹	۱۶/۴	۵۲۲/۹۴۳	۰/۰۰۱
۱۲	۱۵۵۹	۲۰/۴	۱۳۵۶	۱۴/۴	۵۱۷/۵۸۰	۰/۰۰۳
۱۳	۱۳۷۱	۱۸/۳	۱۲۵۱	۱۴/۶	۶۴۶/۹۱	۰/۰۱۱
۱۴	۱۱۷۹	۱۵/۷	۱۰۸۱	۱۴/۵	۶۷۵/۵۰	۰/۰۰۳
۱۵	۱۲۲۲	۱۲/۹	۱۰۹۴	۱۱/۸	۷۵۸/۸۲	۰/۰۷۹
۱۶	۲۴	۰/۴	۲۰	۲۱/۹	۱۷۰/۹۳۵	۱/۰۱۲
۱۷	۹۹۴	۱۰/۶	۸۹۸	۱۱/۸	۵۳۸/۹۷	۰/۰۰۱
۱۸	۱۰۴۸	۱۰/۸	۹۳۰	۱۱/۷	۱۱۰/۰۱۶	۰/۰۵۱
۱۹	۹۷۳	۹/۷	۸۷۸	۱۱/۱	۶۳۳/۲۴	۰/۰۹۰
۲۰	۱۸۱۵	۱۳/۹	۱۵۸۷	۸/۷	۶۱۶/۳۸	۰/۰۰۶
۲۱	۹۰۱	۶/۹	۸۰۵	۸/۶	۷۶۳/۰۷	۰/۰۰۱
۲۲	۴۳۲	۳/۸	۳۱۳	۱۲/۴	۱۲۳/۰۰۳	۰/۰۶۸
۲۳	۷۲۴	۶	۶۳۱	۹/۵	۵۱۴/۹۹۳	۰/۰۰۱
۲۴	۸۵۳	۶/۳	۷۶۳	۸/۳	۴۳۲/۲۸	۰/۰۱۳
۲۵	۲۱۱	۲	۱۷۷	۱۱/۴	۵۴۵/۷۲۵	۰/۱۲۲
۲۶	۷۷۶	۵	۶۸۵	۷/۳	۵۱/۶۳۵	۰/۰۰۷
۲۷	۵۷۶	۴/۸	۵۱۸	۹/۳	۳۶۵/۷۲۶	۰/۱۰۶
۲۸	۷۰۸	۴/۴	۵۸۲	۷/۷	۵۱۴/۵۴۹	۰/۰۱۲
۲۹ (LGE22)	۱۴۲	۰/۸	۱۱۸	۷/۵	۲۶/۲۵۳	۰/۰۴۲
۳۰ (LGE64)	۷	۰/۰۲	۴	۶/۸	۱۵/۶۸۰	۲/۲۸۹
z	۲۸۴۲	۷۴/۵	۱۹۸۴	۳۷/۶	۱۵۳۵/۸۳۸	۰/۰۱۶
w	۱	۰	۰			
کل	۵۴۳۴۰	۱۰۲۷	۴۸۴۳۹	۲۱/۲	۱۵۳۸/۵۲۵	۰/۰۰۱

وراثت‌پذیری ژنومی صفات وزن و طول هفتگی شانک

مقدار وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از ماتریس خویشاوندی ژنومی برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک در جدول ۳ آورده شده است. وراثت‌پذیری برآورد شده برای وزن‌های هفتگی از ۰/۴۳ در هفته اول تا ۰/۲۷ در هفته نهم و برای صفات هفتگی شانک از ۰/۴۶ در هفته اول تا ۰/۱۲ در هفته نهم برآورد گردید که یک روند کاهشی را نشان می‌دهد. مقدار همبستگی ژنومی به‌دست آمده برای دو صفت وزن بدن و طول شانک در هفته‌های مورد مطالعه نشان دهنده همبستگی ژنومی بالا برای این دوصفت می‌باشد. در این تحقیق مقدار وراثت پذیری ژنومی در هفته اول بیشتر از بقیه هفته‌ها برآورد گردید که علت آن می تواند مربوط به وراثت پذیری مادری باشد.

جدول ۳ - وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از ماتریس خویشاوندی ژنومی برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک

صفت	BW			SHL			
	V(G)	V(P)	h^2	V(G)	V(P)	h^2	r_G
هفته اول	۱۶۹۵/۴۵	۳۹۳۳/۵۹	۰/۴۳(۰/۱۱)	۱۲/۹۵	۲۷/۷۸	۰/۴۶(۰/۱)	۰/۹۶
هفته سوم	۳۲۲۹/۲۰	۱۱۱۹۶/۸۷	۰/۲۸۸(۰/۰۹)	۴/۳۵	۱۲/۸۵	۰/۳۳(۰/۰۹)	۰/۷۳
هفته پنجم	۵۹۱۲/۰۵.	۱۹۰۵۱/۱۳	۰/۳۱(۰/۰۹)	۳/۶۷	۱۱/۴۳	۰/۳۲(۰/۰۹)	۰/۶۰
هفته هفتم	۱۰۲۴۷/۹۹	۳۴۳۸۸/۳	۰/۳۰(۰/۱)	۴/۷۷	۱۷/۱	۰/۲۷(۰/۰۹)	۰/۷۴
هفته نهم	۱۳۵۵۹/۷۸	۴۹۶۰۹/۳۷	۰/۲۷۴(۰/۱)	۲/۶۹	۲۱/۴۳	۰/۱۲(۰/۰۷)	۰/۶۴

میزان وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی مربوط به SNPهای پنج گروه MAF (۰/۱-۰، ۰/۲-۰/۱، ۰/۳-۰/۲، ۰/۴-۰/۳، ۰/۵-۰/۴) در جدول ۴ نشان داده شده است. تعداد SNP های هر گروه به ترتیب ۶۳۳۴، ۸۸۸۲، ۱۰۱۴۶، ۱۱۱۲۳ و ۱۱۵۵۶ بودند. ماتریس ژنومی روابط خویشاوندی که توسط ون ردن (2008) پیشنهاد گردید برای هر گروه برآورد و مقدار وراثت‌پذیری ژنومی برای هر گروه محاسبه شد. مقدار وراثت‌پذیری برای پنج گروه MAF به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۳۰، ۰/۱۷، ۰/۲۶ و ۰/۲۷ به دست آمد. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده مربوط به گروه دوم (۰/۲-۰/۱) به میزان ۰/۳ و کمترین مقدار آن مربوط به گروه اول (۰/۱-۰) به میزان ۰/۱۵ بود (جدول ۴).

جدول ٤- وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از پنج گروه MAF برای صفت وزن هفته هفتم

حداقل فراوانی آللی (MAF)	تعداد نشانگر	واریانس ژنتیکی V(G)	واریانس فنوتیپی V(P)	وراثت‌پذیری ژنومی (h^2)
۰-۰/۱	۶۳۳۴	۶۹۹۶/۴۲	۴۶۲۵۸/۲۹	۰/۱۵(۰/۰۹)
۰/۱-۰/۲	۸۸۸۲	۱۴۶۱۷/۰۹	۴۸۶۹۶/۹۸	۰/۳(۰/۱)
۰/۲-۰/۳	۱۰۱۴۶	۷۹۳۴/۹۵	۴۶۶۱۴/۶۸	۰/۱۷(۰/۰۹)
۰/۳-۰/۴	۱۱۱۲۳	۱۲۲۶۹/۸۷	۴۷۵۸۰/۷۷	۰/۲۶(۰/۱۱)
۰/۴-۰/۵	۱۱۵۵۶	۱۳۰۷۷/۴۸	۴۷۷۱۸/۷۶	۰/۲۷(۰/۱۱)

جدول ۵ - خصوصیات ماتریس خویشاوندی ژنومی با گروه بندی SNP ها بر اساس(MAF)

MAF	تعداد نشانگر	میانگین عناصر قطری	واریانس عناصر قطری	میانگین عناصر غیرقطری	واریانس عناصر غیر قطری
۰-۰/۱	۶۳۳۴	۱/۰۰۰۲۴	۰/۱۷۰۲۴۸	-۰/۰۰۳۲	۰/۰۱۲۸۴۵۵
۰/۱-۰/۲	۸۸۸۲	۰/۹۸۵۶۸۱	۰/۰۲۰۴۷۱	-۰/۰۰۳۲	۰/۰۱۴۲۸۶۵
۰/۲-۰/۳	۱۰۱۴۶	۰/۹۷۸۱۴۲	۰/۰۰۷۶۰۱	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۳۷۷۰۳
۰/۳-۰/۴	۱۱۱۲۳	۰/۹۷۱۶۹۳	۰/۰۰۵۳۸۳	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۲۲۲۴۵
۰/۴-۰/۵	۱۱۵۵۶	۰/۹۷۰۲۷۷	۰/۰۰۴۴۴۲۶	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۱۵۸۳۵

جدول۵ نشان می‌دهد هنگامی که MAF از ۰/۱-۰ به ۰/۵-۰/۴ افزایش یافت، واریانس عناصر قطری ماتریس خویشاوندی ژنومی نیز از ۰/۱۷۰ به ۰/۰۰۴ کاهش یافت اما میانگین و واریانس عناصر غیر قطری در تمام گروها تقریباً مشابه بود. Simeone و همکاران (2011) وAbdollahi-Arpanahi و همکاران (2014) نشان دادند که با افزایش MAF واریانس عناصر قطری کاهش خواهد یافت. در این دو تحقیق نیز میانگین و واریانس عناصر غیر قطری همانند نتایج تحقیق حاضر با افزایش MAF در تمام گروه‌ها تقریباً مشابه بود.

بحث

در تحقیقات Demeure و همکاران (2013) که بر روی ۵۶۴ پرنده نسل F2 حاصل از تلاقی لاین‌های گوشتی سبک وسنگین وزن به‌وسیله SNP۱۵۳۶ و۱۲۰ نشانگر ریز ماهواره انجام گردید، مقدار وراثت‌پذیری صفات وزن‌های یک، سه، پنج، هفت ونه هفتگی به ترتیب ۰/۳۲، ۰/۳۶، ۰/۴۱، ۰/۳۲ و ۰/۲۲ به دست آمد. در پژوهش Abdollahi-Arpanahi و همکاران (2014)، مقدار وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده برای صفت وزن ۳۵ روزگی در یک لاین گوشتی به کمک یک تراشه ۶۰۰ K، ۰/۳۰ گزارش گردید. مقدار وراثت‌پذیری در هفته پنجم در تحقیق حاضر مطابق با گزارش این محقق می‌باشد. در تحقیقات Van Goor وهمکاران (2015) مقدار وراثت‌پذیری ژنومی به کمک یک تراشه K۶۰۰ برای وزن‌های ۲۱ و ۲۸ روزگی، به‌ترتیب، ۰/۲۴ و ۰/۳۵ گزارش گردید.

Liu و همکاران (2014) وراثت‌پذیری ژنومی را در نژاد زرد چینی برای وزن‌های شش و دوازده هفتگی، ۰/۲۶ و ۰/۱۳ گزارش کردند. در تحقیقات Demeure و همکاران (2013) مقدار

وراثت‌پذیری برای صفت طول شانک در هفته نهم ۰/۴۶ به دست آمد. در تحقیقات Gonzalez و همکاران (2015) وراثت‌پذیری طول شانک هفته ششم ۰/۳۵ گزارش گردید. در این مطالعه همبستگی ژنومی بین وزن‌های هفتگی(BW) و طول شانک (SHL) در هفته‌های مختلف از ۰/۵۶ تا ۰/۹۶ متغیر بود.

در دام و طیور نسبت به انسان کمتر در ارتباط با وراثت‌پذیری گم شده بحث شده است. اندازه مؤثر جمعیت و ساختار LD در دام و طیور به دلیل تلقیح مصنوعی و پرورش خویشاوندی متفاوت از انسان می‌باشد. اندازه مؤثر جمعیت در انسان حدود ۱۰۰۰۰ (Kruglyak, 1999)، در جمعیت گاوهای شیری حدود ۱۰۰ (Goddard and Hays, 2009) و در جوجه‌های گوشتی در حدود ۵۰ گزارش شده است (Khanyile و همکاران، 2015). بنابراین، اگر اندازه مؤثر جمعیت مهمترین علل ایجاد کننده عدم تعادل پیوستگی باشد، انتظار می‌رود که میزان LD در یک فاصله مشخص در جمعیت‌های انسانی پایین‌تر از جمعیت‌های دامی باشد. این امر باعث می شود که طول بلوک‌های هاپلوتیپی در دام و طیور طولانی‌تر از انسان باشد و به همین دلیل در حیوانات نسبت به گونه هایی نظیر انسان کمتر در ارتباط با وراثت‌پذیری گم شده بحث شده است. در مطالعه‌ی حاضر، بخش وراثت‌پذیری گم شده ممکن است به دلیل سایر بخش‌های ژنوم مانند کروموزوم-های اتوزومی ۳۸-۳۱ که در این مطالعه وارده نشده مربوط باشد. کروموزوم‌های ۳۸-۳۰ به این دلایل وارد ارزیابی نشدند که اطلاعات ژنوتیپی آن‌ها در ریزآرایه استفاده شده در این تحقیق در دسترس نبود.

مطالعات متعدد نشان داده‌اند مدل‌هایی که ماتریس شباهت ژنومی را در نظر می‌گیرند ابزار قدرتمندی برای تبیین بخش عمده‌ای از واریانس ژنومی افزایشی و برآورد وراثت‌پذیری‌ها هستند. همان-طور که در مطالعه‌ی Nejati-Javaremi و همکاران (1997) و Schork (2001) نشان داده شده است، عناصر ماتریس خویشاوندی شجره‌ای یا کلاسیک، مقدار مورد انتظار از ژنوم را که بین دو فرد مشترک است در نظر می‌گیرند در حالی که عناصر ماتریس ژنومی، تشابه ژنومی واقعی بین دو فرد در تعداد زیادی جایگاه ژنی را در نظر گرفته و ترکیبی از هر دو بخش ناشی از وجود جد مشترک[6] و شباهت تصادفی[7] هستند. از این رو، روش نشانگری در میزان رابطه خویشاوندی بین افرادی مثل خواهران و برادران تنی و ناتنی پراکندگی نشان می‌دهد و لذا تشابه ژنومی را با دقت بیشتری رونمایی می‌کند(تفاوت عناصر ماتریس ژنومی با روش شجره‌ای می‌تواند به دلایلی مانند فاکتورهای دموگرافی، اندازه جمعیت کوچک، انتخاب و تفرق مندلی باشد). بایستی متذکر شد که برآوردهای نسبت واریانس و کوواریانس ژنومی به راحتی قابل تفسیر نیستند چرا که پارامترهای ذکر شده (واریانس ژنتیکی) یک هدف قابل تغییر[8] هستند و به عواملی مانند تراشه استفاده شده و فاکتورهای فناوری مانند اریب نمونه برداری بستگی دارند. لذا چنین برآوردهایی باید با احتیاط تفسیر شوند. روشن است که تطابق یک به یک بین برآورد پارامترهای شجره‌ای و ژنومی وجود ندارد.

در شجره نیاز به وجود روابط خویشاوندی بین افراد است در حالی که در برآوردهای ژنومی نیازی به وجود افراد خویشاوند نیست(Abdollahi-Arpanahi و همکاران، 2014).

در مطالعه Abdollahi-Arpanahi و همکاران (2014) که به‌منظور بررسی مقدار واریانس ژنتیکی تبیین شده برای وزن بدن، به‌وسیله گروه‌های MAF مختلف صورت گرفت، گروه MAF<0.2 بیشترین مقدار واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری را به خود اختصاص داد که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت می‌کند.

مقدار واریانس تبیین شده و وراثت‌پذیری به دست آمده به چندین عامل نظیر تعداد نشانگر نزدیک یا داخل جهش علی، میزان LD بین نشانگر و جهش‌های سببی در نتیجه نوترکیبی موجود در سطح جمعیت، میزان LD بین نشانگرها و ژن‌ها در سطح خانواده در نتیجه ساختار فامیلی در جمعیت و به عمل ژن (Abdollahi-Arpanahi وهمکاران، 2014) بستگی دارد. تحقیقات نشان داده است اگر یک واریانت علی با کمک چندین SNP مشخص شود، سپس بخشی از یک سیگنال یا سیگنال کامل آن ممکن است تکرار شود که این پدیده می تواند منجر به برآورد بیش از

[6] - Identical by Descent (IBD)
[7] - Identical by State
[8] - Moving target

حد وراثت‌پذیری ژنومی شود. Speed و همکاران (2012) نشان دادند که وراثت‌پذیری ژنومی به شدت به LD غیر یکنواخت بین SNP ها حساس می‌باشد، به نحوی که مشارکت این SNP ها در مناطق با LD بالا باعث برآورد بیش از حد وراثت‌پذیری و در مناطق با LD کم باعث برآورد کم‌تر از حد وراثت‌پذیری می‌شود. در تحقیق حاضر بیشترین مقدار واریانس تبیین شده و وراثت‌پذیری برآورد شده مربوط به گروه فراوانی ۰/۲-۰/۱ بود که احتمالا می‌تواند به علت حضور SNP های سببی بیشتر با MAF پایین در این گروه (۰/۲-۰/۱) و توانایی SNP هایی با MAF پایین در به دام انداختن روابط خویشاوندی ژنومی بین افراد در ماتریس خویشاوندی ژنومی باشد.

نتیجه‌گیری

به طور کلی نتایج پژوهش حاضر نشان دادند که با استفاده از داده‌های ژنومی و روش آماری، بهترین پیش بینی نااریب خطی ژنومی (GBLUP) که از ماتریس خویشاوندی ژنومی به جای ماتریس خویشاوندی شجره‌ای استفاده می‌کند، می‌تواند به راحتی وراثت پذیری ژنومی و دیگر پارامترهای ژنومی را برآورد نماید. وراثت پذیری‌های ژنومی یافت شده در این تحقیق درک بهتری از کنترل ژنتیکی صفات رشد را نشان می‌دهند، به طوری که استفاده از این یافته‌ها می‌تواند باعث تسریع در پیشرفت ژنتیکی برنامه‌های اصلاح نژادی شود.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله نگارندگان مقاله از پروفسور Just Jensen از دانشگاه Aarhus دانمارک برای تعیین ژنوتیپ ها و تامین هزینه ی آن ها و از شرکت کاب برای در دسترس قرار دادن تراشه ی ۶۰ k قدردانی می‌کنند. از آقای دکتر رستم عبدالهی آرپناهی که با راهنمایی‌ها و پیشنهادات ارزنده خود در تجزیه وتحلیل داده‌ها یاری نمودند کمال تشکر و قدردانی را داریم.

منابع

Abdollahi-Arpanahi, R., Pakdel, A., Nejati-Javaremi, A., Moradi Shahrbabak, M., Morota, G., Valente, B.D., Kranis, A., Rosa, G.J.M. and Gianola, D. (2014). Dissection of additive genetic variability for quantitative traits in chickens using SNP markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 1–11

Demeure, O., Duclos, M. J., Bacciu, N., Mignon, G. L., Filangi, O., Pitel, F., Boland, A., Lagarrigue, S.,Cogburn, L. A., Simon, J., Roy, P. L. and Bihan-Duval, E.L. (2013). Genome wide interval mapping using SNPs identifies new QTL for growth, body composition and several physiological variables in an F2 intercross between fat and lean chicken lines. *Genetic Selection Evolution*, 45: 36.

Gonzalez, F., Rekaya R. and Aggrey, S.E. (2015). Genetic analysis of bone quality traits and growth in a random mating broiler population. *Poultry Science*, 94:883-889.

Goddard, M. and Hayes, B.J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programs. *Nature reviews genetics*, 10: 381-391.

Gu, X.R., Feng, C.G., Ma, L., Song, C., Wang, Y.Q., Da, Y., Li, H., Chen, K., Ye, S., Ge, C., Hu, X. and Li, N. (2011). Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PLoS One*, 6(7): e21872.

Havenstein, G.B., Ferket. P.R. and Qureshi, M.A. (2003). Growth, livability and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*. 82:1500–1508.

Javanrouh, A., Banabazi., M.H., Esmaeilkhanian, S., Amirinia, C., Seyedabadi, H.R. and Emrani, H.(2006). blood cells. The 57th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Antalya,Turkey.

Khanyile, K.S., Dzomba, E.F. and Muchadeyi F.C. (2015). Population genetic structure, linkage disequilibrium and effective population size of conserved and extensively raised village chicken populations of Southern Africa. *Frontiers in Genetics* 6(13) 1-11.

Kruglyak, L. (1999). Prospects for whole-genome linkage disequilibrium mapping of common disease genes. *Nature Genetics* 22: 139-144.

Liu, T., QU, H., Luo, C., Shu, D., Wang, J., Lund, M.S. and Su, G. (2014). Accuracy of genomic prediction for growth and carcass traits in Chinese triple-yellow chickens. *BMC Genetics* 15:110

Nejati-Javaremi A., Smith C. and Gibson, J.P. (1997) Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. *Journal of Animal science*, 75, 1738 – 1745.

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I., Daly, M.J. and Sham, P.C. (2007). PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses.*The American Journal of Human Genetics,* 81(3):559-75.

Schork N.J. (2001) Genome partitioning and whole-gen-ome analysis. *Advances in Genetics*, 42, 299 – 322.

Simeone, R., Misztal, I., Aguilar, I. and Legarra, A.(2011). Evaluation of the utility of diagonal elements of the genomic relationship matrix as a diagnostic tool to detect mislabelled genotyped animals in a broiler chicken population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*,128(5):386-93.

Shariatmadari, F.(2012). Plans of feeding broiler chickens. *World's Poultry Science Journal*, 68:21-30

Speed, D., Hemani, G., Johanson, Michael R, Balding and David, J. (2012). Improved Heritability Estimation from Genome-Wide SNPs. *American Journal of Human Genetics*. 91, 1011-1021.

Sun, Y.F., Liu, R.R., Zheng, M.Q., Zhao, G.P., Zhang, L., Wu, D., Hu, Y.D., Li, P. and Wen J. (2013). Genome-wide Association Study on Shank Length and Shank Girth in Chicken. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 44:358–365.

Xu, Y., and Wu, J.(2014). A linkage information based method for imputing missing diploid genotypes. https://CRAN.R-project.org/package=linkim

Yang, J.,Lee,S.H., Goddard,M.E. and Visscher , P.M. (2011).GCTA: a tool for Genome wide Complex Analysis. *American Journal of Human Genetics*. 88(1): 76-82

VanRaden,F.R.(2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of dairy science*, 91, 4414-23.

Van Goor, A., Bolek, K., Ashwell, C., Persia, M.E., Rothschild, M.F., Schmidt, C. and Lamont, S.J. (2015). Identification of quantitative trait loci for body temperature, body weight, breast yield, and digestibility in an advanced intercross line of chickens under heat stress. *Genetic Selection Evolution*, 47:96-109.

for the analysis of genomic prediction data using R. *Bioinformatics* 1;28(15):2086-7.

Wimmer, V. Auinger, H.J., Albrecht, T. and Schoen C.C. (2016). synbreed: a framework