

شناسایی جایگاههای صفات کمی کنترل کننده وزن بدن روی کروموزوم

شماره ۳ در بلدرچین ژاپنی

افسانه میرشکار^۱، غلامرضا داشاب^{۲*}، محمد رکوعی^۳، راحله خانه‌گیر^۴

۱. کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
۲. دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
۳. ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
۴. کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران

تاریخ دریافت: تیر ۱۴۰۰ تاریخ پذیرش: آذر ۱۴۰۰

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۵۵۴۴۱۴۷۹

Email: dashab@uoz.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/ ASJ.2021.355323.2163

چکیده

هدف از این مطالعه شناسایی QTL های صفات وزن بدن روی کروموزوم ۳ بلدرچین ژاپنی در قالب طرح تلاقی چهار نسلی بر پایه دی آلل کراس بود. بدین منظور چهار سویه Wild، Italian، A and M Texas و Tuxedo بلدرچین ژاپنی دو به دو و رفت و برگشتی تلاقی داده شده و نسل اول ایجاد شد. سپس از تلاقی پرندگان آمیخته نسل اول، نسل‌های بعدی شامل دوم، سوم و چهارم ایجاد شدند. داده‌های فنوتیپی شامل اندازه‌گیری‌های وزن بدن از تولد تا ۴۵ روزگی با فاصله ۵ روز در نتاج حاصل از والدین انتخابی نسل چهارم بودند. والدین نسل سوم و چهارم و کل پرندگان حاصل از والدین انتخابی نسل چهارم (۳۶۹ پرنده) برای سه نشانگر ریزماهواره‌ای واقع بر کروموزوم ۳ تعیین ژنوتیپ شدند. برآورد اثرات نشانگرها و مؤلفه‌های واریانس QTL با سه مدل افزایشی، غالبیت و افزایشی-غالبیت نشانگرها با رویه AI-REML نرم‌افزار GVCBLUP انجام شد. در برآورد آثار نشانگرها نقطه‌ای که بالاترین میزان آماره F را دارا بود به عنوان مکان QTL گزارش شد. نتایج این تحقیق بیانگر وجود حداقل یک مکان ژنی (QTL) با اثرات افزایشی مرتبط با صفات وزن ۵، ۱۰، ۲۰ و ۴۰ روزگی در ابتدا و برای صفات هج، ۱۵، ۲۵، ۳۰، ۳۵ و ۴۵ روزگی در موقعیت ۳۸ سانتی-مورگان کروموزوم ۳ بودند. همچنین در مدل غالبیت QTL های معنی‌دار برای اکثر صفات به جز ۲۵ و ۳۵ روزگی در ابتدای کروموزوم ۳ قرار داشتند. درصد تغییرات بواسطه اثرات افزایشی و غالبیت نشانگرها در تظاهر فنوتیپی صفات وزن بدن در دامنه ۱/۳ تا ۸/۷ درصد قرار داشت. بنابراین، نتایج این تحقیق وجود جایگاه‌های ژنی با اثرات افزایشی و غالبیت برای صفات وزن بدن در بلدرچین ژاپنی بر کروموزوم ۳ را تایید می‌نماید و اضافه کردن ژنوتیپ نشانگرهای مذکور در قالب مدل انتخاب بواسطه نشانگرها (MAS) می‌تواند منجر به بهبود صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی گردد.

واژه‌های کلیدی: اثرات افزایشی، اثرات غالبیت، دی آلل کراس، ریزماهواره، مکان‌یابی QTL

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 135 pp: 55-72

Identification of quantitative traits loci controlling body weight on chromosome 3 in Japanese quail

By: Afsaneh Mirshakar¹, Gholam Reza Dashab^{2*}, Mohammad Rokouei³, Raheleh Khanegir⁴

1. M.Sc. of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol.

2. Associate Professor of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol.

3. Associate Professor of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science and Bioinformatics, College of Agriculture, University of Zabol.

4. M.Sc. of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol.

Received: May 2021

Accepted: December 2021

The aim of this study was to discover QTL for body weight traits on chromosome 3 of Japanese quail in a four-generation design based on diallel crosses. For this purpose, four strains of Wild, A and M Texas, Italian and Tuxedo Japanese quail were crossed in reciprocal and diallel in the first generation. The first generation of hybrid birds was then used to produce the next generations, including the second, third, and fourth generations. Phenotype data included body weight gain from hatching to 45 days with an interval of 5 days in the offspring of the selected fourth generation parents. Third and fourth generation parents and all birds from the selected fourth generation parents (369 birds) were genotyped for three microsatellite markers on chromosome 3. Marker effects and variance components were estimated with three models for additive, dominant, and additive-dominant markers using GVCBLUP software and the AI-REML procedure. For marker effects estimation, the point with the highest F statistic was considered as the QTL position. The results of this study indicate the presence of at least one QTL with additive effects related to body weight traits at 5, 10, 20 and 40 days at the beginning and for hatching, 15, 25, 30, 35 and 45 days at the 38 cM of chromosome 3. Significant QTLs were also found in the dominance model for most traits, except for 25 and 35 days at the beginning of chromosome 3. The percentage of changes due to additive and dominance effects of markers in the phenotypic expression of body weight traits ranged from 1.3 to 8.7%. Therefore, the results of this study confirm the existence of gene loci with additive effects and dominance for body weight traits in Japanese quail on chromosome 3, and adding genotyping of these markers to the marker assistant selection model (MAS) may improve the accuracy of prediction of estimated breeding value.

Key words: Additive effect, Diallel cross, Dominance effect, Microsatellite, QTL mapping

مقدمه

شناسایی و استفاده از نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی (QTL) با استفاده از چندشکلی نشانگرهای مولکولی (مانند ریزماهوره-ها، SNP و...) پایه و اساس انتخاب بواسطه نشانگرها (MAS) می‌باشد. با مقایسه ارتباط چندشکلی بین جایگاه‌های ژنومی و صفات مورد نظر، می‌توان از نظر اصلاحی نقاط و جایگاه‌های ژنومی بسیار ارزشمندی را برای انتخاب حیوانات برتر به دست

بلدرچین ژاپنی به دلیل جثه کوچک و فاصله نسلی کوتاه به عنوان یک حیوان آزمایشگاهی در تحقیقات زیستی شامل رفتارشناسی، پزشکی، ژنتیک و فیزیولوژی مورد استفاده قرار گرفته است. همچنین از آن بعنوان یک مدل حیوانی در مطالعات ژنتیکی و مکان‌یابی نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی استفاده می‌شود (Kayang و همکاران، ۲۰۰۴).

ژاپنی به منظور شناسایی جایگاه صفات کمی مؤثر بر صفات رشد انجام شد، QTL‌های معنی‌داری برای وزن بدن در زمان هیچ و چند صفت مرتبط با رشد واقع بر کروموزوم ۱ گزارش شد (سهرابی و همکاران، ۱۳۹۲). بنابراین هدف از مطالعه حاضر شناسایی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات وزن بدن از هیچ تا ۴۵ روزگی با استفاده از یک طرح تلاقی چهار نسلی با چهار سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی در قالب دی آلل کراس می‌باشد.

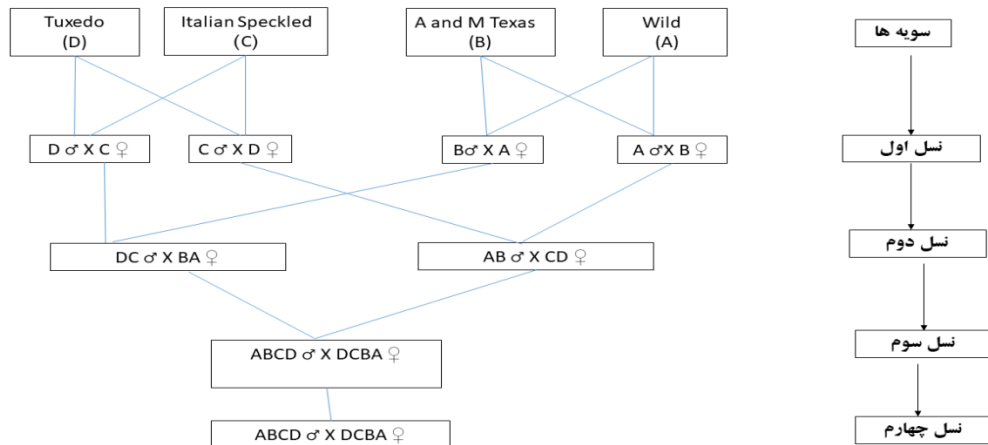
مواد و روش‌ها

پژوهش حاضر در پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل انجام گرفت. جمعیت مورد استفاده شامل آمیخته‌های حاصل از یک طرح چهار نسلی چهار سویه‌ای در قالب دی آلل کراس بود. تعداد پنج جفت از هر چهار سویه بلدرچین ژاپنی شامل Wild (A)، A، (B) and M Texas، (C) Italian Speckled و (D) Tuxedo به تصادف انتخاب و دو به دو رفت و برگشتی تلاقی داده شدند و نسل اول ایجاد گردید. برای ایجاد نسل‌های دوم، سوم و چهارم تعداد ۲۰ جفت به تصادف از پرندگان آمیخته نسل قبل انتخاب و در دو مسیر رفت و برگشت تلاقی داده شدند. در نهایت تعداد ۱۸ جفت پرنده از نسل چهارم به صورت تصادفی انتخاب و تمام نتایج حاصل از آنها برای سه جفت نشانگر ریزماهورای واقع بر کروموزوم ۱ تعیین ژنوتیپ شدند (شکل ۱). جمعیت نقشه‌یابی شامل نسل سوم (۱۸ پرنده) و چهارم (۳۶ پرنده) و تمام نتایج تولید شده از والدین هتروزیگوت نسل چهارم (۳۱۵ پرنده) بودند. نمونه خون مربوط به تمام این پرندگان (در مجموع ۳۶۹ پرنده) جهت استخراج DNA از ورید زیر بال در لوله‌های شامل ماده ضد انعقاد (EDTA ۰/۵ درصد) جمع‌آوری گردید.

آورد (سهرابی و همکاران، ۱۳۹۲). در سال‌های اخیر در زمینه نشانگرهای ملکولی پیشرفت‌های چشمگیری صورت گرفته است و از سوی دیگر گسترش روش‌های آماری و بیومتری پیشرفته و تلفیق آن‌ها با نتایج حاصل از نشانگرهای مولکولی، امکان ارزیابی دقیق‌تر و جزئی‌تر مکان‌یابی صفات کمی را فراهم کرده است. به کمک این روش‌ها می‌توان جایگاه و نواحی ژنومی کنترل کننده یک صفت کمی (QTL) را شناسایی و پارامترهای ژنتیکی (اثرات افزایشی، غلبه و اپیستازی) و فنوتیپی آنها را برآورد نمود (Gao و همکاران، ۲۰۰۹؛ Xu و همکاران، ۲۰۱۱).

مطالعات بسیار زیادی به منظور نقشه‌یابی جایگاه‌های صفات کمی در مرغ صورت گرفته است و QTL‌های معنی‌دار فراوانی برای صفات مختلف در این پرنده گزارش شده است (Navarro و همکاران، ۲۰۰۵). محققان مطالعاتی جهت شناسایی مکان‌های ژنی برخی صفات بلدرچین ژاپنی تحت شرایط مختلف، طرح‌های آمیزشی متفاوت، مدل و روش‌های آماری مختلف از جمله صفات مرتبط با رشد (Jabbari و همکاران، ۲۰۱۲؛ Esmailzadeh و همکاران، ۲۰۱۴؛ مرادیان و همکاران، ۱۳۹۱)، صفات رفتاری و تولید تخم (Minvielle و همکاران، ۲۰۰۵) و ویژگی‌های لاشه (سهرابی و همکاران، ۱۳۹۵؛ مرادیان و همکاران، ۱۳۹۳؛ Jabbari و همکاران، ۲۰۱۴) انجام داده‌اند. چراتی و همکاران (۱۳۹۲) برای دو صفت دمای بدن و بهت‌زدگی، QTL‌های معنی‌دار روی کروموزوم ۳ گزارش نمودند. ایرانمنش و همکاران (۱۳۹۶) در مطالعه‌ای بر اساس یک طرح سه نسلی در جمعیت بلدرچین ژاپنی دو QTL معنی‌دار برای صفات افزایش وزن از هیچ تا یک هفته‌گی و نسبت کلیبر^۱ به ترتیب در موقعیت ۲۱ و ۱۸ سانتی‌مورگان بر روی کروموزوم ۵ شناسایی کردند. در مطالعه‌ای دیگر به منظور مکان‌یابی جایگاه‌های کنترل کننده صفات کمی، QTL‌هایی برای صفات رشد و مصرف غذا بر روی کروموزوم ۱، تولید تخم بر روی کروموزوم ۶، عدم تحرک ناشی از ترس بر روی کروموزوم ۱ و دمای بدن بر روی کروموزوم‌های ۱ و ۳ گزارش نمودند (Minvielle و همکاران، ۲۰۰۵). در نهایت در مطالعه‌ای با تولید نسل F2 حاصل از تلاقی دو سویه بلدرچین

¹ Kleiber ratio



شکل ۱- شماتیک طرح آمیزشی چهار نسلی حاصل از تلاقی چهار سویه بلدرچین ژاپنی

استخراج DNA به روش نمکی- دترجنت (شرکت زیست فناوری زند، زابل) از خون کامل بلدرچین‌ها انجام گرفت. برای تعیین کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد استفاده گردید.

با توجه به نقشه پیوستگی نشانگرهای ریزماهورای بلدرچین ژاپنی (Kayang و همکاران، ۲۰۰۴) تعداد سه نشانگر با فاصله مناسب بر روی کروموزوم ۳ انتخاب و برای مطالعه مکان‌یابی استفاده شد (جدول ۱) تکثیر نشانگرهای مذکور با پرایمرهایی اختصاصی (Zane و همکاران، ۲۰۰۲) و کیت مسترمیکس شرکت زیست فناوری زند (شرکت زیست فناوری زند، زابل) انجام گرفت. با بهینه‌سازی دمای واکنش، تکثیر (PCR) برای نشانگرهای مورد استفاده انجام شده و بر روی ژل آگارز ۵ درصد نمایان‌سازی شدند.

وزن بدن طی دوره‌های پنج روزه، بر روی تمام نتاج حاصل از نسل چهارم و فرزندان آن‌ها اندازه‌گیری شد. در هر نسل، جوجه‌ها در روز اول پس از جوجه‌ریزی و ارزیابی وزن توسط سنجاق قفلی، برای ثبت شجره شماره‌گذاری شدند. دمای اتاق مرغ در هفته اول ۳۵ درجه سانتیگراد، در هفته دوم ۳۰ درجه سانتیگراد و در سایر هفته‌ها ۲۵-۲۰ درجه سانتیگراد بود. در طول دوره رشد، آب و خوراک به صورت آزاد در اختیار جوجه‌ها قرار گرفت و آن‌ها یک برنامه نوری ۲۴ ساعته داشتند. جوجه‌ها از روز اول تا ۴۵ روزگی با یک رژیم غذایی متعادل مطابق با استانداردهای NRC شامل ۲۵٪ پروتئین و ۲۹۰۰ کیلوکالری انرژی متابولیکی به ازای هر کیلوگرم) تغذیه شدند. وزن جوجه‌ها از روز جوجه‌ریزی تا ۴۵ روز با مقیاس دیجیتال با دقت ۰/۰۱ در فواصل پنج روزه انجام شد. در مجموع ۱۷۹۴ رکورد برای ۷۰ نر و ۷۲ ماده به دست آمد.

جدول ۱- مشخصات پرایمرهای اختصاصی جهت تکثیر نشانگرهای ریزماهورای واقع بر کروموزوم ۳ بلدرچین ژاپنی

نام نشانگر	شماره کروموزوم	موقعیت بر حسب سانتی مورگان	توالی آغازگر پیشرو	توالی آغازگر پیرو
	۳	۰	5'-CTCTTATCCATCCTTCCTC-3'	5'-TTTTAAGTTTCCCGAGCAG-3'
	۳	۲۷	5'-AATACTGGTTTTGTGATGGC-3'	5'-GGGCAATAAAAAGAAAGACTG-3'
GUJ0041	۳	۳۸	5'-AAAATGTCTGCAAAATGGGC-3'	5'-TGAAACATACCTGAGTGCTA-3'

موقعیت QTL در نظر گرفته شد. در روش رگرسیون نشانگرها مکان QTL منطبق بر مکان نشانگر خواهد بود که بیشترین اثر را بر صفت مورد مطالعه دارد و ممکن است که QTL قبل یا بعد از نشانگر واقع باشد که در عدم تعادل با نشانگر است. لذا روش رگرسیون در تعیین اثر QTL بسیار قوی، اما در تعیین مکان QTL ضعیف هست. البته با توجه به فاصله طولانی که بین نشانگرها بدلیل تک‌شکل بودن نشانگر GUJ0035، نتیجه روش رگرسیون نشانگرها و رگرسیون درون فاصله‌ای تفاوتی با هم ندارند (Weller، ۲۰۰۱).

محاسبه ساختارهای ژنتیکی و جمعیتی شامل فراوانی آللی و ژنوتیپی، میزان هتروزیگوسیتی از نرم‌افزار POPGENE (Yeh و همکاران، ۱۹۹۹) میزان محتوای اطلاعات چندشکلی با نرم‌افزار PowerMarker 3.25 (Liu و Muse، ۲۰۰۵) و تجزیه و تحلیل QTL با رویه AI-REML از نرم‌افزار GVCBLUP (Lu و همکاران، ۲۰۱۶) استفاده شد و براساس برآوردهای بدست آمده برای اثرات نشانگری با نرم‌افزار GVCBLUP، ترسیم گراف‌ها با نرم‌افزار SNPEVG (Wang و همکاران، ۲۰۱۲) انجام شد.

نتایج و بحث

ویژگی‌های توصیفی صفات وزن بدن در سنین مختلف در جدول ۲ ارائه شده است. میانگین وزن هیچ در آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی در زمان هیچ برابر با ۸/۵ گرم و در ۴۵ روزگی ۲۳۰/۷۲ گرم بودند. میزان تنوع در صفات وزن بدن با افزایش سن تا ۱۵ روزگی افزایشی و بعد از آن کاهش می‌یابد. ضریب تغییرات در دامنه بین ۱۲/۷۹ تا ۳۳ درصد قرار داشت.

جهت تعیین تعداد و اندازه باندهای تکثیر شده بر روی ژل آگارز از نرم‌افزار PHOTOCAP استفاده شد (Baron و همکاران، ۲۰۱۱). برای این منظور تمام والدین که احتمالاً ممکن بود آلل-های متفاوتی برای هر نشانگر داشته باشند با هم بر روی یک ژل لود شدند و بعد از اتمام الکتروفورز با نرم‌افزار باندها از هم تفکیک و از نظر اندازه از کوچک به بزرگ با حروف بزرگ لاتین نامگذاری شدند.

برآورد آثار نشانگرها و نقشه‌یابی مکان‌های ژنی بر پایه مدل خطی نشانگرها در قالب الگوریتم AI-REML در قالب سه مدل افزایشی، غالبیت و افزایشی- غالبیت به شرح ذیل انجام گرفت:

$$Y = Xb + Tg + e \quad (1)$$

$$Y = Xb + Wd + e \quad (2)$$

$$Y = Xb + Tg + Wd + e \quad (3)$$

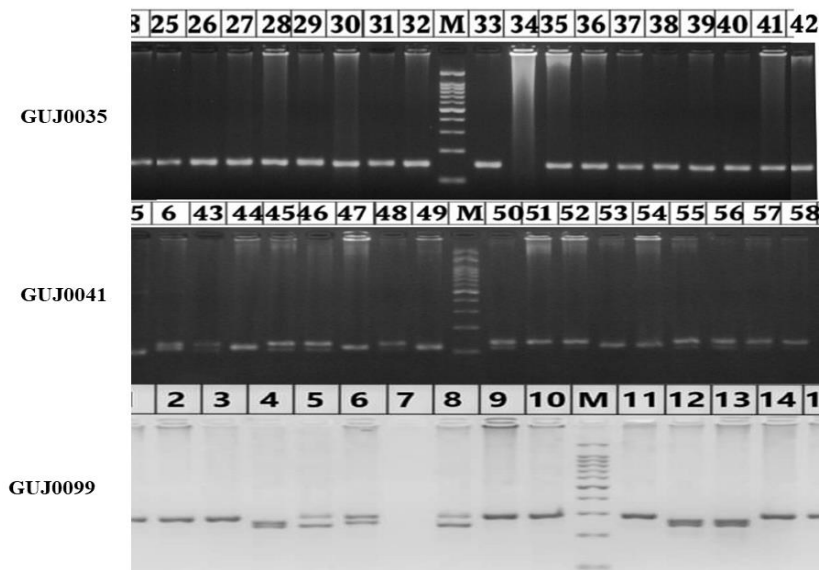
در معادلات بالا، Y بردار مشاهدات فنوتیپی که شامل رکوردهای وزن از هیچ تا ۴۵ روزگی در فواصل ۵ روزه هستند، b بردار اثرات ثابت شامل جنس پرنده (دو سطح)، نوبت هیچ (۵ سطح) و فصل (چهار سطح) و سال رکوردبرداری (دو سطح) بودند، g بردار اثرات افزایشی نشانگرها، d بردار اثرات غالبیت نشانگرها، X، T، (کدهای ۰، ۱ و ۲ به ترتیب برای ژنوتیپ‌های AA، Aa و aa) و W (کدهای ۰، ۱ به ترتیب برای ژنوتیپ‌های هموزیگوت و هتروزیگوت) به ترتیب ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثرات ثابت، افزایشی و غالبیت نشانگرها به رکوردهای فنوتیپی هستند و e بردار اثرات تصادفی خطای باقیمانده می‌باشد. براساس مدل‌های آماری بالا نقطه‌ای که حداکثر آماره F باشد به عنوان محتمل‌ترین

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات وزن بدن در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

ضرب تغییرات	حداکثر	حداقل	میانگین	تعداد رکورد	صفت (گرم)
۱۲/۷۹	۱۱/۹۱	۴/۸۵	۸/۵۲	۱۷۴۹	وزن هج
۲۴/۴۴	۳۲/۴۸	۵/۶۴	۱۶/۹۸	۱۳۱۹	وزن ۵ روزگی
۳۳/۰۰	۷۵/۵۶	۱۰/۰۴	۳۱/۶۹	۱۰۱۶	وزن ۱۰ روزگی
۳۳/۰۰	۱۱۲/۱۸	۱۳/۶۴	۵۵/۲۶	۸۶۶	وزن ۱۵ روزگی
۲۸/۵۶	۱۸۵/۴۴	۱۵/۵۶	۸۶/۴۵	۷۸۴	وزن ۲۰ روزگی
۲۴/۹۲	۲۰۴/۰۹	۳۷/۴۰	۱۱۷/۳۱	۷۴۴	وزن ۲۵ روزگی
۲۲/۹۷	۲۵۹/۹۸	۵۰/۰۶	۱۵۳/۳۵	۷۳۰	وزن ۳۰ روزگی
۱۹/۶۵	۲۵۹/۸۶	۶۲/۰۶	۱۷۸/۴۳	۷۱۸	وزن ۳۵ روزگی
۱۲/۸۲	۳۱۴/۱۲	۳/۷۱	۲۰۵/۸۷	۷۰۷	وزن ۴۰ روزگی
۱۷/۶۷	۴۶۷/۷۷	۱۱۰/۱۴	۲۳۰/۷۲	۷۰۶	وزن ۴۵ روزگی

برای واکنش تکثیر سه نشانگر G.UJ0099، G.UJ0035 و G.UJ0041 به ترتیب ۵۶، ۵۴ و ۵۴ درجه سانتی گراد بودند. باندهای مشاهده شده بر روی ژل آگارز ۵ درصد از ساینز کوچک به بزرگ با حروف بزرگ لاتین نامگذاری شدند.

تکثیر نشانگرهای ریزماهورای واقع بر روی کروموزوم ۳ با پرایمرهای اختصاصی با موفقیت انجام گرفت. به جزء نشانگر G.UJ0035 که چندشکلی نداشت، سایر نشانگرها شامل G.UJ0041 و G.UJ0099 به ترتیب باندهایی در دامنه ۲۹۰-۲۴۶ و ۱۹۱-۱۸۹ جفت باز تولید کردند (شکل ۲). دمای بهینه



شکل ۲- تصاویر باندهای حاصل از تکثیر نشانگرهای ریزماهورای واقع بر کروموزوم ۳ با پرایمرهای اختصاصی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی (M، نشانگر اندازه باند و سایر شماره ها بر روی ژل مربوط به نمونه مختلف پرندگان هستند).

واقعی و تعداد آلل مؤثر هستند. روشی علمی برای تعریف چندشکلی

از جمله معیارهای تعیین میزان چندشکلی، فراوانی آلل‌ها، تعداد آلل

GUJ0041) بلدرچین ژاپنی چندشکل هستند و یک جایگاه GUJ0035 تک‌شکل بود. تعداد آلل‌های مشاهده شده و فراوانی آنها برای دو جایگاه ریزماهوره‌ای واقع بر روی کروموزوم ۳ در جمعیت آمیخته چهار نسلی حاصل از تلاقی چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی در قالب طرح دی آلل در جدول ۳ ارائه شده است.

این است که یک حد آستانه برای فراوانی آلل‌های معمول در نظر گرفته شود، یعنی جایگاه‌هایی چندشکل هستند که فراوانی معمول‌ترین آلل در آنها، کمتر از ۰/۹۹ یا کمتر از ۰/۹۵ باشد. هر دوی این حدود اختیاری است، ولی اگر اندازه نمونه کافی باشد (تقریباً ۱۰۰ فرد یا بیشتر) ۰/۹۹ بیشتر استفاده می‌شود (Navani و همکاران، ۲۰۰۲) مطابق این تعریف دو جایگاه واقع بر روی کروموزوم ۳ (GUJ0099 و

جدول ۳- فراوانی آللی در جایگاه‌های ریزماهوره‌ای واقع بر کروموزوم ۳ جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

انواع باندها	GUJ0099	GUJ0035	GUJ0041
A	۰/۱۱	۱	۰/۶۶
B	۰/۲۲	-	۰/۱۳
C	۰/۲۴	-	۰/۲۲
D	۰/۲۰	-	-
E	۰/۱۲	-	-
F	۰/۱۱	-	-
تعداد آلل‌های مشاهده شده	۶	۱	۳
تعداد آلل‌های مؤثر	۵/۴۴	۱	۲/۰۳

تعداد و نشانگر GUJ0035 به دلیل منومورف بودن در تعادل بود. این آماره اغلب برای مقایسه تفاوت بین جمعیت‌ها بر اساس تفاوت‌های ژنتیکی بین جمعیت‌ها می‌باشد. علت چنین امری را نیز می‌توان تکامل غیر هم‌جهتی دانست که در جمعیت‌های مختلف برای یک جایگاه خاص در طول زمان در اثر تفاوت‌های جغرافیایی در مناطق پراکنش آنها روی داده است. این امر موجب می‌گردد جایگاه مورد نظر برای کل جمعیت‌های ادغام شده از تعادل هاردی-واینبرگ انحراف داشته باشد. نرخ بالای جهش در ریزماهوره‌ها و ایجاد آلل‌های جدید و وجود آلل‌های نول در برخی از نشانگرها نیز از عوامل مهم انحراف از تعادل است.

بیشترین فراوانی آللی در جایگاه GUJ0041 مربوط به آلل A با ۰/۶۶ بود. آلل C با ۰/۲۲ و آلل B با ۰/۱۳ در مرتبه‌های بعدی قرار داشتند. بیشترین فراوانی آللی در جایگاه GUJ0099 مربوط به آلل C و آلل‌های B، بودند. بقیه آلل‌ها فراوانی کمتری داشتند و آلل‌های با فراوانی کمتر از ۵ درصد به عنوان آلل‌های نادر معرفی می‌شوند.

نتایج تعادل یا عدم تعادل در جایگاه‌های ریزماهوره‌ای واقع بر روی کروموزوم ۳ در جدول ۴ ارائه شده است. انتخاب و کوچک بودن اندازه جمعیت موجب خروج از تعادل هاردی-واینبرگ می‌شود. دو نشانگر GUJ0099 و GUJ0041 در حالت عدم

جدول ۴- میزان عدم تعادل در جایگاه‌های ریزماهورهای واقع بر کروموزوم ۳ جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

جایگاه نشانگری	آزمون کای اسکور	آزمون حداکثر درستی	نتیجه
	سطح احتمال	سطح احتمال	
GUJ0099	۰/۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰	عدم تعادل
GUJ0035	۱	۱	تعادل
GUJ0041	۰/۰۰۰۰۲۴	۰/۰۰۰۸۸۶	عدم تعادل

یکی دیگر از شاخص‌های چندشکلی در جمعیت‌ها می‌باشد که کمتر تحت تأثیر اندازه جمعیت قرار می‌گیرد و میزان هتروزیگوسیتی خالص جمعیت‌ها را نشان می‌دهد.

میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار و سایر شاخص‌های هتروزیگوسیتی در جدول ۵ ارائه شده است. بالاترین میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده مربوط به جایگاه GUJ0099 و کمترین مقدار هم مربوط به نشانگر GUJ0041 بود. شاخص نئی

جدول ۵- میزان هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی مشاهده شده و قابل انتظار در نشانگرهای ریزماهورهای واقع بر کروموزوم ۳ جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

جایگاه نشانگری	هموزیگوسیتی مشاهده شده	هموزیگوسیتی مورد انتظار	مورد مشاهده هتروزیگوسیتی	مورد هتروزیگوسیتی مشاهده شده	مورد شاخص نئی
	۰/۲۷۶	۰/۱۷۷	۰/۷۲۴	۰/۸۲۳	۰/۸۱۶
GUJ0035	۱	۱	۰	۰	۰
	۰/۶۲۱	۰/۴۸۸	۰/۳۷۹	۰/۵۱۲	۰/۵۰۸
میانگین	۰/۶۳۲	۰/۵۵۵	۰/۳۶۸	۰/۴۴۵	۰/۴۴۱
انحراف معیار	۰/۳۶۲	۰/۴۱۶	۰/۳۶۲	۰/۴۱۶	۰/۴۱۲

محتوای اطلاعات چندشکلی سه جایگاه ریزماهورهای واقع بر روی کروموزوم ۳ در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی در جدول ۶ ارائه شده است. محتوای اطلاعات چندشکلی سه نشانگر مورد مطالعه شامل GUJ0099، GUJ0035 و GUJ041 به ترتیب برابر با ۰/۷۹، ۰ و ۰/۴۵ محاسبه شدند که بیانگر تفرق مناسب نشانگرها در جمعیت و مفید بودن در مطالعات پیوستگی ژنتیکی است. بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی متعلق به نشانگر GUJ0099 بود که در ابتدای کروموزوم ۳ واقع می‌باشد.

محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) نیز معیار دیگری برای انتخاب بهترین جایگاه در مطالعات پیوستگی ژنتیکی است. محتوای اطلاعات چندشکلی بالا نشان دهنده چندشکلی بالا و وجود آلل‌های نادر در یک مکان ژنی است که می‌تواند در تمایز مؤثر نمونه‌ها استفاده شود. شاخص محتوای اطلاعات چندشکلی نشان دهنده میزان چندشکلی یک نشانگر است که می‌تواند از صفر تا یک متغیر باشد. هر چقدر این عدد بزرگ‌تر باشد، بیانگر وجود تعداد آلل‌های زیاد و فراوانی زیاد چندشکلی برای آن مکان ژنی در جمعیت است (Botstein و همکاران، ۱۹۸۰).

جدول ۶- محتوای اطلاعات چند شکلی جایگاه‌های ریزماهواره‌ای واقع بر کروموزوم ۳ در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

جایگاه نشانگری	محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)
GUJ0099	۰/۷۹
GUJ0035	۰
GUJ0041	۰/۴۵

دخاله تعداد بیشتر جایگاه‌های ژنی کوچک اثر در تظاهر صفات و متأثر از محیط هستند. درصد تغییرات واریانس افزایشی نسبت به تغییرات کل برای وزن بدن در زمان هیچ ۲/۶ و در ۲۵ روزگی ۰/۷ درصد بودند (جدول ۷).

تجزیه مدل افزایشی: تجزیه مدل افزایشی فقط برای اوزان هیچ و ۲۵ روزگی آثار نشانگرها را در تغییرات فنوتیپی نشان داد. روند تغییرات واریانس افزایشی با افزایش سن زیادتر بود. همچنین واریانس باقیمانده یا خطا نیز با افزایش سن زیاد شد که بیانگر

جدول ۷- نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل افزایشی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

صفت (گرم)	واریانس افزایشی نشانگرها	واریانس خطا	درصد واریانس ژنتیکی نشانگرها (افزایشی)
وزن هیچ	۰/۰۴۸	۱/۷۹	۲/۶
وزن ۵ روزگی	۰/۰۰	۱۳/۷۲	۰
وزن ۱۰ روزگی	۰/۰۰	۶۵/۸۶	۰
وزن ۱۵ روزگی	۰/۰۰	۲۹۳/۱۵	۰
وزن ۲۰ روزگی	۰/۰۰	۵۳۹/۱۵	۰
وزن ۲۵ روزگی	۴/۶۶	۶/۶۳	۰/۷
وزن ۳۰ روزگی	۰/۰۰	۷۳۹/۷۶	۰
وزن ۳۵ روزگی	۰/۰۰	۵۴۵/۸۳	۰
وزن ۴۰ روزگی	۰/۰۰	۵۰۴/۴۲	۰
وزن ۴۵ روزگی	۰/۰۰	۸۷۵/۴۵	۰

روزگی و ۳۵ روزگی و بالاترین مقدار مربوط به وزن ۴۵ روزگی بود.

در طی دهه‌های گذشته توجه خاصی به توانایی ترکیبی سویه‌های طیور معطوف شده تا بتوان مجموعه‌ای از ویژگی‌های مطلوب را در یک پرنده جمع کرد. لذا با اضافه کردن اثرات غالبیت در مدل‌های برآورد نه تنها موجب بهبود مدل و کاهش واریانس خطا می‌گردد. بلکه می‌توان بخشی از وراثت‌پذیری پنهان به ویژه برای

تجزیه مدل غالبیت: نتایج تجزیه مدل غالبیت اثرات نشانگرها بر صفات وزن بدن از هیچ تا ۴۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین در جدول ۸ ارائه شده است. میزان واریانس غالبیت به عنوان بخشی از واریانس ژنتیکی کل که سهم به‌سزایی در آمیخته‌ها دارد نیز با افزایش سن افزایش یافته است. لذا پرنده جهت دستیابی به حداکثر توان رشد از تمام قابلیت‌های خود استفاده می‌نماید. کمترین میزان واریانس غالبیت مربوط به روز هیچ تا ۱۵

محیطی گردد، اما بعد از زمان هج شرایط متفاوت در مدیریت، تغذیه، و آب و هوایی می‌تواند بر دامنه تغییرات بیفزاید. همچنین در سهم تغییرات عوامل محیطی یا واریانس باقی‌مانده از اثرات عواملی مانند محیط مادر، محیط مشترک، اثرات ژنتیکی مادر، اثرات اپیستاتیک بین ژن‌ها و سایر عوامل دخیل نباید غافل ماند. همچنین بخشی از افزایش واریانس خطا می‌تواند مربوط به کاهش تعداد رکوردها با افزایش سن باشد.

صفاتی که وراثت‌پذیری پایین را نیز آشکار نمود. میزان خطا یا مجموعه عوامل غیرقابل کنترل از هج تا ۴۵ روزگی افزایش یافت. بالاترین میزان واریانس خطا مربوط به وزن ۴۵ روزگی است و کمترین آن مربوط به وزن هج بود. درصد تغییرات بواسطه آثار غالبیت در بروز صفات وزن بدن در دامنه بین ۴/۵ تا ۸/۷ درصد بود که کمترین درصد مربوط به وزن بدن در ۲۰ روزگی و بیشترین درصد هم مربوط به وزن ۴۵ روزگی بود. شرایط یکنواخت قبل از هج مربوط به مدیریت هجری دما، رطوبت، و تهویه می‌تواند موجب کاهش واریانس به واسطه عوامل

جدول ۸- نسبت واریانس ژنتیکی غالبیت به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل غالبیت در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

صفت (گرم)	واریانس غالبیت نشانگرها	واریانس خطا	درصد واریانس ژنتیکی نشانگرها (غالبیت)
وزن هج	۰/۰۰	۱/۸۷	۰
وزن ۵ روزگی	۰/۰۰	۱۳/۷۲	۰
وزن ۱۰ روزگی	۰/۰۰	۶۵/۸۶	۰
وزن ۱۵ روزگی	۰/۰۰	۲۹۳/۱۵	۰
وزن ۲۰ روزگی	۲۴/۱۶	۵۱۴/۳۳	۴/۵
وزن ۲۵ روزگی	۳/۷۳	۶۶۵/۶۲	۵/۶
وزن ۳۰ روزگی	۳۸/۳۲	۷۰۰/۴۸	۵/۲
وزن ۳۵ روزگی	۰/۰۰	۵۴۵/۸۳	۰
وزن ۴۰ روزگی	۳۲/۲۹	۴۷۱/۴۵	۶/۴
وزن ۴۵ روزگی	۷۶/۳۲	۷۹۵/۴	۸/۷

روزگی صفر برآورد شد، ولی برای سایر صفات روند افزایشی داشت و به بیشترین مقدار برای صفت وزن ۴۵ روزگی رسید. درصد تغییرات بواسطه آثار افزایشی و غالبیت نشانگرها در دامنه ۱/۳ تا ۸/۷ درصد قرار داشت که در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن قابل توجه هست.

تجزیه مدل افزایشی-غالبیت: نتایج تجزیه مدل افزایشی-غالبیت در برآورد آثار نشانگری و مؤلفه‌های واریانس در جدول ۹ ارائه شده است. همانند مدل افزایشی، مقدار واریانس افزایشی برای صفات وزن هج و ۲۵ روزگی به ترتیب ۰/۰۴۸ و ۶/۴۱ برآورد گردید و برای سایر صفات در حد صفر بود. همچنین واریانس غالبیت برای صفات مربوط به سنین اولیه از هج تا ۱۵

جدول ۹- نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل افزایشی-غالبیت نشانگرها در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

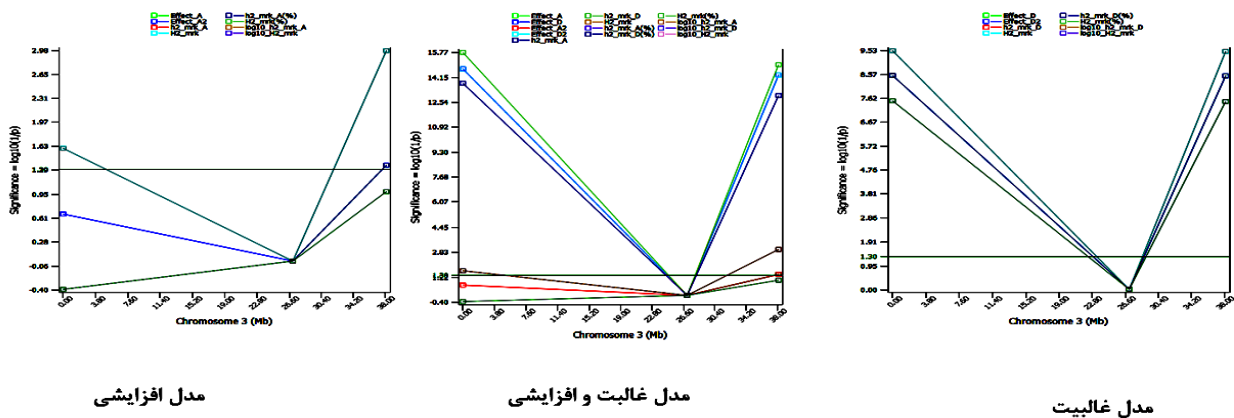
صفت (گرم)	واریانس افزایشی نشانگرها	واریانس غالبیت نشانگرها	واریانس خطا	درصد واریانس ژنتیکی (افزایشی+غالبیت)
وزن هج	۰/۰۴۸	۰/۰۰	۱/۷۹	۲/۶
وزن ۵ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۱۳/۷۲	۰
وزن ۱۰ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۶۵/۸۶	۰
وزن ۱۵ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۲۹۳/۱۵	۰
وزن ۲۰ روزگی	۰/۰۰	۲۴/۱۶	۵۱۴/۳۳	۴/۵
وزن ۲۵ روزگی	۶/۴۱	۸/۵۸	۶۱۵/۶۱	۱/۳
وزن ۳۰ روزگی	۰/۰۰	۳۸/۳۲	۷۰۰/۴۸	۵/۲
وزن ۳۵ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۵۴۵/۸۳	۰
وزن ۴۰ روزگی	۰/۰۰	۳۲/۲۹	۴۷۱/۴۵	۶/۴
وزن ۴۵ روزگی	۰/۰۰	۷۶/۳۲	۷۹۵/۴۱	۸/۷

روش تجزیه درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون، QTL‌های معنی-داری برای وزن و درصد سر، همچنین وزن و درصد پشت گزارش گردید (جباری عوری و همکاران، ۱۳۹۲a). در یک تحقیق دیگر، پویش کروموزوم شماره ۳ بلدرچین ژاپنی به منظور تشخیص QTL موثر بر صفات میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیه بلدرچین ژاپنی با استفاده از طرح F2 به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون، یک مدل تک QTL و پنج مدل مختلف آماری انجام گرفت. QTL‌های معنی‌داری برای صفات میانگین افزایش وزن روزانه تا ۱ هفتگی، ۱ تا ۲ هفتگی، ۳ تا ۴ هفتگی و نسبت کلیه محاسبه شده برای ۳ تا ۴ هفتگی گزارش شدند (جباری عوری و همکاران، ۱۳۹۲b). در تحقیق دیگری تجزیه QTL در قالب یک طرح سه نسلی و نقشه‌یابی درون فاصله‌ای اثرات متقابل جنس و اثر افزایشی QTL برای درصد هتروفیل، لئوسیت، نسبت هتروفیل به لئوسیت (موقعیت ۳۸ سانتی‌مورگان) و درصد اتوزینوفیل (موقعیت ۷ سانتی‌مورگان) معنی‌دار گزارش شدند. همچنین اثر متقابل هج و اثر افزایشی QTL نیز برای درصد مونوسیت در موقعیت ۳۴ سانتی‌مورگان و برای درصد اتوزینوفیل در موقعیت ۵ سانتی‌مورگان نیز معنی‌دار

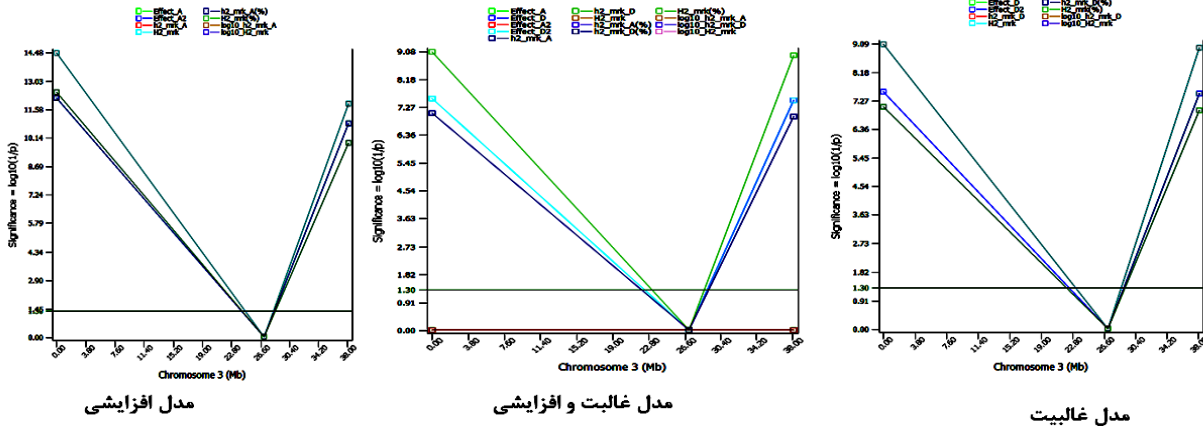
بر اساس مقدار اثراتی که برای نشانگرها در قالب مدل‌های مختلف برآورد شدند، نمودار آثار نشانگر ترسیم و نقطه‌ای که بالاترین مقدار آماره F را دارا باشد به عنوان محتمل‌ترین مکان QTL گزارش شدند. نتایج تجزیه QTL برای صفات وزن بدن از هج تا ۴۵ روزگی در شکل‌های ۳ تا ۱۲ ترسیم شده است. با توجه به این که نشانگر میانی چندشکلی نداشت، برآورد در این ناحیه صفر هست. در مدل افزایشی نتایج بیانگر QTL معنی‌دار برای صفات وزن بدن شامل ۵، ۱۰، ۲۰ و ۴۰ روزگی در ابتدای کروموزوم ۳ و برای صفات وزن بدن شامل هج، ۱۵، ۲۵، ۳۰، ۳۵ و ۴۵ روزگی در موقعیت ۳۸ سانتی-مورگان کروموزوم ۳ بود. در مدل غالبیت QTL صفات وزن بدن هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۳۰، ۴۰ و ۴۵ روزگی در ابتدای کروموزوم ۳ و برای صفات وزن بدن شامل ۲۵ و ۳۵ روزگی در موقعیت ۳۸ سانتی مورگان کروموزوم ۳ قرار داشتند. در مطالعه‌ای در شناسایی QTL‌های مرتبط با صفات وزن بدن بر روی کروموزوم ۳ انجام دادند، QTL‌های معنی‌داری را گزارش کردند (سهرابی و همکاران، ۱۳۹۰). در مطالعه‌ی مکان-یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با اجزای لاشه بر روی کروموزوم شماره ۳ با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره در بلدرچین ژاپنی و

بزرگ‌ترین QTL‌های با اثرات افزایشی بر صفات وزن بدن ۲/۷۲ درصد تغییرات ژنتیکی کل بود. نصیری‌فر و همکاران (۲۰۱۶) در پویش ژنومی کروموزوم ۲ برای صفات کیفی لاشه، QTL‌های معنی‌داری گزارش گردید که درصد واریانس بواسطه اثرات QTL برای مدل‌های افزایشی و غالبیت به ترتیب در دامنه ۱/۰۶ تا ۳/۳۳ و ۰/۷۱ تا ۴/۳۶ درصد واریانس فنوتیپی بودند. در نهایت در تحقیق دیگری، پویش ژنوم با تراشه ۴K نواحی چندشکل (SNP)، یک QTL معنی‌دار بر روی کروموزوم ۳ در موقعیت ۱۰۴/۶ سانتی‌مورگان گزارش نمود (Vollmar و همکاران، ۲۰۲۰). مطابق نتایج این تحقیق وجود QTL افزایشی و غالبیت بر روی کروموزوم ۳ محتمل هست و برای تعیین مکان دقیق نیاز به پنل‌های با تراکم بالا می‌باشد. اما با توجه به تعداد محدود نشانگرها میزان تنوع به واسطه اثرات نشانگر کم بود و با افزایش سطح ژنوم و تعداد نشانگر بیشتر می‌توان انتظار داشت که درصد تغییرات بیشتری را بتوان توجیه نمود.

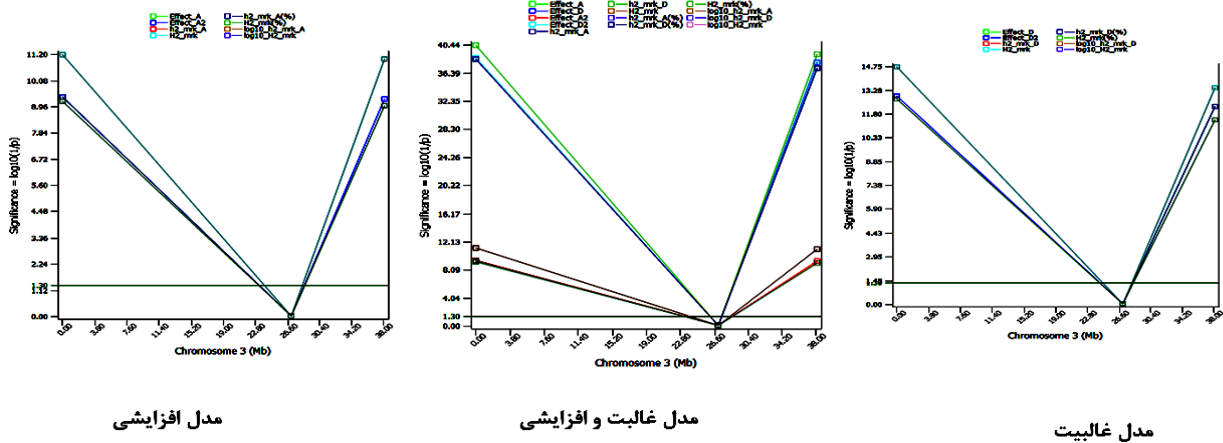
گزارش شده است (چراتی و همکاران، ۱۳۹۲). در یک پژوهش تجزیه QTL با روش رگرسیون درون فاصله‌ای در قالب مدل F2 منجر به شناسایی یک مکان مرتبط با صفت وزن بدن در ۶۵ روزگی در محدوده ۴۸ الی ۱۶۵ سانتی‌مورگان در بلدرچین ژاپنی گردید (Recoquilly و همکاران، ۲۰۱۵). ایرانمش و همکاران (۲۰۱۶) QTL‌های معنی‌دار برای وزن هیچ و وزن‌های بدن در یک، دو، سه، چهار و پنج هفتگی روی کروموزوم ۲ گزارش گردید. دامنه تغییرات واریانس بواسطه اثرات QTL در مدل افزایشی در دامنه ۱/۶۱ تا ۲/۶۶ درصد و در مدل غالبیت-غالبیت در دامنه ۰/۰۱ تا ۳/۶۲ درصد و در مدل غالبیت تا ۴/۳۶ درصد تغییرات ژنتیکی را به خود اختصاص دادند (Iranmanesh و همکاران، ۲۰۱۶). جباری و همکاران (۲۰۱۴) QTL‌های معنی‌داری را برای وزن هیچ و وزن‌های ۱، ۲، ۳ و ۴ هفتگی روی کروموزوم ۳ گزارش نمودند. همچنین اثرات غالبیت برای وزن بدن در یک هفتگی معنی‌دار بود و درصد تغییرات بواسطه غالبیت برای وزن بدن در یک هفتگی ۱/۶۹ درصد و



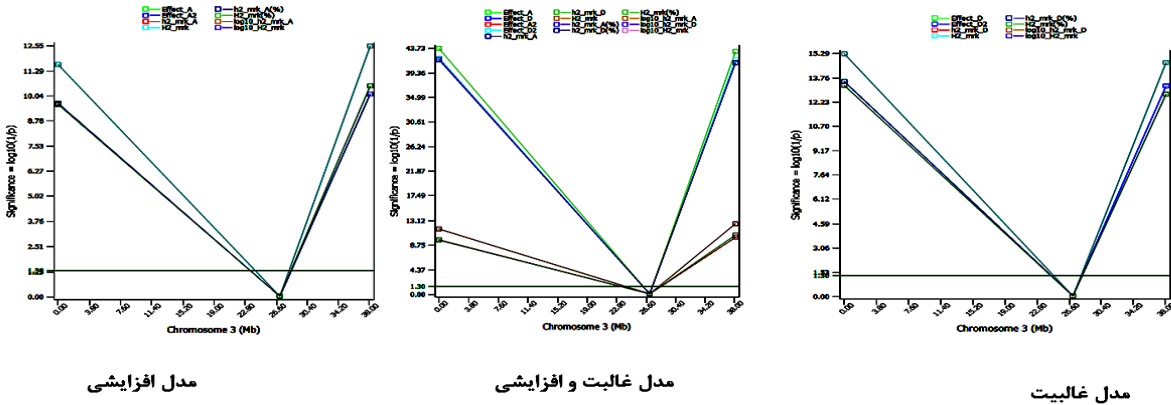
شکل ۳- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن هیچ در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت-پذیری عام، درصد وراثت‌پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، درصد وراثت‌پذیری عام، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، تکاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام).



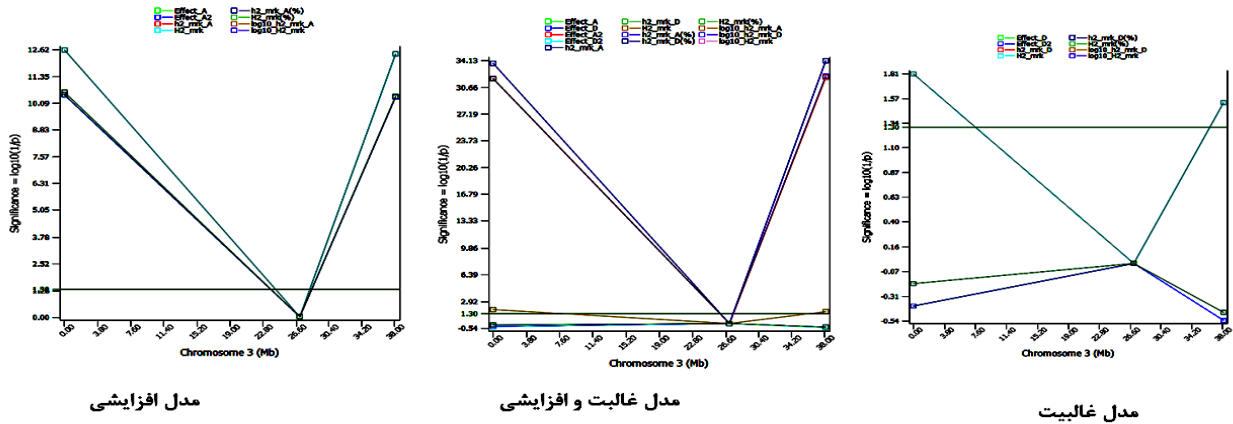
شکل ۴- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (-) اثر افزایشی نشانگرها، (-) اثرات غالبیت نشانگرها، (-) قدرمطلق اثرات افزایشی، (-) قدرمطلق اثرات غالبیت، (-) وراثت پذیری خاص، (-) نسبت غالبیت، (-) وراثت-پذیری عام، (-) درصد وراثت پذیری خاص، (-) درصد نسبت غالبیت، (-) درصد وراثت پذیری عام، (-) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (-) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (-) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).



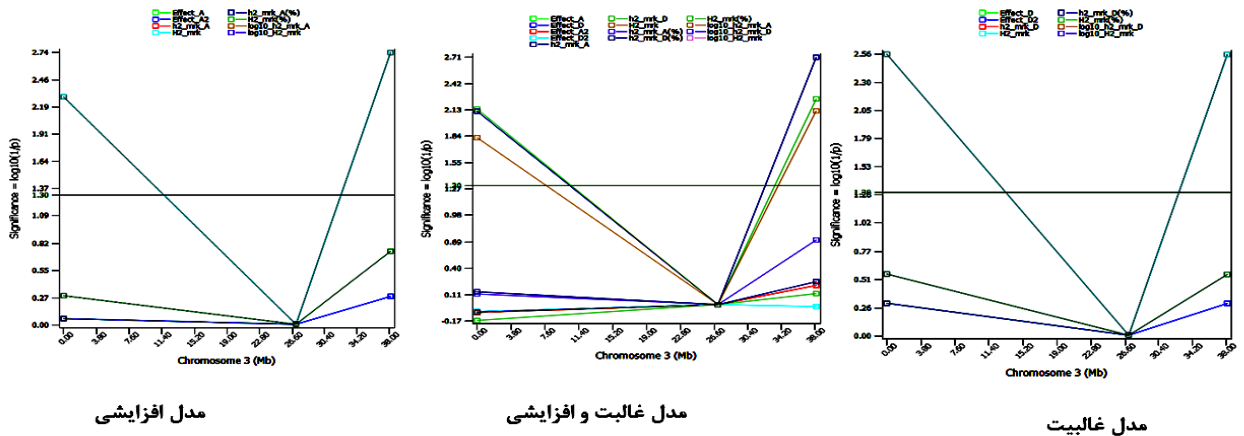
شکل ۵- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۱۰ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (-) اثر افزایشی نشانگرها، (-) اثرات غالبیت نشانگرها، (-) قدرمطلق اثرات افزایشی، (-) قدرمطلق اثرات غالبیت، (-) وراثت پذیری خاص، (-) نسبت غالبیت، (-) وراثت-پذیری عام، (-) درصد وراثت پذیری خاص، (-) درصد نسبت غالبیت، (-) درصد وراثت پذیری عام، (-) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (-) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (-) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).



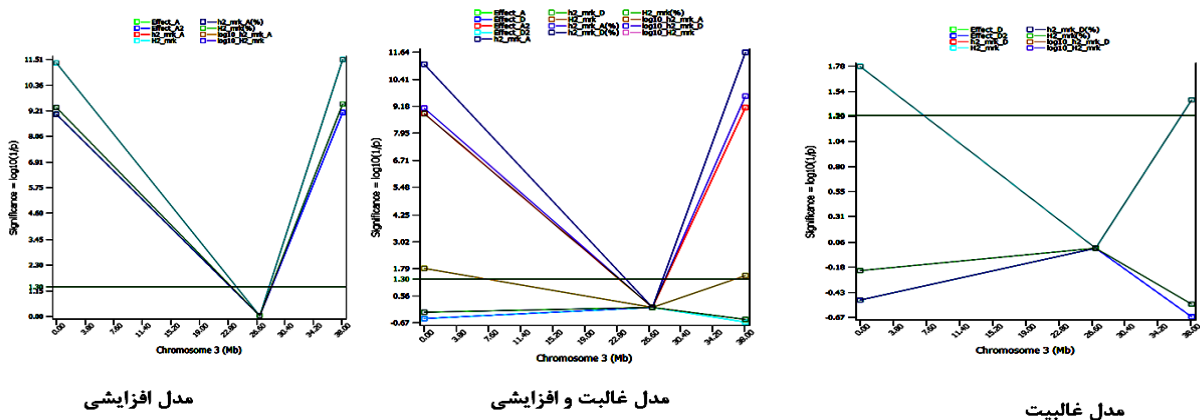
شکل ۶- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۱۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (۱) اثر افزایشی نشاگرها، (۲) اثرات غالبیت نشاگرها، (۳) قدرمطلق اثرات افزایشی، (۴) قدرمطلق اثرات غالبیت، (۵) وراثت پذیری خاص، (۶) نسبت غالبیت، (۷) وراثت-پذیری عام، (۸) درصد وراثت پذیری خاص، (۹) درصد نسبت غالبیت، (۱۰) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (۱۱) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (۱۲) وراثت پذیری عام).



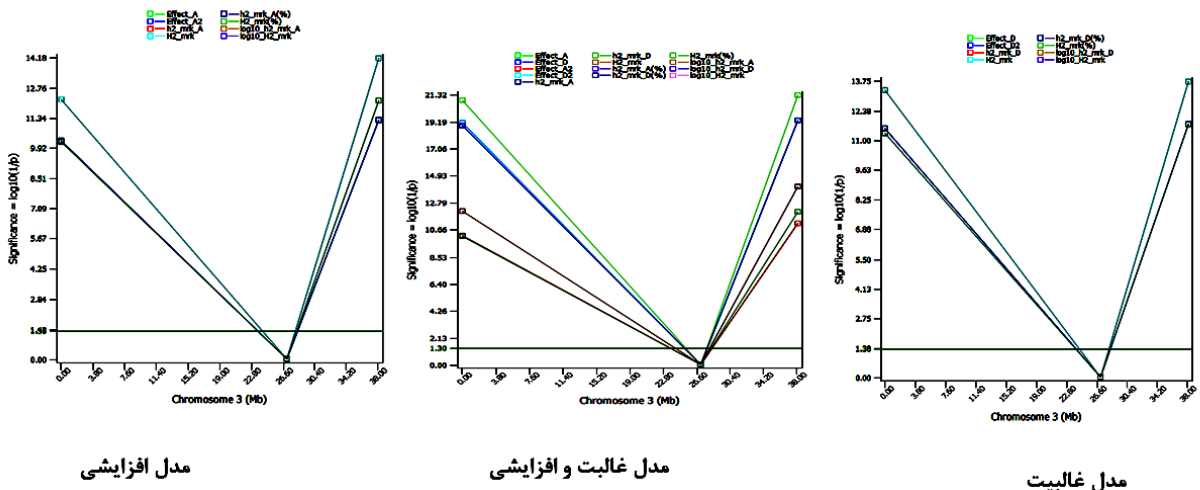
شکل ۷- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۲۰ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (۱) اثر افزایشی نشاگرها، (۲) اثرات غالبیت نشاگرها، (۳) قدرمطلق اثرات افزایشی، (۴) قدرمطلق اثرات غالبیت، (۵) وراثت پذیری خاص، (۶) نسبت غالبیت، (۷) وراثت-پذیری عام، (۸) درصد وراثت پذیری خاص، (۹) درصد نسبت غالبیت، (۱۰) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (۱۱) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (۱۲) وراثت پذیری عام).



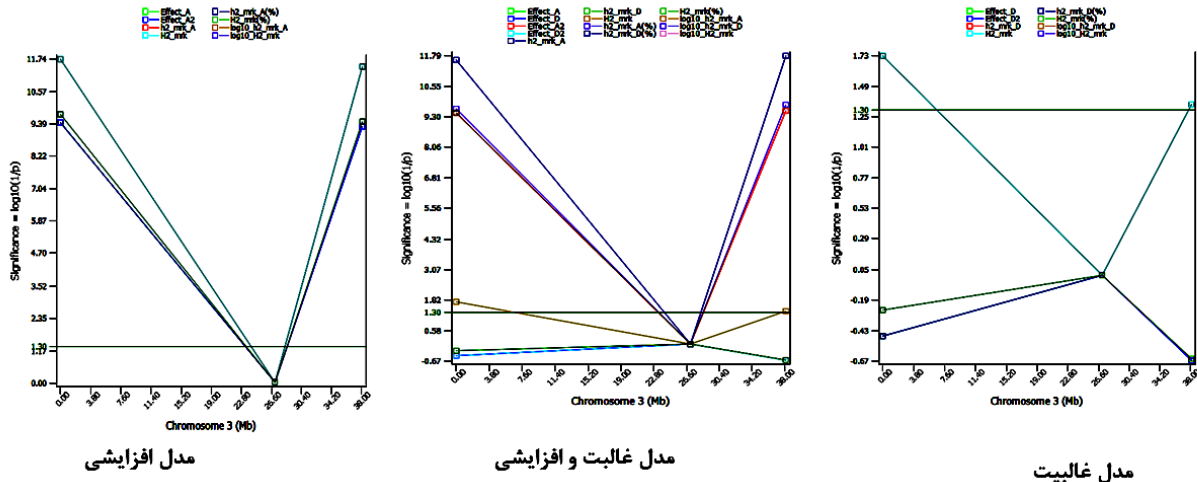
شکل ۸- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۲۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (۱) اثر افزایشی نشاگرها، (۲) اثرات غالبیت نشاگرها، (۳) قدرمطلق اثرات افزایشی، (۴) قدرمطلق اثرات غالبیت، (۵) وراثت پذیری خاص، (۶) نسبت غالبیت، (۷) وراثت-پذیری عام، (۸) درصد وراثت پذیری خاص، (۹) درصد نسبت غالبیت، (۱۰) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (۱۱) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (۱۲) وراثت پذیری عام).



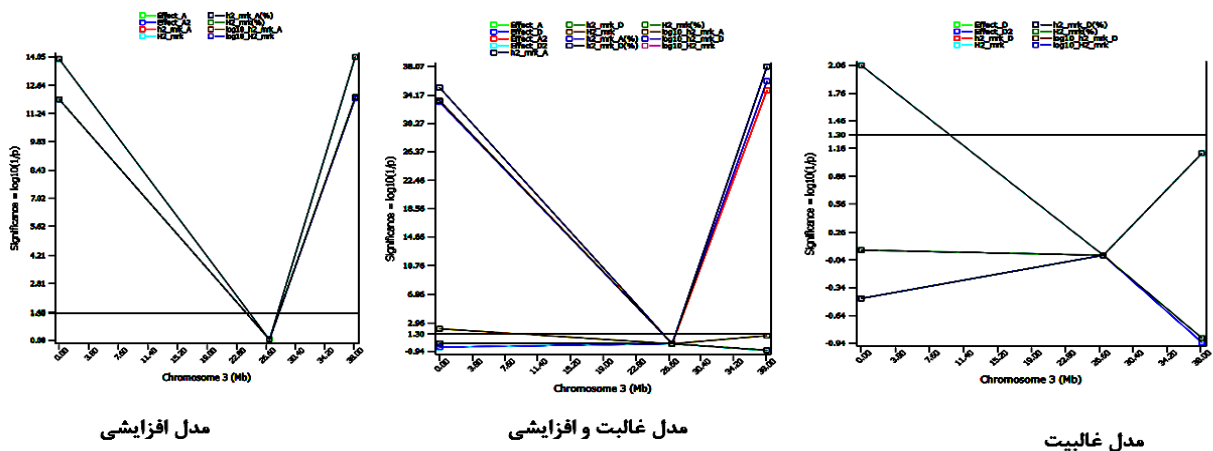
شکل ۹- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۳۰ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (□) اثر افزایشی نشاتگرها، (□) اثرات غالبیت نشاتگرها، (□) قدرمطلق اثرات افزایشی، (□) قدرمطلق اثرات غالبیت، (□) وراثت پذیری خاص، (□) نسبت غالبیت، (□) وراثت-پذیری عام، (□) درصد وراثت پذیری خاص، (□) درصد نسبت غالبیت، (□) درصد وراثت پذیری عام، (□) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (□) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (□) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).



شکل ۱۰- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۳۵ در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳ (□) اثر افزایشی نشاتگرها، (□) اثرات غالبیت نشاتگرها، (□) قدرمطلق اثرات افزایشی، (□) قدرمطلق اثرات غالبیت، (□) وراثت پذیری خاص، (□) نسبت غالبیت، (□) وراثت-پذیری عام، (□) درصد وراثت پذیری خاص، (□) درصد نسبت غالبیت، (□) درصد وراثت پذیری عام، (□) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، (□) لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، (□) لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).



شکل ۱۱- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۴۰ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳) اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت-پذیری عام، درصد وراثت پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، درصد وراثت پذیری عام، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، تکاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).



شکل ۱۲- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۴۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی واقع بر کروموزوم ۳) اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت-پذیری عام، درصد وراثت پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، درصد وراثت پذیری عام، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، تکاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، تکاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام).

نتیجه گیری کلی

اثرات افزایشی و غالبیت نشانگرها در دامنه ۱/۳ تا ۸/۷ درصد واریانس فنوتیپی بودند. بنابراین، اضافه کردن اطلاعات نشانگرهای ریزماهواره‌ای مذکور در قالب مدل انتخاب بواسطه نشانگرها (MAS) می‌تواند منجر به بهبود ارزش اصلاحی پرندگان و سرعت پیشرفت ژنتیکی گردد.

نتایج تجزیه QTL در قالب مدل‌های مختلف بیانگر وجود مکان‌های ژنی با آثار افزایشی و غالبیت در طول کروموزوم ۳ بود. مکان ژنی با آثار افزایشی برای اکثر صفات وزن بدن در موقعیت ۳۸ سانتی‌مورگان کروموزوم ۳ و مکان‌های ژنی با آثار غالبیت عمدتاً در ابتدای کروموزوم ۳ قرار داشتند. درصد تغییرات بواسطه

تشکر و قدردانی

از همکاران هیات علمی و کارمندان آزمایشگاه زیست فناوری دانشگاه زابل جهت ایجاد بستر لازم برای انجام آزمایشات تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

- ایرانمنش، م.، اسمعیلی زاده، ع. و محمدآبادی، م. (۱۳۹۶). نقشه‌یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با وزن بدن روی کروموزوم شماره ۵ در یک جمعیت F2 بلدرچین ژاپنی. *پژوهشهای تولیدات دامی*، ۹(۲۲): ۱۱۱-۱۱۱.
- جباری عوری، ر.، اسمعیلی زاده کشکوئیه، ع.، چراتی، ه. و آیت الهی مهرجردی، ا. (۱۳۹۲a). مکان یابی جایگاه های ژنی مرتبط با اجزای لاشه روی کروموزوم شماره ۳ در بلدرچین ژاپنی. هشتمین همایش بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران و چهارمین همایش ملی امنیت زیستی، تهران.
- جباری عوری، ر.، اسمعیلی زاده کشکوئیه، ع.، چراتی، ه. و محمدآبادی، م. (۱۳۹۲b). مکان یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با سرعت رشد اولیه و نسبت کلیبر روی کروموزوم شماره ۳ بلدرچین ژاپنی. هشتمین همایش بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران و چهارمین همایش ملی امنیت زیستی، تهران.
- چراتی، ه.، اسمعیلی زاده کشکوئیه، ع.، جباری عوری، ر. و آیت الهی مهرجردی، ا. (۱۳۹۲). مکان یابی جایگاه های ژنی مرتبط با انواع گلبول های سفید، دمای بدن و بهت زدگی در بلدرچین ژاپنی. *ژنتیک نوین*، ۹(۱): ۶۶-۵۷.
- سهرابی، س.، اسماعیلی زاده، ع.، محمد آبادی، م. و مرادیان، ح. (۱۳۹۲). شناسایی جایگاه های ژنی مؤثر بر نسبت کلیبر در یک جمعیت از آمیخته های حاصل از تلاقی دو سویه بلدرچین ژاپنی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۶(۱): ۱۲۲-۱۱۱.
- سهرابی، س.، اسماعیلی زاده، ع.، محمد آبادی، م.، مرادیان، ح.، نصیری فر، ا. و خدابخش زاده. (۱۳۹۵). شناسایی جایگاه‌های ژنی مؤثر بر عدم تقارن اسکلتی در بلدرچین ژاپنی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۸(۴): ۸۴-۶۹.
- مرادیان، ح.، اسماعیلی زاده، ع. و محمدآبادی، م. (۱۳۹۱). نقشه-یابی ریزماهورای جایگاه صفات کمی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی. *تولیدات دامی*، ۱۵(۲): ۹۹-۸۹.
- مرادیان، ح.، اسماعیلی زاده، ع.، محمدآبادی، م. و سهرابی، س. (۱۳۹۳). شناسایی جایگاه‌های ژنی مرتبط با وزن و نسبت اندام‌های داخلی بدن روی کروموزوم شماره ۱ بلدرچین ژاپنی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۶(۴): ۱۵۸-۱۴۳.
- Baron, E. E., Moura, A.S.A.M.T., Ledur, M.C., Pinto, L.F.B., Boschiero, C., Ruy, D.C. and Coutinho, L.L. (2011). QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, 42 (2): 117-124.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3): p.314.
- Esmailizadeh, A.K., Baghizadeh, A. and Ahmadizadeh, 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): 64-68.
- Gao, F.Y., Lu, X.J., Wang, W.M., Sun, S.S., Li, Z.H., Li, H.J. and Ren, G.J. (2009). Trait-specific improvement of a cytoplasmic male sterile line using molecular marker-assisted selection in rice. *Crop Science*, 49: 99-106.
- Iranmanesh, M., Esmailizadeh, A., Mohammad Abadi, M.R., Zand, E., Mokhtari, M.S. and Wu, D.D. (2016). A molecular genome scan to identify DNA segments associated with live weight in Japanese quail. *Molecular Biology Reports*. 43(11): 1267-1272.
- Jabbari, R., Esmailizadeh, A.K., Charati, H., Mohammadabadi, M.R. and Sohrabi, S.S. (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.

- Kayang, B.B., Vignal, A., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Monvoisin, J.L., Ito, S. and Minvielle, F. (2004). A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics*, 35 (3): 195-200.
- Liu, K. and Muse, S.V. (2005). PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128-2129.
- Lu, D., Akanno, E.C., Crowley, J.J., Schenkel, F., Li, H., De Pauw, M. and Plastow, G. (2016). Accuracy of genomic predictions for feed efficiency traits of beef cattle using 50K and imputed HD genotypes. *Journal of Animal Science*, 94(4): 1342-1353.
- Minvielle, F., Kayang, B.B., Inoue-Murayama, M., Miwa, M., Vignal, A., Gourichon, D. and Ito, S.I. (2005). Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*, 6 (1): 87.
- Nasirifar, E., Talebi, M., Esmailizadeh, A.K., Moradian, H., Sohrabi, S.S. and Askari, N. (2016). A chromosome-wide QTL mapping on chromosome 2 to identify loci affecting live weight and carcass traits in F2 population of Japanese quail. *Czech Journal of Animal Science*, 61(6): 290-297.
- Navani, N., Jain, P.K., Gupta, S., Sisodia, B.S. and Kumar, S. (2002). A set of cattle microsatellite DNA markers for genome analysis of riverine buffalo (*Bubalus bubalis*). *Animal Genetics*, 33(2): 149-154.
- Navarro, P., Visscher, P.M., Knott, S.A., Burt, D.W., Hocking, P.M. and Haley, C.S. (2005). Mapping of quantitative trait loci affecting organ weights and blood variables in a broiler layer cross. *British Poultry Science*, 46(4): 430-442.
- Recoquillay, J., Pitel, F., Arnould, C., Leroux, S., Dehais, P., Mor'eno, C., Calandreau, L., Bertin, A., Gourichon, D., Bouchez, O., Vignal, A., Fariello, M., Minvielle, F., Beaumont, C., Leterrier, C. and E. Le Bihan-Duval, E. (2015). A medium density genetic map and QTL for behavioral and production traits in Japanese quail. *BMC Genomics*, 16: 10.
- Vollmar, S., Haas, V., Schmid, M., Preu, S., Joshi, R., Rodehutschord, M. and Bennewitz, J. (2020). Mapping genes for phosphorus utilization and correlated traits using a 4k SNP linkage map in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Animal Genetics*, 52: 90-98.
- Wang, S., Dvorkin, D. and Da, Y. (2012). SNPEVG: a graphical tool for GWAS graphing with mouse clicks. *BMC Bioinformatics*, 13(1): 319.
- Weller, J.I. (2001). Quantitative trait loci analysis in animals. New York: CABI Publishing.
- Xu, H.M., Wei, C.S., Tang, Y.T., Zhu, Z.H., Sima, Y.F. and Lou, X.Y. (2011). A new mapping method for quantitative trait loci of silkworm. *BMC Genetics*, 12 (1): 19.
- Yeh, F.C., Yang, R. and Boyle, T. (1999). POPEGENE. Version 1.31. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis, University of Alberta. Edmonton.
- Zane, L., Bargelloni, L. and Patarnello, T. (2002). Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology*, 11 (1): 1-16.