ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۳
صفحه ۶۶- ۵۷

مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با انواع گلبولهای سفید، دمای بدن و بهت زدگی در بلدرچین ژاپنی

Mapping quantitative trait loci affecting leukocytes, body temperature and tonic immobility in Japanese quail

هادی چراتی*[۱]، علی اسمعیلی‌زاده کشکوئیه[۱]، رقیه جباری عوری[۱]، احمد آیت اللهی مهرجردی[۱]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد، دانشیار، دانشجوی کارشناسی‌ارشد، استادیار، دانشگاه شهید باهنر کرمان

Charati H*[1], Esmailizadeh KA[1], Jabari R[1], Ayatollahi Mehrgardi A[1]

1. MSc Student, Associate Professor, MSc Student, Assistant Professor, University of Shahid Bahonar, Kerman

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: hadicharati@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۱/۸/۱۴ - تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳۰)

چکیده

به منظور مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی (QTL) مرتبط با تنش (نسبت هتروفیل به لنفوسیت)، ترس (بهت زدگی) (TI)، انواع گلبولهای سفید و دمای بدن در بلدرچین ژاپنی از یک طرح سه نسلی F2 به عنوان جمعیت نقشه‌یابی استفاده شد. نمونه خون۴۷۲ پرنده در سن ۵ هفتگی جمع‌آوری و DNA به روش استخراج نمکی – کلروفورم، استخراج شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز جهت تکثیر نشانگرهای ریزماهواره‌ای GUJ0099، GUJ0035 و GUJ0041 در کروموزوم شماره ۳ انجام شد. تجزیه QTL به روش نقشه یابی درون فاصله‌ای انجام شد. برای دو صفت دمای بدن و بهت‌زدگی QTL معنی داری روی کروموزوم شماره ۳ شناسایی نشد. اثرات اصلی QTL نیز بر هیچکدام از صفات مورد مطالعه معنی دار نبود، اما اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL برای درصد هتروفیل، لنفوسیت، نسبت هتروفیل به لنفوسیت (درموقعیت ۳۸ سانتی مورگان نسبت به سانترومر) و درصد ائوزینوفیل (در موقعیت ۷ سانتی مورگانی) معنی‌داری (*P*<۰/۰۵) بود. اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL نیز برای درصد مونوسیت درموقعیت ۳۴ سانتی‌مورگان (*P*<۰/۰۱) و برای درصد ائوزنوفیل در موقعیت ۵ سانتی‌مورگان کروموزوم شماره ۳، معنی‌داری بود (*P*<۰/۰۵).

واژه‌های کلیدی

بهت زدگی
دمای بدن
گلبولهای سفید
نشانگرهای ریز ماهواره
QTL

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

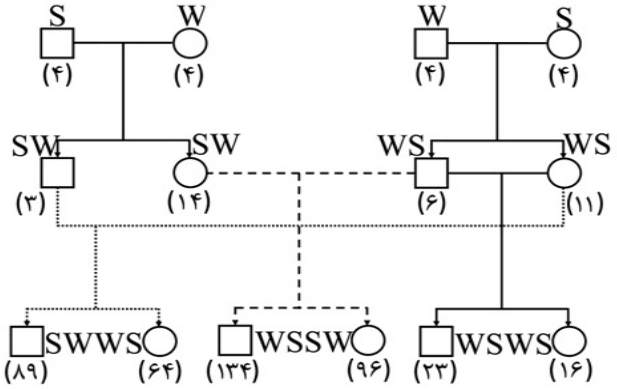
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

مقدمه

افزایش غیرطبیعی هتروفیل‌ها بیانگر تنش در طیور بوده Harmon (1998; Richard 1998) و نسبت هتروفیل به لنفوسیت به عنوان یک شاخص فیزیولوژیکی مناسب و قابل اعتماد برای ارزیابی میزان تنش در طیور (Gross and Siegel 1983) از جمله در مرغ (Campo and Davila 2002) محسوب می‌شود. علاوه بر این، بهت‌زدگی (TI[1]) یک پاسخ ناخودآگاه به محرک‌های بیرونی است و مدت زمان آن می‌تواند نشان‌دهنده میزان ترس حیوان باشد (Valance et al. 2008). این واکنش در تعدادی از گونه‌های مهره‌داران از جمله پرندگان (Gallup and Gordon 1979) رخ می‌دهد. بعضی از خصوصیات TI شامل بازدارندگی موقت از پاسخ مستقیم، کاهش صدادهی، به هم زدن متناوب چشم‌ها، لرزش ماهیچه‌ای زیاد شبیه پارکینسون و تغییر در ضربان قلب، تنفس و درجه حرارت بدن می‌باشد (Gallup 1977; Valance et al. 2008). این پدیده همراه با کاهش در هوشیاری نبوده و تکان دادن اتفاقی سر و پاها، بستن چشم و عدم صدادهی وضعیت کامل عدم تحرک را نشان می‌دهد. به علاوه (1981) and Jones Faure پیشنهاد کردند که TI در مرغان بالغ دو مرحله دارد: مرحله اول ممانعت رفتاری بوده که از زمان القا تا اولین حرکت سر طول می‌کشد. پرنده در طی مرحله دوم هوشیار می‌شود و ممکن است صدا داده و چندین بار قبل از برخواستن سرش را تکان دهد. در پژوهشی (2005) .Minvielle et al لاین بلدرچین انتخاب شده برای مدت زمان بالای TI و لاین انتخاب شده برای مدت زمان کوتاه TI را با هم تلاقی دادند و نسل اول را تولید کردند. سپس افراد نسل اول را با هم تلاقی دادند و افراد نسل دوم را ایجاد کردند. در نهایت تجزیه داده‌ها بیانگر QTL های معنی‌داری برای دمای رکتوم در سن ۵ هفتگی و TI روی کروموزوم شماره یک بود. در مطالعه‌ی دیگری که روی دو لاین بلدرچین با دوره ی TI کوتاه و دوره‌ی TI طولانی انجام گرفت نشان داده شد که TI و رفتار در فضای باز ممکن است تحت تاثیر نواحی ژنومی یکسان باشند (Beaumont et al. 2005). اگرچه شباهت زیادی بین ژنوم بلدرچین و سایر گونه‌های طیور وجود دارد، گزارشی از QTL مرتبط با انواع لنفوسیت‌ها، دمای بدن و روی کروموزوم شماره سه سایر گونه‌های طیور وجود ندارد و فقط نتایج QTL مرتبط با اجزا لاشه ارائه شده‌اند. برای مثال در تحقیق (2010) . Baron et al جایگاه موثر بر نسبت وزن سر به وزن لاشه را روی کروموزوم شماره سه در موقعیت ۱۱۲ سانتی مورگان و همچنین QTLهای مرتبط با نسبت وزن بال به کل وزن لاشه روی کروموزوم شماره سه مرغ گزارش شد. همچنین (2011) .Aslam et al QTLهای معنی‌داری را برای صفات وزن بدن، بازده سینه و کیفیت گوشت روی کروموزوم شماره سه بوقلمون گزارش کردند. در خصوص کروموزوم شماره سه بلدرچین نیز گزارشی از وجود QTL مرتبط با انواع گلبولهای سفید، دمای بدن و TI در دسترس نیست. لذا هدف از اجرای این تحقیق، مکان یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با درصد انواع گلبولهای سفید، دمای بدن و TI روی کروموزوم شماره سه در بلدرچین ژاپنی بود.

مواد و روش‌ها

طرح آزمایشی مورد استفاده در این پژوهش شامل یک طرح سه نسلی F2 بود. تعداد ۸ پرنده نر و ۸ پرنده ماده به عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و تلاقی دوطرفه بین آنها انجام شد (شکل ۱).



شکل ۱- شجره جمعیت مورد استفاده برای نقشه‌یابی QTL
S) سویه سفید W) سویه وحشی

کل جمعیت ایجاد شده جهت نقشه‌یابی شامل ۴۷۲ پرنده بود که نمونه خون مربوط به تمام ۴۷۲ پرنده (جهت استخراج DNA) جمع‌آوری شد. رکوردهای فنوتیپی مربوط به تعداد ۴۲۲ پرنده

[1] Tonic immobility

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

نسل F2 جمع‌آوری شده بود. معیار اندازه‌گیری میزان ترس، بهت زدگی یا مدت زمان عدم تحرک حیوان پس از تحریک دستی (TI) بود (Jones 1986). برای اندازه‌گیری TI، پرنده به پشت خوابانده و با دست به مدت ۱۵ ثانیه به همین حالت ثابت نگه‌داشته شد. پس از آن مدت زمان عدم تحرک حیوان تا زمانی- که به خودی خود بلند شود، با استفاده از یک کورنومتر ثبت شد. تعداد تحریکات لازم برای شروع عدم تحرک (N) یعنی تعداد دفعاتی که لازم بود پرنده به مدت ۱۵ ثانیه با دست نگه داشته شود نیز ثبت شد. اگر بعد از ۵ مرتبه تلاش، TI تحریک نمی‌شد، آزمایش روی آن پرنده خاتمه یافته و عدد صفر برای TI آن پرنده ثبت می‌شد. در صورتیکه TI بعد از ۱۵ دقیقه ادامه داشت، آزمایش روی پرنده خاتمه یافته و حداکثر مقدار TI (۹۰۰ ثانیه) برای آن ثبت می شد. در زمان اندازه‌گیری TI (سن ۳۵ روزگی)، علاوه بر وزن زنده، دمای بدن پرنده در ناحیه رکتوم با استفاده از دماسنج دیجیتال ثبت شد. برای شمارش گلبول‌های سفید خون، در هنگام کشتار در سن ۳۸ روزگی مقدار ۰/۵ میلی‌لیتر خون جمع‌آوری و به داخل لوله‌های حاوی EDTA (برای جلوگیری از انعقاد خون) منتقل شد. سپس اسلایدهای خونی تهیه و در معرض هوا خشک شدند. اسلایدها با رنگ گیمسا – رایت رنگ- آمیزی شدند. شمارش گلبول‌های سفید بر اساس راهنمای استاندارد برای طیور (Ritchie et al. 1994) انجام شد. DNA به روش استخراج نمکی _ کلروفورم از نمونه خون پرندگان استخراج شد. آغازگر مربوط به هر کدام از نشانگرهای ریزماهواره موجود بر روی کروموزوم شماره سه بلدرچین ژاپنی (Kayang et al. 2001) انتخاب و جهت سنتز به شرکت ژن فناوران سفارش داده شد (جدول۱).

واکنش زنجیره‌ای پلی مراز (PCR) شامل ۲/۲ میکرولیتر از DNA بلدرچین، ۱۶/۵ میکرولیتر آب ، ۰/۳ میکرولیتر آنزیم Tag پلی مراز، یک میکرولیتر از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت، ۰/۵ میکرولیتر از dNTP، ۲/۵ میکرولیتر از بافر PCR و یک میکرولیتر از $Mgcl_2$ بود. برنامه حرارتی مورد استفاده برای انجام واکنش PCR شامل ۹۴ درجه سانتی‌گراد جهت واسرشته‌سازی دو رشته DNA برای ۳۰ ثانیه، ۵۵ درجه سانتی‌گراد برای اتصال آغازگرهای GUJ0099 و GUJ0035، ۵۷ درجه سانتی‌گراد برای اتصال آغازگر GUJ0041 به مدت ۴۵ ثانیه، ۶۳ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه و ۳۰ ثانیه جهت سنتز نهایی و به تعداد ۳۵ سیکل بود. برای تفکیک محصولات PCR، از الکتروفورز به وسیله ژل پلی‌اکریل آمید (الکتروفورز عمودی) استفاده شد. به منظور آشکارسازی باندهای موجود بر روی ژل، از روش رنگ- آمیزی نیترات نقره استفاده شد.

مدل‌های آماری مورد استفاده

برای برآورد موقعیت و آثار مربوط به QTL، از مدل‌های آماری مختلفی استفاده شد.

$$Y_{ijk}=\mu+H_i+S_j+aP_{ak}+e_{ijk} \quad (۱)$$

$$Y_{ijk}=\mu+H_i+S_j+aP_{ak}+dP_{dk}+ e_{ijk} \quad (۲)$$

$$Y_{ijk}=\mu+H_i+S_j+aP_{ak}+dP_{dk}+iP_{ik}+e_{ijk} \quad (۳)$$

مدل شماره یک فقط در برگیرنده آثار افزایشی QTL بود، که در این مدل: Y_{ijk}، مشاهده مربوط به i امین هچ، j امین جنسیت و k امین پرنده، μ، میانگین جمعیت، H_i، اثر هچ که دارای ۵ سطح بود، S_j، اثر جنس پرنده که دارای دو سطح (نر و ماده) بود ، a، اثر افزایشی QTL، P_{ak}، احتمال شرطی دریافت آلل سویه وحشی توسط پرنده k است. مدل شماره دو در برگیرنده آثار افزایشی و غلبه QTL بود، که در این مدل: d، اثر غلبه ژنیQTL و P_{dk}، احتمال شرطی هتروزیگوت بودن پرنده k، بود. مدل شماره ۳ در برگیرنده آثار افزایشی، غلبه و اثر منشا والدی بود، که در این مدل: i، اثر منشا والدی آلل Q (ایمپرینتینگ[1])، و P_{ik}، احتمال شرطی اینکه هم پرنده k هتروزیگوت باشد و هم آلل سویه وحشی را از والد پدری دریافت نماید. علاوه بر ۳ مدل ذکر شده، اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL و اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL نیز در دو تجزیه دیگر مورد بررسی قرار گرفت.

روشی که برای تجزیه QTL از آن استفاده شد، روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون بود (Knott et al. 1996). بر اساس مدل‌های آماری مورد استفاده، یک QTL در هر یک سانتی‌مورگان در طول کروموزوم شماره سه برازش شد. نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود به عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن QTL نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح پنج درصد و یک

[1] Imprinting

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جدول۱- مشخصات جایگاه‌های ریزماهواره مطالعه شده

نام نشانگر	توالی آغازگر پیرو (′3-′5)	توالی آغازگر پیشرو (′3-′5)	دامنه اندازه اللی (جفت باز)
GUJ0099	TTTTAAGTTTCCCCAGGCAG	CTCTTATCCATCCTTCCTTC	246-284
GUJ0035	GGGCAATAAAAGAAAGACTG	AATACTGGTTTTGTGATGGC	144-150
GUJ0041	TGAAACATACCTGAGTGCTA	AAAATGTCTGCAAAATGGGC	114-126

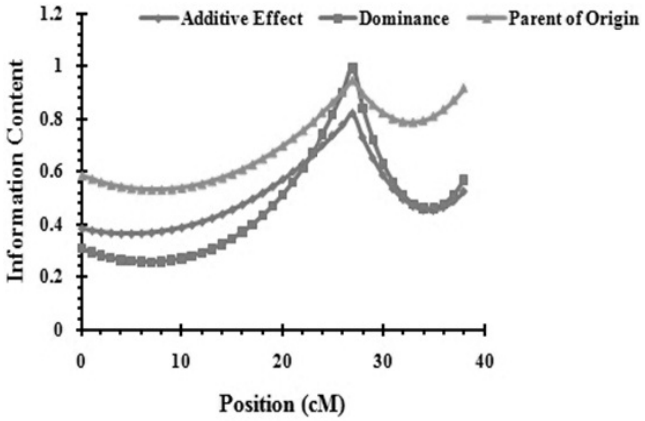
درصد بود که با استفاده از روش آزمون تبدیل (Churchill and Doerge 1994) محاسبه شد. مقادیر آماره F بدست آمده از تجزیه تعداد ده هزار سری داده برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم وجود QTL، رتبه‌بندی شدند. برای به دست آوردن خلاصه آماری و میانگین حداقل مربعات صفات از نرم افزار ASReml (Gilmour et al. 2006) و برای برازش مدل‌های آماری فوق، از نرم افزار GridQTL استفاده شد (Seaton et al. 2006).

نتایج و بحث

داده‌های تجزیه شده شامل TI، لگاریتم TI، تعداد دفعات تحریک پرنده، نسبت TI به تعداد دفعات تحریک پرنده، دمای رکتوم، شمار کل گلبول‌های سفید و لگاریتم طبیعی آن، درصد هتروفیل و لگاریتم طبیعی آن، درصد لنفوسیت ولگاریتم طبیعی آن، درصد منوسیت، درصد ائوزینوفیل و نسبت هتروفیل به لنفوسیت بود. آمار توصیفی صفات مورد بررسی شامل تعداد مشاهدات برای هر صفت، میانگین صفات، مقدار حداقل و حداکثر برای هر صفت، انحراف معیار باقی‌مانده و ضریب تغییرات در جدول ۲ آمده است. میانگین حداقل مربعات (LSM) و اشتباه معیار (S.E.) صفات مورد بررسی به تفکیک جنس و هچ در جدول ۳ آورده شده است.

اثر هچ روی صفات درصد مونوسیت و درصد ائوزینوفیل معنی‌دار نشد. اثر هچ روی صفات شمارش کل گلبول های سفید، درصد هتروفیل، درصد لنفوسیت، و نسبت هتروفیل به لنفوسیت بسیار معنی‌دار بود ($P < ۰/۰۰۱$). بین دو جنس نر و ماده برای صفات مورد مطالعه تفاوتی معنی‌داری مشاهده نشد (جدول ۳).

میزان اطلاعات[1] نشانگرها (IC) بر مبنای صفر تا یک (یا صفر تا ۱۰۰ درصد) نشان می‌دهد که یک نشانگر چه مقدار اطلاعات مفید را می‌تواند در هر مکان از کروموزوم یا ژنوم فراهم کند. میزان اطلاعات مفید در نقاط مختلف کروموزوم شماره سه بلدرچین در این تحقیق در جدول ۴ و همچنین شکل۲ خلاصه شده است. از آنجا که اغلب مقدار IC در نواحی کروموزومی بین موقعیت نشانگرها، کمتر از مقدار IC در جایگاه نشانگر است (Weller 2001)، بنابراین کاهش میزان IC در نواحی کروموزوی بین موقعیت نشانگرها (شکل۲) می‌تواند ناشی از فقدان نشانگرهای دارای اطلاعات مفید در یک یا چند خانواده باشد. در این حالت ژنوتیپ احتمالی نشانگر با توجه به ژنوتیپ نشانگرهایی که در فاصله دورتری قرار دارند، استنباط شده است. عواملی همچون تعداد افراد فاقد ژنوتیپ و عدم تساوی تفرق آلل‌های مختلف نشانگر می‌توانند بر IC تاثیر بگذارد (Esmailizadeh et al. 2008).



شکل۲- میزان اطلاعات نشانگرها (IC) در نقاط مختلف کروموزوم شماره ۳ بلدرچین ژاپنی برای آثار افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ.

[1] Information content

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جدول۲- آمار توصیفی صفات مورد بررسی

صفت*	میانگین تصحیح شده	حداقل	حداکثر	انحراف معیار باقیمانده	ضریب تغییرات
T	۷۵/۲۱	۹/۵۹	۵۳۸/۴۰	۵۹/۴۴	۷۹/۰۳
LogT	۱/۷۷	۰/۹۸	۲/۷۳	۰/۲۶	۱۴/۷۴
TN	۶۸/۹۱	۱/۹۲	۵۳۸/۴۰	۶۱/۴۰	۸۹/۱۰
N	۱/۳۵	۱/۰۰	۵/۰۰	۰/۶۴	۴۷/۵۲
Tm	۴۰/۲۹	۳۸/۰۰	۴۲/۲۰	۰/۶۵	۱/۶۱
WBC	۲۶۵۵۰	۲۰۰۰/۰۰	۱۸۰۰۰۰/۰۰	۲۶۹۰۳/۶۴	۱۰۱/۳۳
LnWBC	۹/۷۸	۷/۶۰	۱۲/۱۰	۰/۷۲	۷/۴۰
HET	۳۲/۷۴	۵/۰۰	۷۸/۰۰	۱۱/۲۰	۳۴/۲۰
LnHET	۳/۳۶	۱/۶۱	۴/۳۶	۰/۳۹	۱۱/۸۱
LYM	۶۷/۲۷	۲۲/۰۰	۹۵/۰۰	۱۱/۱۵	۱۶/۵۸
LnLYM	۴/۱۷	۳/۰۹	۴/۵۵	۰/۱۹	۳/۹۳
MON	۰/۰۲	۱/۰۰	۲/۰۰	۰/۱۷	۸۱۴/۲۸
EO	۰/۰۱	۱/۰۰	۵/۰۰	۰/۲۷	۱۴۵۵/۰۲
HL	۰/۵۸	۰/۰۵	۳/۵۵	۰/۳۹	۶۸/۷۹

* T) مدت زمان عدم تحرک ناشی از ترس (ثانیه)؛ LogT) لگاریتم T؛ TN) نسبت مدت زمان عدم تحرک ناشی از ترس به تعداد دفعات تحریک پرنده؛ N) تعداد دفعات تحریک پرنده؛ Tm) دمای رکتوم(درجه سانتی گراد)؛ WBC) شمار کل گلبول های سفید؛ LnWBC) لگاریتم طبیعی WBC؛ HET) درصد هتروفیل؛LnHET) لگاریتم طبیعی HET؛ LYM) درصد لنفوسیت؛ LnLYM) لگاریتم طبیعی LYM؛ MON) درصد منوسیت؛ EO) درصد ائوزینوفیل؛ HL) نسبت هتروفیل به لنفوسیت.

در مدل‌سازی اثر افزایشی QTL، اثر توام افزایشی و غلبه QTL و همچنین در مدل‌سازی توام اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL برای صفات مورد مطالعه، QTL معنی‌داری شناسایی نشد. در مدل‌سازی اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL برای صفت درصد مونوسیت درموقعیت ۳۴ سانتی‌مورگانی و برای درصد ائوزنوفیل در موقعیت ۵ سانتی‌مورگانی روی کروموزوم شماره سه QTL معنی‌دار شناسایی شد (جدول ۴). در مدل‌سازی اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL برای صفات، لگاریتم طبیعی درصد هتروفیل، لگاریتم طبیعی درصد لنفوسیت و نسبت هتروفیل به لنفوسیت درموقعیت ۳۸ سانتی‌مورگانی، QTL معنی‌داری شناسایی شد. همچنین در این مدل برای درصد ائوزینوفیل در موقعیت ۷ سانتی‌مورگانی روی کروموزوم شماره ۳، QTL معنی‌دار شناسایی شد (جدول۵). بیشترین تعداد QTL شناسایی شده موثر بر صفات مورد مطالعه در نزدیکی نشانگر GUJ0041 قرار داشت که باید در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر در بلدرچین ژاپنی مورد توجه قرار گیرد. بر اساس نتایج این تحقیق، فقط در مدل‌سازی اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL و مدل‌سازی اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL برای صفات پارامترهای خونی QTLهای معنی‌داری شناسایی شد که درصد واریانس و اثرQTL به واحد انحراف معیار مربوط به این صفات در جداول ۷ و ۸ آورده شده است. منظور از واریانس QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که بوسیله‌ی QTL توجیه می شود. واریانس QTL برآورد شده در پژوهش حاضر در محدوده‌ی ۰/۲ تا ۱/۱ درصد بود که در مقایسه با سایر پژوهش‌های نقشه‌یابی QTL انجام شده برای سایر صفات در بلدرچین (Esmailizadeh et al. 2012) این مقادیر بسیار کم به نظر می‌رسد. البته نوع طرح بکار رفته

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جدول۳- میانگین حداقل مربعات (LSM) و اشتباه معیار (S.E.) صفات مورد بررسی به تفکیک جنس و هچ

صفت+	T	TN	N	Tm	WBC
عوامل ثابت	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.
هچ	*	*	**	**	**
۱	۱۱۴/۵±۶/۸	۱۰۶/۶±۷/۰	۱/۱±۰/۰	۳۹/۹±۰/۰	۲۳۰۰۴/۴±۳۱۰۹/۰
۲	۶۱/۷±۷/۱	۵۳/۲±۷/۴	۱/۴±۰/۰	۳۹/۶±۰/۰	۷۴۸۹/۳±۳۲۴۰/۲
۳	۵۶/۳±۷/۰	۴/۳±۷/۲	۱/۷±۰/۰	۴۰/۴±۰/۰	۴۱۷۸۹/۰±۳۱۷۴/۲
۴	۸۴/۵±۵/۷	۸۱/۸±۵/۹	۱/۱±۰/۰	۴۰/۳±۰/۰	۲۴۴۳۹/۱±۲۵۷۷/۶
۵	۶۰/۴±۶/۱	۵۵/۴±۶/۳	۱/۳±۰/۰	۴۰/۸±۰/۰	۳۲۷۰۱/۰±۲۷۷۶/۰
جنس	NS	NS	NS	NS	NS
نر	۷۲/۰±۳/۸	۶۴/۷±۳/۹	۱/۴±۰/۰	۴۰/۱±۰/۰	۲۷۳۵۱/۵±۱۷۳۴/۵
صفت	HET	LYM	MON	EO	HL
عوامل ثابت	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.
هچ	***	***	NS	NS	***
۱	۴۵/۸۹±۱/۲۹	۵۴/۳۷±۱/۲۸	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۹۹±۰/۰۴
۲	۴۶/۹۱±۱/۳۵	۵۲/۹۰±۱/۳۴	۰/۱۰±۰/۰۲	۰/۰۷±۰/۰۳	۰/۹۵±۰/۰۴
۳	۳۴/۰۵±۱/۳۲	۶۵/۹۱±۱/۳۱	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۵۴±۰/۰۴
۴	۲۳/۳۸±۱/۰۷	۷۶/۵۸±۱/۰۶	۰/۰۰	۰/۰۱±۰/۰۲	۰/۳۳±۰/۰۳
۵	۲۱/۹۴±۱/۱۵	۷۸/۰۴±۱/۱۵	۰/۰۱±۰/۰۱	۰/۰۰	۰/۳۳±۰/۰۴
جنس	NS	NS	NS	NS	NS
نر	۳۴/۱۷±۰/۷۲	۶۵/۸۷±۰/۷۱	۰/۰۲±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۶۴±۰/۰۲
ماده	۳۴/۷۰±۰/۸۵	۶۵/۲۵±۰/۸۵	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۰±۰/۰۱	۰/۶۲±۰/۰۳

ns، *، ** و *** به ترتیب عدم اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال $P<$ ۰/۰۵، $P<$ ۰/۰۱ و $P<$ ۰/۰۰۱

+علائم اختصاری صفات در جدول ۱ تعریف شده‌اند.

جدول۴- میزان اطلاعات مفید (IC) (بر مبنای صفر تا ۱) در نقاط مختلف کروموزوم شماره سه بلدرچین ژاپنی برای آثار افزایشی، غلبه و ایمپیرینتینگ. بیشترین میزان اطلاعات مربوط به نشانگر GUJ0035 می‌باشد که در موقعیت ۲۷ سانتی مورگانی کروموزوم شماره ۳ بلدرچین ژاپنی قرار دارد.

نشانگر		GUJ0099	GUJ0035	GUJ0041
موقعیت (CM)		۰	۲۷	۳۸
اطلاعات افزایشی		۲۲/۰	۷۶/۰	۳۱/۰
اطلاعات غلبه		۱۲/۰	۹۹/۰	۱۳/۰
اطلاعات ایمپرینتینگ		۳۱/۰	۹۴/۰	۴۰/۰
افراد تعیین ژنوتیپ شده	P (%)	۱۶ (۱۰۰ درصد)	۱۶ (۱۰۰ درصد)	۱۶ (۱۰۰ درصد)
	F1 (%)	۳۴ (۱۰۰ درصد)	۳۴ (۱۰۰ درصد)	۳۴ (۱۰۰ درصد)
	F2 (%)	۴۱۹ (۱۰۰ درصد)	۴۱۹ (۱۰۰ درصد)	۴۱۹ (۱۰۰ درصد)
تعداد الل		۳	۳	۳

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جدول ۵- نتایج معنی دار حاصل از مدل‌سازی اثر متقابل QTL و هچ

صفت+	موقعیت (سانتی مورگان)	اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL					F	LOD
		هچ۱	هچ۲	هچ۳	هچ۴	هچ۵		
		a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.		
MON	۳۴	۰/۰۰۰۷±۰/۰۳۵	۰/۱۴۶±۰/۰۴	۰/۰۰۰۲±۰/۰۴۱	-۰/۰۲۷±۰/۰۳۷	۰/۰۰۲±۰/۰۴	۲/۶۸*	۲/۸۷
EO	۵	-۰/۰۰۳±۰/۰۶	۰/۲۸۵±۰/۰۶۸	۰/۰۳۵±۰/۰۷۲	۰/۰۳۰±۰/۰۶	۰/۰۰۳±۰/۰۶۶	۳/۶۱**	۳/۸۴

* و ** به ترتیب اثر معنی داری QTL در سطح (P <۰/۰۵) و (P <۰/۰۱)

+ علائم اختصاری صفات در جدول ۱ تعریف شده‌اند.

جدول ۶- نتایج معنی‌داری حاصل از مدل‌سازی اثر متقابل QTL وجنس

صفت+	موقعیت (سانتی‌مورگان)	اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL		F	LOD
		نر	ماده		
		a±S.E.	a±S.E.		
LnHET	۳۸	-۰/۱۳۶±۰/۰۴۸	۰/۰۶۸±۰/۰۶	۴/۶۳*	۱/۹۹
LnLYM	۳۸	۰/۰۶۷۳±۰/۰۲۳	-۰/۰۳۳۱±۰/۰۲۹	۴/۶۵*	۱/۹۹۹
EO	۷	۰/۱۰۳۸±۰/۰۳۶	۰/۰۰۱۱±۰/۰۴۶۹	۳/۹۴*	۱/۶۹۶
HL	۳۸	-۰/۱۳۵۹±۰/۰۴۸	۰/۰۵۴۵±۰/۰۶	۴/۳۲*	۱/۸۵۷

* و ** به ترتیب اثر معنی‌داری QTL در سطح (P <۰/۰۵) و (P <۰/۰۱)

+ علائم اختصاری صفات در جدول ۱ تعریف شده‌اند

جدول ۷- واریانس ناشی از QTL و اثر QTL به واحد انحراف معیار باقی مانده برای صفات معنی‌دار حاصل از تجزیه مدل‌سازی اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL

صفت+	موقعیت (cM)	درصد واریانس QTL	اثر QTL به واحد انحراف معیار					F
			هچ۱	هچ۲	هچ۳	هچ۴	هچ۵	
			a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	
MON	۳۴	۰/۳۳۹	۰/۰۰۴±۰/۲۰۴	۰/۸۵۳±۰/۲۳۳	۰/۰۰۱±۰/۲۳۹	-۰/۱۵۷±۰/۲۱۶	۰/۰۱۱±۰/۲۳۳	۲/۶۸*
EO	۵	۱/۰۵۷	-۰/۰۱۰±۰/۲۱۸	۱/۰۳±۰/۲۴۷	۰/۱۲۷±۰/۲۶۱	۰/۱۰۹±۰/۲۱۸	۰/۰۱۰±۰/۲۴	۳/۶۱**

+ علائم اختصاری صفات در جدول ۱ تعریف شده‌اند

در پژوهش‌های مختلف می‌تواند در برآورد اندازه اثر QTL تاثیرگذار باشد. به طور مثال با توجه به کمتر بودن قدرت آماری طرح ناتنی نسبت به طرح F2 احتمالا میزان واریانس QTL در طرح‌های ناتنی بیش از میزان واقعی برآورد شود. با توجه به واریانس پایین QTL یافت شده در این تحقیق، احتمالا QTLهای با اثر عمده روی سایر کروموزوم‌ها وجود دارند که این صفات را تحت‌تاثیر قرار می‌دهند. با توجه به جدول۷، اثر افزایشی QTL - های مربوط به صفات درصد مونوسیت ودرصد ائوزینوفیل با هچ دارای اثر متقابل معنی‌دار بود. با توجه به اینکه ایجاد تمام جمعیت F2 به طور یکباره و در طی یک هچ امکانپذیر نبود، برای تولید حداکثر میزان نتاج F2 به ازای هرکدام از والدین نر، در طی ۵ جوجه درآوری متوالی این تعداد افراد ایجاد شد. بنابراین اثر هچ به عنوان یک اثر ثابت تاثیر قابل توجهی در شناسایی جایگاه‌های موردنظر داشت. جداول ۷ و۸ نشان می‌دهند که بیشترین واریانس QTL ایجاد شده در بین صفات مربوط به درصد ائوزینوفیل می- باشد. ائوزنوفیل حدود پنج درصد از گلبول سفید خون را تشکیل می‌دهد و دارای هسته دو لوبه است. تعداد ائوزینوفیل‌ها در واکنش به بیماری‌ها در خون افزایش می‌یابد. مونوسیت‌ها بزرگترین سلول درجریان خون محسوب می‌شوند و در مراحل اولیه واکنش ایمنی در فاگوسیتوز شرکت دارند (Guyton and

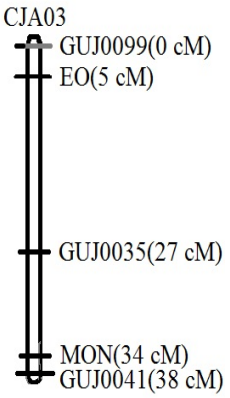
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جدول ۸- واریانس ناشی از QTL و اثرQTL به واحد انحراف معیار باقی‌مانده برای صفات معنی‌دار حاصل از تجزیه مدل‌سازی اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL

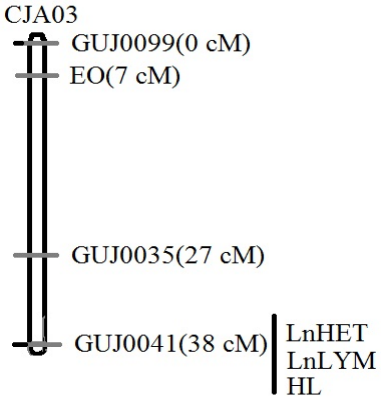
صفت+	موقعیت (سانتی مورگان)	درصد واریانس QTL	اثر QTL به واحد انحراف معیار		F
			نر a±S.E.	ماده a±S.E.	
HETER	۳۸	۰/۲۲	-۰/۳۴±۰/۱۲	۰/۱۹±۰/۱۵	۴/۸۱*
LnHETER	۳۸	۰/۳۱	-۰/۳۴±۰/۱۲	۰/۱۷±۰/۱۵	۴/۶۳*
LYM	۳۸	۰/۲۱	۰/۳۳±۰/۱۲	-۰/۱۹±۰/۱۵	۴/۷۰*
LnLYM	۳۸	۰/۲۶	۰/۳۴±۰/۱۱	-۰/۱۷±۰/۱۴	۴/۶۵*
EO	۷	۱/۰۵	۰/۳۷±۰/۱۳	۰/۰۰۴±۰/۱۷	۳/۹۴*
HL	۳۸	۰/۳۷	-۰/۳۴±۰/۱۲	۰/۱۳±۰/۱۵	۴/۳۲*

* و ** به ترتیب اثر معنی داری QTL در سطح (P <۰/۰۵) و (P <۰/۰۱)

+ علائم اختصاری صفات در جدول ۱ تعریف شده اند



شکل ۳- موقعیت QTL و نشانگر ها روی کروموزوم شماره ۳ در مدل‌سازی اثر متقابل QTL و هچ



شکل ۴- موقعیت QTL و نشانگر ها روی کروموزوم شماره ۳ در مدل‌سازی اثر متقابل QTL و جنس

Hall 2011). بنابراین یافتن جایگاه‌های کنترل کننده این سلول‌های خونی و در نهایت شناسایی شبکه ژنی کنترل کننده این سلول‌های خونی می‌تواند در کشف دارو و همچنین اصلاح ژنتیکی پرندگان با هدف تولید سویه‌های مقاوم به انواع عوامل تنش‌زا مفید باشد. با توجه به جدول ۸، QTL های شناسایی شده برای صفات درصد هتروفیل، درصد لنفوسیت، نسبت هتروفیل به لنفوسیت و درصد ائوزینوفیل با جنس دارای اثر متقابل معنی‌دار بود. در طی تحقیقی که Gross and Siegel (1983) انجام دادند، بیان داشتند که نسبت هتروفیل به لنفوسیت در نرها بیشتر از ماده‌ها است. همچنین مشخص شده که نسبت هتروفیل به لنفوسیت یک شاخص واقعی از تنش شدید می‌باشد. در تحقیق Maxwell et al. (1993) مشاهده شد هتروفیل‌ها ممکن است در پاسخ به تنش متوسط اما بازوفیل‌ها در شرایط تنش شدید به وجود می‌آیند. در مدل‌سازی اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL، موقعیت شناسایی شده برای صفت درصد ائوزینوفیل در موقعیت ۵ سانتی‌مورگانی و در مدل-سازی اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL، در موقعیت ۷ سانتی-مورگانی بود. بنابراین QTL موثر برای این صفت در ابتدای کروموزوم سه و نزدیک به نشانگر GUJ0099 قرار دارد. برای تمامی صفات درصد هتروفیل، درصد لنفوسیت، نسبت هتروفیل به لنفوسیت در مدل‌سازی اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL،

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

جایگاه معنی‌داری در موقعیت ۳۸ سانتی‌مورگانی شناسایی شد. از میان صفات مورد بررسی در این مطالعه برای صفات درصد ائوزینوفیل، درصد مونوسیت، درصد هتروفیل، لگاریتم طبیعی درصد هتروفیل، درصد لنفوسیت، نسبت هتروفیل به لنفوسیت در مدل‌سازی اثر متقابل هچ و جنس با اثر افزایشی QTL، جایگاه-هایی روی کروموزوم شماره سه بلدرچین شناسایی شد. استفاده از راهکارهای اصلاح نژادی به منظور توسعه و پرورش پرندگان مقاوم به مجموعه عوامل تنش‌زا، نیازمند تعیین معیار مناسب برای اندازه‌گیری صفت و انتخاب افراد جمعیت بر اساس این معیار می‌باشد. واکنش نسبت به ترس (TI) و نسبت هتروفیل به لنفوسیت (H/L)، به عنوان دو معیار مناسب از پاسخ پرنده به تنش هستند که در این پژوهش برای صفت نسبت هتروفیل به لنفوسیت QTL معنی‌داری در موقعیت ۳۸ سانتی‌مورگانی کروموزوم ۳ شناسایی شد. نسبت هتروفیل به لنفوسیت بیانگر تغییر فیزیولوژیکی در اندام‌هایی همچون غدد بورس فابریسیوس و تیموس است که متاثر از کورتیکوستروئیدها می‌باشد. بنابراین، نسبت هتروفیل به لنفوسیت معرف بهتری برای تغییرات فیزیولوژیکی دراز مدت است (Gross and Siegel 1983) که متاثر از فعالیت بورس فابریسیوس و تیموس می‌باشد. از طرف دیگر در برنامه‌های اصلاح ژنتیکی، اندازه‌گیری مقاومت به مجموعه عوامل تنش‌زا در دراز مدت اهمیت دارد، لذا نسبت هتروفیل به لنفوسیت معیار مناسب‌تری برای انتخاب ژنتیکی برای مقاومت به تنش به نظر می‌رسد. در طی تحقیقی که (2005) Minvielle et al. به منظور کاوش کل ژنوم بلدرچین انجام دادند، QTL مرتبط با TI را روی کروموزوم شماره‌ی یک شناسایی کردند ، اما در تحقیق حاضر برای این خصوصیت روی کروموزوم شماره سه QTL یافت نشد. پیشنهاد می‌شود به منظور شناسایی دقیق تر و تعداد بیشتر QTL دخیل در صفات مورد مطالعه در این تحقیق سایر کروموزوم‌ها نیز مورد بررسی قرار گیرند.

منابع

Aslam ML, BasTIaansen, JWM, Crooijmans RPMA, Vereijken A, Megens HJ, Groenen MAM (2011) Whole genome QTL mapping for growth, meat quality and breast meat yield traits in turkey. BioMed Central Genetics 12:61.

Baron EE, Moura AS, Ledur MC, Pinto LF, Boschiero C, Ruy DC, Nones K, Zanella EL, Rosario MF, Burt DW, CouTInho LL (2010) QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. Journal of Animal Genetics 42:117-124.

Beaumont C, Roussot O, Feve K, Vignoles F, Leroux S, Pitel F, Faure JM, Mills AD, Guemene D, Sellier N, Mignon-Grasteau S, Le Roy P, Vignal A (2005) A genome scan with AFLP markers to detect fearfulness-related QTLs in Japanese quail. Journal of Animal Genetics 36: 401-407.

Campo JL, Davila SG (2002) Estimation of heritability for heterophil:lymphocyte ratio in chickens by restricted maximum likelihood: Effects of age, sex, and crossing. Journal of Poultry Science 81:1448-1453.

Churchill GA, Doerge RW (1994) Empirical threshold values for quantitative trait mapping. Genetics 138: 963-971.

Esmailizadeh KA, Mohammad Abadi MR, Asadi Foozi M (2008) Mapping quantitative trait loci in livestock using simple linear regression. Iranian Journal of Animal Sciences 39: 83-93. (In Farsi)

Esmailizadeh AK, Baghizadeh A, Ahmadizadeh M (2012) Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. Animal Product Sciences 52: 64-68.

Gallup JG, Gordon G (1979) Tonic immobility as a measure of fear in domestic fowl. Animal Behavior 27:316-317.

Gallup JG (1977) Tonic immobility; The role of fear and predation. The psychological record 27: 41-61

Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Thompson R (2006) 'ASReml user guide release 2.0.' (VSN International Ltd: Hemel Hempstead, UK)

Gross WB, Siegel HS (1983) Evaluation of heterophil/lymphocyte ration as a measure of stress in chickens. Avian Diseases 27:972-977.

Guyton AC, Hall John E (2011) Textbook of Medical Physiology (12 th, ed) 516- 549.

Harmon BG (1998) Avian heterophils in inflammation and disease resistance. Poultry Science 77:972-977.

Jones R, Faure J (1981) The effects of regular handling on fear responses in the Domestic chlck. Behavioral processes 6: 135-143.

Jones RB (1986) The tonic immobility reaction of the domestic fowl: A review. World's Poultry Science Journal 42: 82-97.

Kayang BB, Murayama M, Hoshi T, Matsuo K, Takahashi H, Minezawa M, Mizutani M, Ito S (2001) Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. Genetics Selection Evolution 34: 233-253

Knott SA, Elsen JM, Haley CS (1996) Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half-sib populations. Theoretical and Applied Genetics 93: 71-80.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]

Maxwell MH (1993) Avian blood leucocyte responses to stress. World's Poultry Science 49:34-43.
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.
Richard JJ (1998) Physiological management and environmental triggers of the ascites syndrome. Poultry International 37:28-33.
Ritchie BW, Harrison JG, Harrison RL (1994) Avian medicine. Winger's Publishing Inc., Florida, pp.176-198.
Seaton G, Hernandez J, Grunchec JA, White I, Allen J, De Koning DJ, Wei W, Berry D, Haley C, Knott S (2006) Grid QTL: A grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets. in: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18. Belo Horizonte, Brazil.
Valance D, Després G, Richard S, Constantin P, Mignon-Grasteau S, Leman S, Boissy A, Faure JM, Leterrier C (2008) Changes in Heart rate variability during a tonic immobility test in quail. Physiology and Behavior 93: 512-520.
Weller JI (2001) Quantitative trait loci analysis in animals. CABI Publishing London 287.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.8.7]