ژنتیک نوین
دوره یازدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۵
صفحه ۱۱۹-۱۱۱

ارزیابی عملی مکان یابی جایگاه صفت کمی مرتبط با صفات لاشه روی کروموزوم ۲ در بلدرچین با استفاده از طرح ناتنی

Empirical evaluation to QTL mapping of carcass traits in quail using a half-sib design on chromosome 2

احسان نصیری‌فر*[۱]،علی اسمعیلی‌زاده کشکوئیه[۲] ، حسن مرادیان[۲] ، سعید سهرابی[۲]
۱- دانش‌آموخته دکتری دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران
۲- به‌ترتیب استاد، دانشجویان دکتری، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران

Nasirifar E*[1], Esmailizadeh A[2], Moradian H[2], Sohrabi S[2]

1-Graduated PhD Student, Islamic Azad University, Tehran, Iran
2-Professor, PhD Students, Shahid Bahonar University of Kerman, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:Ehsan.nasirifar@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۳/۶/۱۵- تاریخ پذیرش: ۹۴/۷/۱۹)

چکیده

برای شناسایی جایگاه‌های صفات کمی (QTL) موثر بر لاشه و اجزاء آن روی کروموزوم دو در بلدرچین ژاپنی از یک طرح ناتنی پدری استفاده شد. از آمیزش متقابل دو سویه سفید (تخمگذار) و وحشی (گوشتی) بلدرچین ژاپنی تعداد ۳۴ پرنده در نسل اول ایجاد شد و از آمیزش پرندگان نسل اول در قالب ۹ خانواده ناتنی پدری تعداد ۴۲۲ نتاج در طی پنج هچ متوالی تولید شد. رکوردگیری فنوتیپی از صفات مربوط به لاشه پرندگان انجام شد و تمامی پرندگان مربوط به ۹ خانواده ناتنی پدری برای ٤ نشانگر ریزماهواره موجود بر روی کروموزوم دو تعیین ژنوتیپ شدند. تجزیه QTL به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون به‌صورت طرح ناتنی پدری توام و انفرادی انجام شد. در طرح ناتنی پدری توام، صفات وزن پیش معده و درصد پیش معده نزدیک نشانگر GUJ0084 و در موقعیت ٤۹ سانتی‌مورگان و درصد پانکراس نزدیک نشانگر GUJ0093 و در موقعیت ٦۰ سانتی مورگان دارای QTL معنی‌دار بودند و در طرح ناتنی پدری انفرادی، علاوه بر سه QTL معنی‌دار ذکر شده در طرح توام، ۱۲ QTL معنی‌دار دیگر در موقعیت‌های مختلف و با اثر جایگزینی آللی یافت شد. درصد واریانس QTL در تجزیه انفرادی در محدوده ٦/٦۷ تا ۳۳/۸۷ و در تجزیه توام در محدوده ۲/۳۵ تا ٦/۱۰ قرار داشت. QTLهای شناسایی شده برای صفات لاشه در این تحقیق می‌توانند در بررسی ژن‌های کاندیدا و نیز انجام انتخاب به کمک نشانگر برای صفات لاشه در بلدرچین ژاپنی مفید باشند.

واژه‌های کلیدی

بلدرچین ژاپنی
جایگاه صفات کمی
صفات لاشه
طرح ناتنی پدری

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

مقدمه

توسعه نقشه‌های پیوستگی با تعداد زیادی از نشانگرهای مولکولی، نقشه‌یابی ژن‌های مرتبط با صفات کمی را میسر می‌سازد. بررسی QTL در گیاهان و حیوانات آزمایشگاهی به علت در دسترس بودن داده‌های تلاقی برگشتی و نسل F2، بیش‌ترین موفقیت را در پی دارد و استفاده از این داده‌ها می‌تواند در شناخت دقیق ژنوتیپ والدینی، فازهای پیوستگی جایگاه‌ها و تعداد آلل در QTL مورد نظر موثر باشد و از آنجاکه تمامی افراد ژنوتیپ والدینی یکسانی را به اشتراک می‌گذارند و داده‌ها نیز به عنوان یک خانواده بزرگ محسوب می‌شوند در نتیجه، اثر غلبه و جایگزینی QTL را می‌توان به‌طور مستقیم برآورد کرد. در شرایط عدم تعادل پیوستگی، فاز پیوستگی بین QTL و نشانگرها از یک خانواده به خانواده دیگر متفاوت خواهد بود و بنابراین، تجزیه و تحلیل پیوستگی نشانگر و QTL را درون یک خانواده امکان پذیر می‌سازد (Martinez et al. 1999). روش‌های نقشه‌یابی جایگاه صفات کمی (QTL) بر اساس تجزیه و تحلیل ارتباط بین آلل‌های نشانگر و فنوتیپ استوار است و در این خصوص طرح هیبریداسیون قدرت تشخیص را به حداکثر می‌رساند (Baro et al. 2001).

دو مدل کاربردی که به‌طور گسترده برای بررسی QTL استفاده می‌شوند، نقشه‌یابی درون فاصله‌ای حداقل مربعات تلاقی لاین و طرح ناتنی هستند. روش اول تلاقی نژادی سه نسلی است که برای شناسایی QTL بین نژادهای متفاوت به کار می‌رود. این مدل در حالتی که QTL برای آلل‌های متفاوت در نژاد والدینی تثبیت شده باشد، قدرتمندترین روش محسوب می‌شود و اگر فراوانی آللی در نژاد والدینی مشابه باشد قدرت تشخیص QTL کاهش می‌یابد. همچنین طرح ناتنی پدری زمانی که خانواده‌های پدری F1 به اندازه کافی موجود باشند می‌تواند برای جمعیت F2 به کار رود. بر خلاف تجزیه و تحلیل تلاقی لاین، تجزیه و تحلیل ناتنی می‌تواند برای نژادهای والدینی که فراوانی‌های آللی مشابه‌ای دارند نیز QTL شناسایی کند (Lee et al. 2007).

بررسی QTL و روش‌های نقشه‌یابی بر این فرض استوارند که QTL یک اثر ثابت یا تصادفی است. برای نقشه‌یابی درون فاصله‌ای در طرح تلاقی لاین‌ها و همچنین در طرح ناتنی از روش رگرسیونی استفاده می‌شود. روش‌های رگرسیونی بر اساس یک مدل خطی عمومی که QTL را به‌عنوان اثر ثابت تلقی می‌کنند طراحی شده‌اند. در این روش تجزیه و تحلیل گروه‌های پیوستگی فردی در سرتاسر چندین خانواده ناتنی و بر اساس طرح آشیانه‌ای درون خانواده‌ای انجام می‌گیرد (Kolbehdari et al. 2005).

درک چگونگی کنترل جایگاه صفات مهم اقتصادی می‌تواند به بهبود برنامه‌های اصلاح نژادی در خصوص صفاتی که پیشرفت آن‌ها از طریق انتخاب سنتی دشوار است کمک کند (Rao et al. 2007). از جمله این صفات می‌توان به صفات لاشه و اجزاء آن اشاره کرد که بر ارزش اقتصادی تاثیر گذارند. از آنجاکه نمی‌توان این صفات را به‌طور مستقیم بر روی حیوان زنده اندازه‌گیری کرد، افزایش درک واکنش‌های مولکولی برای شناسایی و توزیع واریانس ژن‌ها و استفاده از اطلاعات به دست آمده از آن‌ها می‌تواند در برنامه‌های اصلاح نژادی موثر باشد (Nasser et al. 2012). با توجه به این‌که اطلاعات چندانی در خصوص مطالعات مکان‌یابی QTL بر روی کروموزوم دو بلدرچین وجود ندارد و از آنجاکه دو گونه مرغ و بلدرچین در رده‌بندی جانوری متعلق به خانواده *Galliformes* با کاریوتیپ یکسان و ۳۹ جفت کروموزوم (۲n=۷۸) (۸ جفت کروموزوم متفاوت از لحاظ سیتوژنتیکی ۱-۸ (ماکروکروموزوم‌ها) به اضافه کروموزوم‌های جنسی Z و W و ۳۰ جفت میکروکروموزوم) (Rao et al. 2007) هستند و حدود ۳۵ میلیون سال پیش انشقاق یافته‌اند، بنابراین از اطلاعات به دست آمده در خصوص مرغ احتمالاً بتوان در مطالعه ژنومی روی بلدرچین استفاده کرد (Kayang et al. 2006).

مرغ به‌عنوان یک مدل حیوانی و یک حیوان اقتصادی که مطالعات نقشه‌یابی ژنومی گسترده‌ای بر روی آن انجام گرفته شناخته شده است. امروزه بیش از ۶۰۰ جایگاه صفات کمی با استفاده از اسکن ژنومی در مرغ شناسایی شده است (Rao et al. 2007). در یک تحقیق مناطق ژنومی تاثیرگذار بر اجزاء لاشه از قبیل وزن ماهیچه سینه، بال‌ها و ران‌ها در تلاقی‌های مختلفی بین و درون نژادهای گوناگون مرغ نقشه‌یابی شده‌اند (chicken QTLdb; http://www.animal genome. org/cgi/QTLdb/CG/index) (Nasser et al. 2012). در تحقیق دیگری مطالعات درون خانواده‌ای و تجزیه ناتنی در یک طرح دو نسلی برای درک تفرق آلل‌ها و

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

جدول۱- مشخصات کلی نشانگرهای ریزماهواره مورد مطالعه در این تحقیق

نشانگر	*موقعیت (cM)	توالی آغازگر		**دامنه اندازه آللی (bp)	***دما (°C)
		برگشت ('5-'3)	رفت ('5-'3)		
GUJ0073	۰	CAACTGCAAAGACAACATCC	GCTGCTATTCTGTTGATGTG	۱۶۰-۱۴۴	۵۲
GUJ0073	۱۳	CACCAACCACCTTCATCTTC	TTCAGGGTAGCAGTCATCTC	۲۱۱-۲۰۱	۵۴
GUJ0084	۴۴	TCCCGTCTCCCGATGTGTTT	ACTCCTCCTCTTTCTCCCTC	۱۶۵-۱۵۹	۵۵
GUJ0093	۶۰	AGCCATAGAGGGCTATTAAG	CTCTTGTATTGTAACTGGGC	۲۳۱-۲۱۳	۶۰

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

شناسایی QTL روی کروموزوم‌های ۱، ٤ و ۵ مرغ اجرا شده بود (Rowe et al. 2006). همچنین تکثیر ۳۱ نشانگر ریز ماهواره مرغ در ژنوم بلدرچین با ٦۵ درصد چند شکلی در آن‌ها گزارش شد (Inoue-Murayama et al. 2001). محققان دیگر نیز از بین ٤۸ نشانگر ریز ماهواره مرغ، تکثیر ۲۸ نشانگر را در بلدرچین گزارش کردند (Shibusawa et al. 2001). علاوه بر این در یک طرح تحقیقاتی دیگر ۵۰ نشانگر ریز ماهواره را برای تعیین پلی مورفیسم در بلدرچین ژاپنی آزمایش کردند. در تحقیقی دیگر یکصد نشانگر ریزماهواره در بلدرچین ارزیابی شد و نقشه پیوستگی از ژنوم بلدرچین با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره ایجاد شد (Kayang et al. 2004).

صفات لاشه از لحاظ اقتصادی دارای اهمیت فراوان هستند. علاوه بر این صفات، اجزاء لاشه نیز به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم بر صفات اقتصادی مهم در طیور تاثیر گذار می‌باشند. از آنجاکه برتری پرندگان گوشتی در افزایش رشد لاشه با کاهش رشد اجزاء داخلی‌شان در تضاد است، بنابراین انتخاب برای افزایش وزن بدن، بهبود متناسب افزایش وزن اندام‌های داخلی را در پی نداشته که احتمالاً منجر به افزایش اختلالات فیزیولوژیکی در میان نژادهای گوشتی امروزی شده است (Deeb and Lamont 2002). در نتیجه شناسایی جایگاه صفات لاشه و اجزاء داخلی آن و تعادل در جهت بهبود افزایش وزن و عملکرد آن‌ها می‌تواند اصلاح نژاد اصولی و مناسب حیوانات را در پی داشته باشد. هدف از این تحقیق، بررسی و موقعیت‌یابی جایگاه‌های اثر گذار بر روی صفات مهم تجاری مرتبط با لاشه و اجزاء آن با استفاده از طرح ناتنی پدری روی کروموزوم دو در بلدرچین ژاپنی است.

مواد و روش‌ها

جمعیت نقشه‌یابی و رکوردگیری فنوتیپی

از آمیزش متقابل دو سویه سفید (تخمگذار) و ابلق وحشی (گوشتی) بلدرچین ژاپنی تعداد ۳٤ پرنده نسل اول ایجاد شد. از آمیزش پرندگان نسل اول در قالب ۹ خانواده ناتنی پدری تعداد ٤۲۲ نتاج در طی پنج هچ متوالی تولید شد. برای رکوردگیری فنوتیپی از نتاج، پرندگان ۳۵ روزه که به بلوغ جنسی رسیده و وزن آن‌ها مناسب بود کشتار شدند. خصوصیات مربوط به صفات لاشه با ترازوی با دقت ۰/۰۱ گرم اندازه‌گیری شد.

استخراج DNA و تعیین ژنوتیپ

به‌منظور استخراج DNA و تعیین ژنوتیپ در هنگام کشتار از تمام پرندگان خون‌گیری شد. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل با استفاده از روش استخراج نمکی انجام گرفت (Miller et al. 1988). ژنوتیپ پرندگان نه خانواده ناتنی برای چهار نشانگر ریزماهواره روی کروموزوم شماره ۲ تعیین شد (جدول ۱). نشانگرهای ریزماهواره با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) تکثیر یافتند. واکنش PCR در حجم کلی ۲۵ میکرولیتر شامل ۲ میکرولیتر DNA، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR، یک میکرولیتر $MgCl_2$، ۰/۵ میکرولیتر dNTP، یک میکرولیتر آغازگر رفت (۰/۲۵ میکرومول)، یک میکرولیتر آغازگر برگشت (۰/۲۵ میکرو مول)، ۱٦/۵ میکرولیتر آب استریل و ۰/۳ میکرولیتر آنزیم تک پلیمراز (یک واحد) به ازای هر نمونه تحت شرایط زیر انجام شد: واسرشته سازی ابتدایی (۵ دقیقه با دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد) و سپس ۳۰ چرخه شامل مراحل واسرشته سازی (۳۰ ثانیه با دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد)، اتصال آغازگر به رشته الگو (۳۰ ثانیه با دمای بهینه هر آغازگر، بسط توسط پلیمراز (٤۵ ثانیه با

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد) و در نهایت مرحله بسط نهایی (۵ دقیقه با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد). برای تفکیک باندهای مربوطه و مشخص شدن آلل‌ها، محصولات واکنش PCR روی ژل پلی اکریل آمید هشت درصد بارگذاری شد. برای نمایان کردن باندها از روش رنگ‌آمیزی نیترات نقره استفاده شد.

تجزیه آماری داده‌های فنوتیپی و تجزیه QTL

به‌منظور تجزیه داده‌های فنوتیپی از مدل آماری (۱) استفاده شد. داده‌ها به وسیله نرم افزار ASRmel تجزیه شد.

$$Y_{lkm} = \mu + H_l + S_k + e_{lkm}$$ مدل ۱)

در مدل فوق، Y_{lkm} مشاهده مربوط به l امین هچ، k امین جنسیت و m امین پرنده، μ میانگین جمعیت، H_l اثر ثابت هچ l ام دارای ۵ سطح، S_k اثر جنس k/م دارای دو سطح (نر و ماده)، و e_{lkm} اثر تصادفی عوامل باقی‌مانده می‌باشد.

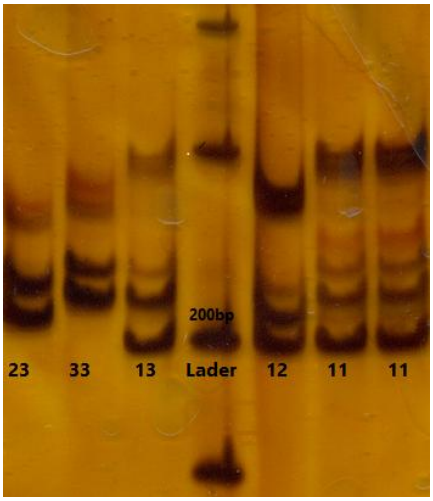
اثر QTL در دو مرحله و با استفاده از مدل (۲) برآورد شد. در مرحله اول هر خانواده به صورت انفرادی تجزیه شد و در مرحله دوم همه خانواده ها با هم مورد تجزیه قرار گرفتند.

$$Y_{ijklm} = \mu + a_i x_{ij} + S_k + H_i + e_{ijklm}$$ مدل۲)

در مدل فوق y_{ijklm} فنوتیپ مشاهده شده افراد m (m امین فرزندان نر i)، μ_i میانگین خانواده نر i، α اثر جایگزینی آللی QTL درون خانواده i و x_{ij} احتمال این‌که حیوان m اولین آلل را از نر i به ارث برده باشد (انتقال به صورت تصادفی)، که با توجه به موقعیت‌های نشانگر- QTL و ژنوتیپ‌های نشانگر مشاهده شده می‌باشد. S_k و H_l در مدل بالا به‌ترتیب اثر ثابت جنس (نر و ماده) و هچ (پنج سطح) می‌باشد و e_{ijklm} اثر تصادفی باقیمانده است. برای تجزیه QTL از روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون استفاده شد (Haley et al. 1994). بر اساس مدل‌های آماری فوق، یک QTL در فواصل یک سانتی‌مورگان در طول کروموزوم ۲ برازش شد. نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود به‌عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح پنج و یک درصد با استفاده از روش تبدیل (Churchill and Doerge 1994) محاسبه شد. مقادیر 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. تجزیه‌ها با استفاده از نرم‌افزار آنلاین GridQTL انجام شد.

نتایج و بحث

آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی پرندگان برای ۱۵ صفت مورد بحث در این مطالعه شامل تعداد رکوردها، میانگین‌ها، انحراف معیار باقی‌مانده، محدوده و درصد ضریب تغییرات در جدول ۲ آمده‌است. موقعیت‌های احتمالی، مقادیر آماره F، نسبت درستنمایی، درصد واریانس QTL، نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت مورد نظر و آثار آللی QTL بررسی شده با استفاده از تجزیه انفرادی و توام خانواده برای صفات لاشه و اندام‌های داخلی آورده شده است (جدول ۳ و ٤) (شکل ۱).



شکل ۱ – الگوی باندهای نشانگر ریزماهواره روی ژل پلی اکریل آمید. اعداد ۱۱ – ۳۳ نشان دهنده ژنوتیپ‌های هموزیگوت و اعداد ۱۲ – ۱۳ و ۲۳ نشان دهنده ژنوتیپ‌های هتروزیگوت

تجزیه اطلاعات انفرادی در خانواده‌ها QTL معنی‌داری را روی کروموزوم دو برای صفات وزن بورس، درصد بورس و وزن گردن (p<۰/۰۵)، (خانواده ۱)، وزن بال (p<۰/۰۱)، درصد بال (p<۰/۰۵)، (خانواده ۲)، وزن غده یوروپیجیال، درصد غده یوروپیجیال (p<۰/۰۵)، (خانواده ۳)، وزن سر، درصد سر، درصد پیش معده (p<۰/۰۵)، (خانواده ٤)، وزن بورس، درصد بورس و درصد پیش معده (p<۰/۰۵)، (خانواده ۵)، وزن چربی لاشه (p<۰/۰۵)، وزن پیش معده، درصد چربی لاشه، درصد پیش معده

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

جدول ۲ – خلاصه آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی نتاج

صفت	*تعداد	**میانگین	حداقل	حداکثر	انحراف معیار باقی مانده	درصد ضریب تغییرات
وزن بورس (گرم)	٤١٠	٠/١٠	٠/٠٣	٠/٣٣	٠/٠٤	٣٢/٧٠
وزن گردن (گرم)	٤٢٢	٤/٢٠	٢/١٢	٦/٩١	٠/٤٦	١١/١٠
وزن بال (گرم)	٤٢٢	٩/٨٠	٤/٦٩	١٣/٥٢	١/٠٩	١١/١٥
وزن سر (گرم)	٤٢٢	٥/٩٠	٤/٠٦	٧/٥٣	٠/٢٩	٥/٠٠
وزن پانکراس (گرم)	٤٢٢	٠/٥٠	٠/٠٥	٠/٩٤	٠/١٠	٢١/٣٣
وزن پیش معده (گرم)	٤٢١	٠/٦٠	٠/٠٥	٠/٩٢	٠/١٠	١٥/٥٤
وزن غده یوروپیجیال (گرم)	٤٠٠	٠/٣٠	٠/٠٣	٠/٦٥	٠/٠٧	٢٥/٩٧
وزن چربی لاشه (گرم)	٤٢٢	٠/٧٠	٠/٠٥	٥/٥٤	٠/٧٠	١٠٠/٠٠
درصد پیش معده	٤١٩	٠/٥٦	٠/٦٠	١/١٢	٠/٩٦	١٧٣/١٣
درصد بال	٤٢١	٩/٤٣	٥/٦٤	١٣/٠٦	١/٠٤	١١/٠٧
درصد سر	٤٢١	٥/٢٢	٣/٦٤	٨/٦٧	٠/٩٣	١٧/٩٧
درصد غده یوروپیجیال	٣٩٩	٠/٢٦	٠/٣٠	٠/٦٠	٠/٧٤	٢٨٥/٢٣
درصد چربی لاشه	٤٢١	٠/٦٤	٠/٦٠	٤/١٠	٠/٦٤	١٠٠/٠٤
درصد بورس	٤٠٩	٠/١١	٠/٣٠	٠/٣٧	٠/٣٨	٣٥٢/٠٨
درصد پانکراس	٤٢١	٠/٤٣	٠/٥٠	٠/٨٨	٠/٩٧	٢٢٥/٥٠

*تعداد مشاهدات برای هر صفت؛** میانگین تصحیح شده برای اثرات ثابت جنس و هچ.

(p<۰/۰۱)، (خانواده ۸)، وزن پانکراس، درصد سر و درصد پانکراس (p<۰/۰۵)، (خانواده ۹) نشان داد. صفات وزن و درصد غده یوروپیجیال، وزن و درصد بورس و همچنین وزن و درصد پیش معده دارای اثر جایگزینی آللی مثبت و در محدوده ۰/۰٤ تا ۰/۳۰ در واحد انحراف استاندارد باقی‌مانده، بقیه صفات اثر جایگزینی آللی منفی در محدوده ۲/۵۲– تا ۰/۰۵– در واحد انحراف استاندارد باقی‌مانده، قرار داشتند.

QTLهای بررسی شده برای بیشتر صفات در تجزیه انفرادی خانواده‌ها روی کروموزوم دو در خانواده‌های ۳، ۵ و ۹ و نزدیک نشانگر GUJ0093 و در موقعیت‌های ٦۰، ٥٦، ٥٤، ٥۳ و٥۲ سانتی‌مورگان قرار داشتند (جدول ٤ و شکل ۲). درصد واریانس QTLهای برآورد شده در پژوهش حاضر در تجزیه انفرادی در محدوده ٦/٦۷ تا ۳۳/۸۷ قرار داشتند. منظور از واریانس فنوتیپی ناشی از QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که به‌وسیله QTL ایجاد می‌شود. در هر موقعیت روی کروموزوم، نقشه‌یابی QTL با استفاده از مدل‌های مختلف تعیین می‌کند که آیا میزان واریانس معنی‌دار موجود در آن صفت کمی را می‌توان به یک QTL موجود در آن نقطه ربط داد یا خیر. نتایج نقشه‌یابی درون فاصله‌ای از تجزیه توام خانواده‌ها برای صفات نشان داده شده است (جدول ۳ و شکل ۳). صفات وزن پیش معده (p<۰/۰۵) و درصد پیش معده (p<۰/۰۱) با اثر منفی جایگزینی آللی نزدیک نشانگر GUJ0084 و هر دو در موقعیت ٤۹ سانتی‌مورگان و درصد پانکراس(p<۰/۰۵) با اثر مثبت جایگزینی آللی نزدیک نشانگر GUJ0093 و در موقعیت ٦۰ سانتی‌مورگان قرار داشتند. درصد واریانس QTL برآورد شده در تجزیه توام در محدوده ۲/۳۵ تا ٦/۱۰ قرار داشت (جدول ۳). در این مطالعه QTLهای بررسی شده برای بیشتر صفات در تجزیه انفرادی خانواده‌ها، روی کروموزوم دو در خانواده‌های ۳، ۵ و ۹ و نزدیک نشانگر GUJ0093 و در موقعیت‌های ٦۰، ٥٦، ٥٤، ٥۳ و ۵۰ سانتی‌مورگان قرار داشتند. خانواده ۸ دارای بیش‌ترین صفات معنی‌دار در بین خانواده‌ها بود (جدول ٤ و شکل ۲). نزدیک‌ترین نشانگر برای صفات وزن پیش معده و درصد پیش معده برای هر دو تجزیه توام و انفرادی نشانگر GUJ0084 بود. همچنین بیش‌ترین صفات معنی‌دار در تجزیه‌های انفرادی در نزدیکی نشانگرهای GUJ0093 و GUJ0084 قرار داشتند و علاوه بر این

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

جدول ۳ – نتایج تجزیه توام خانواده‌ها

صفت	*موقعیت (cM)	اثر QTL	آماره F	نسبت درستنمایی	درصد واریانس QTL	نشانگر مجاور
وزن پیش معده	۴۹	-۰/۱۳(۰/۰۴)	۲/۸۵*	۲۵/۰۹	۳/۷۰	GUJ0084
درصد پیش معده	۴۹	-۰/۱۴(۰/۰۴)	۳/۹۳**	۳۴/۱۳	۶/۱۰	GUJ0084
درصد پانکراس	۶۰	۰/۱۸(۰/۰۸)	۲/۲۵*	۱۹/۹۶	۲/۳۵	GUJ0093

* و ** به‌ترتیب تفاوت معنی‌داری در سطوح پنج و یک درصد؛ موقعیت (CM) بیانگر موقعیت نشانگرها روی کروموزوم ۲ بلدرچین ژاپنی بر اساس نقشه پیوستگی

جدول ٤ – نتایج تجزیه انفرادی خانواده ها

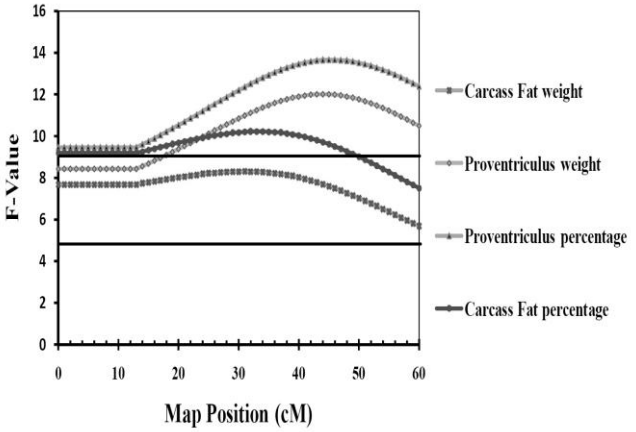
صفت	خانواده	*موقعیت (cM)	اثر QTL	آماره F	نسبت درستنمایی	درصد واریانس QTL	نشانگر مجاور
وزن بورس	۱	۲۱	۰/۰٤(۰/۰۱)	۸/٤۹*	۷/۹۵	٦/٦۷	GUJ0069
وزن گردن	۱	۰	-۰/۳۰(۰/۱۱)	۷/۲۲*	٦/۸۲	۸/۱۰	GUJ0073
درصد بورس	۱	۲۰	۰/۰٤(۰/۰۱)	۸/۷۹*	۸/۲۳	۱۳/۳۳	GUJ0069
وزن بال	۲	۲	-۱/۳٦(۰/٤٤)	۹/٦٦**	۸/٦۳	۱٦/۱٤	GUJ0073
درصد بال	۲	۸	-۱/۳۷(۰/۵۰)	۷/۵٦*	٦/۹۱	۱۲/٤۹	GUJ0069
وزن غده یوروپیجیال	۳	۵۳	۰/۰٦(۰/۰۲)	۷/۰۹*	٦/۵۸	۱۲/۵۰	GUJ0093
درصد غده یوروپیجیال	۳	۵۲	۰/۰٦(۰/۰۲)	۸/٦۹*	۷/۹۷	۱۲/۹۰	GUJ0084-93
وزن سر	٤	۱۸	-۰/۲۲(۰/۰۸)	۷/۹۰*	٦/۸٤	۱۹/۲٦	GUJ0069
درصد سر	٤	۱۰	-۰/٤٦(۰/۱٦)	۸/٤٦*	۷/۳۰	۱۹/۹۲	GUJ0069
درصد پیش معده	٤	۳	-۰/۱٤(۰/۰۵)	٦/٦۵*	۵/۸٦	۱٦/٦۷	GUJ0073
وزن بورس	۵	٦۰	-۰/۰۵(۰/۰۲)	۸/۷۵*	۷/٤٤	۲۱/٤۳	GUJ0093
درصد پیش معده	۵	٤٤	-۰/۱۳(۰/۰۵)	۵/۸۳*	۵/۲۲	۱۳/۹۰	GUJ0084
درصد بورس	۵	٦۰	-۰/۰۵(۰/۰۲)	۷/٦۰*	٦/٦۱	۱۷/٦٤	GUJ0093
وزن چربی لاشه	۸	۳۱	-۲/۵۰(۰/۸۷)	۸/۳۱*	٦/۹۹	۲۲/٦۳	GUJ0084
وزن پیش معده	۸	٤٤	۰/۳۰(۰/۰۹)	۱۲/۰۱**	۹/۵٤	۳۰/۰۰	GUJ0084
درصد پیش معده	۸	٤۵	۰/۲۸(۰/۰۷)	۱۳/٦٦**	۱۰/٦۸	۳۳/۸۷	GUJ0084
درصد چربی لاشه	۸	۳۳	-۲/۵۲(۰/۷۹)	۱۰/۲۲**	۸/٤۰	۲٦/۱۹	GUJ0084
وزن پانکراس	۹	۵٤	-۰/۰۹(۰/۰٤)	٦/٤۸*	٦/۰۱	۹/۵۲	GUJ0093
درصد پانکراس	۹	۵٦	-۰/۰۷(۰/۰۳)	۷/۱٤*	٦/٦۰	۱۰/۷۱	GUJ0093
درصد سر	۹	۵۳	-۰/۳۹(۰/۱۵)	٦/۳۹*	۵/۹٤	۹/۷۳	GUJ0093

* و ** به‌ترتیب تفاوت معنی‌داری در سطوح پنج و یک درصد؛ موقعیت (CM) بیانگر موقعیت نشانگرها روی کروموزوم ۲ بلدرچین ژاپنی بر اساس نقشه پیوستگی .

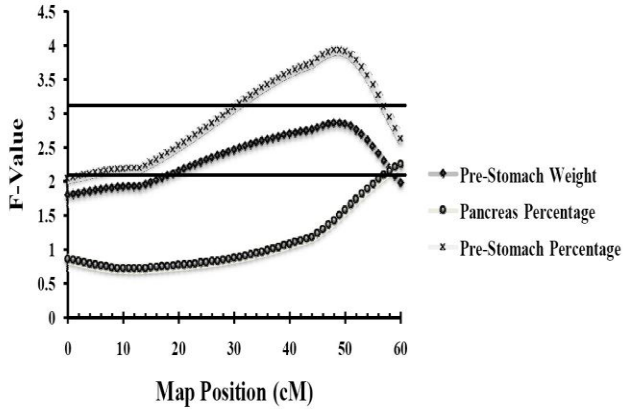
صفات وزن بورس، درصد بورس، درصد پیش معده و درصد سر هر کدام در دو یا سه خانواده معنی‌دار شدند که دلایل آن تعداد بیشتر هتروزیگوت‌های نر، تعداد بیشتر فرزندان در این خانواده‌ها و تعداد آلل‌ها می‌باشد. کم‌ترین تعداد صفات متعلق به نشانگر GUJ0073 بود که کم‌ترین تعداد هتروزیگوت نر را داشت. نشانگر GUJ0093 بیش‌ترین تعداد آلل و بیش‌ترین تعداد نر هتروزیگوت را داشت. با توجه به این‌که در این مطالعه از یک طرح ناتنی پدری برای نقشه‌یابی QTL استفاده شد. بنابراین اندازه

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

اثر QTL برآورد شده در این طرح عبارت است از اثر جایگزینی یک آلل یعنی تفاوت بین نتاج دریافت کننده آلل‌های Q و q پدری و فرض بر این است که اثر سایر ژن‌ها به‌طور متوسط در بین دو گروه یکسان است.



شکل ۲- پروفیل آماره F حاصل از تجزیه انفرادی یکی از خانواده‌ها (خانواده ۸). خط‌های افقی آستانه‌های معنی‌داری در سطح ۱ و ۵ درصد را نشان می‌دهد.



شکل ۳- پروفیل آماره F حاصل از تجزیه توام خانواده‌ها. خط‌های افقی آستانه‌های معنی‌داری در سطح ۱ و ۵ درصد را نشان می‌دهد.

باید توجه داشت که در این‌جا اثر جایگزینی آللی می‌تواند اثر غلبه را نیز شامل شود چون اثر افزایشی QTL بصورت متوسط از تفاوت دو ژنوتیپ هموزیگوت QTL (qq و QQ) برآورد می‌شود. صفات لاشه از لحاظ اقتصادی دارای اهمیت فراوان هستند و در این تحقیق برای این صفات QTL یافت شده است. علاوه بر این صفات، برای اجزاء لاشه (وزن پانکراس، وزن پیش معده، درصد پیش معده و...) نیز در هر دو مدل تجزیه توام و انفرادی خانواده‌ها QTL معنی‌دار یافت شد که هر یک از این اجزاء می‌توانند به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم بر صفات اقتصادی مهم در طیور تاثیر‌گذار باشند. صفات اجزاء لاشه مجموعه زیادی از صفات تاثیر‌گذار هستند که؛ اشتها، مصرف خوراک، تخصیص مواد مغذی، ترکیب بدنی، نرخ متابولیکی، فعالیت فیزیکی و فعالیت تولید مثلی و ... را تحت تاثیر قرار می‌دهند. نتیجه انتخاب شدید برای بهبود سریع رشد و تغییر ژنتیکی وزن بدن، کاهش نسبی وزن اندام‌های داخلی را در پی دارد که تمام مکانیسم‌های فیزیولوژیکی مورد نیاز برای حمایت از افزایش وزن بدن را کنترل می‌کنند. این انحراف از تعادل بیولوژیکی، ممکن است منجر به افزایش قابل توجهی در اختلالات فیزیولوژیکی، مانند آسیت، سندرم مرگ ناگهانی، کاهش رشد مرتبط با گرما، مشکلات پا و همچنین کاهش در تمام فعالیت‌های ایمنی شود. برتری پرندگان گوشتی در افزایش رشد و ماهیچه‌ای شدن لاشه با کاهش رشد اجزاء داخلی‌شان در تضاد است. به‌عنوان درصدی از حجم بدن، جوجه‌های گوشتی کم‌ترین وزن اندام‌های داخلی را دارند، که نشان می‌دهد انتخاب برای افزایش وزن بدن، بهبود متناسب افزایش وزن اندام‌های داخلی را در پی نداشته که احتمالا منجر به افزایش اختلالات فیزیولوژیکی در میان نژادهای گوشتی امروزی شده است (Deeb and Lamont 2002). بنابراین شناسایی جایگاه صفات لاشه و اجزاء داخلی آن و تعادل در جهت بهبود افزایش وزن و عملکرد آن‌ها می‌تواند اصلاح نژاد اصولی و مناسب حیوانات را در پی داشته باشد. در بین این اجزاء به‌عنوان مثال پانکراس یک اندام غده‌ای حیاتی در دستگاه گوارش است. ترشح قسمت برون ریز پانکراس شامل بسیاری از آنزیم‌ها ضروری و بسیاری از الکترولیت‌ها است. بخش درون ریز آن مسئول کنترل غلظت قند خون است که جزایر لانگرهانس نامیده می شود (Mobini 2011). در نبود ترشحات آنزیمی پانکراس، هضم و جذب دچار مشکل می‌شود. همچنین عملکرد غده یوروپیجیال ارتباط نزدیکی با خواص هیدروفوبیکی دارد که می‌تواند نقش مهمی در حفاظت پرندگان در برابر محیط و علی‌الخصوص در حفاظت از پر و بال پرندگان در برابر آب داشته باشد. نقش دیگر آن درخشندگی بال و پر برای جلب کردن جفت جهت جفت‌گیری است و گزارش شده است که حتی در تولید فرمون در جنس ماده نیز نقش دارد (Salibian and Montalti 2009).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

از آنجاکه بلدرچین ژاپنی از لحاظ فیلوژنی به گونه مرغ بسیار نزدیک است و همولوژی بسیار زیادی بین ژنوم دو گونه وجود دارد بنابراین با مقایسه موقعیت QTLهای شناسایی شده روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی با موقعیت QTLهای گزارش شده برای صفات مشابه در مرغ، می‌توان این بخش از ژنوم را از لحاظ ساختاری بررسی کرد (Kayang et al. 2006).

در تلاقی جوجه‌های گوشتی و تخم‌گذار، QTLهای معنی‌داری برای درصد و اجزاء لاشه یافت شد. برای صفات درصد لاشه در موقعیت ۱٦۸ سانتی‌مورگان بر روی کروموزوم دو، QTL معنی‌دار با اثر جایگزینی آللی مثبت یافت شد. در یک جمعیت F2 از تلاقی لاین گوشتی و تخم‌گذار برای درصد سر در یک طرح ناتنی و در موقعیت ۱۲٤ سانتی‌مورگان با اثر جایگزینی آللی مثبت و همچنین در موقعیت‌های ۱۷۲- ۲۲٦ و ۲۸۲- ۳۰۲ سانتی‌مورگان در یک طرح F2 روی کروموزوم دو QTL معنی‌دار یافت شد (Baron et al. 2011). در مطالعه دیگر که بر روی لاین‌های پلیموت راک سفید در یک طرح تلاقی لاین اجرا شده بود، وزن بورس فابرسیوس روی کروموزوم ۱۷ و ۲٦ به‌ترتیب در موقعیت‌های ۳۲ و ۱۷ سانتی‌مورگان دارای QTL معنی‌دار بود (Park et al. 2006). در تحقیق دیگر که بر روی جمعیت F2 از تلاقی دو جانبه بین کورنیش گوشتی و سیلکی انجام شده بود برای وزن بال روی کروموزوم دو در موقعیت‌های ۷/۸۳ و ۷/٦۰ و درصد بال در موقعیت‌های ۷/۷۳، ۷/۸۳، ۸/۰۷ و ۸/۰٦ سانتی‌مورگان QTL گزارش شده بود (Lu et al. 2012).

در این پژوهش برای وزن بال در موقعیت دو و درصد بال در موقعیت‌های ۸ و ۳۳ سانتی‌مورگان QTL شناسایی شد که با یافته‌های Lu et al. (2012) در مرغ منطبق و یا نزدیک آن است. این اولین گزارش از شناسایی QTL برای صفت وزن بورس فابریسیوس بر روی کروموزوم دو است. جایگاه صفات کمی شناسایی شده برای وزن سر و درصد آن (محدوده ۱۰ تا ۵۳ سانتی‌مورگان) در این تحقیق با نتایج محققان دیگر بر روی مرغ متفاوت بود. صفات وزن و درصد غده یوروپیجیال، پانکراس و پیش معده و وزن گردن برای اولین بار در این تحقیق و بر روی کروموزوم ۲ شناسایی شده بودند.

نتیجه‌گیری کلی

در این تحقیق تعدادی از نواحی ژنومی مرتبط با صفات لاشه و اجزاء آن روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی شناسایی شد. نتایج این پژوهش اثر جایگزینی یک آلل یعنی تفاوت بین نتاج دریافت کننده آلل‌های Q و q پدری را در چندین صفت لاشه و اجزاء آن که در اصلاح نژاد بلدرچین اهمیت دارند نشان می‌دهد. QTLهای شناسایی شده برای صفات لاشه و اجزاء آن در این تحقیق می‌توانند در بررسی ژن‌های کاندیدا و نیز انجام انتخاب به کمک نشانگر برای صفات لاشه در بلدرچین ژاپنی مفید باشند. عواملی که می‌تواند بر معنی‌داری QTL در طرح ناتنی پدری تاثیرگذار باشند عبارت از؛ تعداد بیشتر هتروزیگوت‌های نر، تعداد بیشتر فرزندان در خانواده‌ها و تعداد آلل‌ها می‌باشند.

منابع

Baro JA, Carleos C, Corral N, Lopez T and Canon J (2001) Power analysis of QTL detection in half-sib families using selective DNA pooling . Genetics Selection Evolution 33: 231-247.

Baron EE, Moura AS, Ledur MC, Pinto LF, Boschiero C, Ruy DC, Nones K, Zanella EL, Rosa rio MF, Burt DW, Coutinho LL (2011) QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. Animal Genetics 42: 117-24.

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

Deeb N, Lamont SJ (2002) genetic architecture of growth and body composition in unique chicken populations. The American Genetic Association 93:107-118.

Haley CS, Knott SA, Elsen JM (1994) Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. Genetics 136: 1195-1207.

Inoue-Murayama M, Kayang BB, Kimura K, Ide H, Nomura A, Takahashi H, Nagamine Y, Takeda T, Hanada H, Tatsuda K, Tsudzuki M, Matsuda Y, Mizutani M, Murayama Y, Ito S (2001) Chicken microsatellite primers are not efficient markers for Japanese quail. Animal Genetics 32: 7- 11.

Kayang BB, Fillon V, Inoue-Murayama M, Miwa M, Leroux S, Fève K, Monvoisin JL, Pitel F, Vignoles M, Mouilhayrat C, Beaumont C, Ito S, Minvielle F and Vignal A (2006) Integrated maps in quail (*Coturnix japonica*) confirm the high degree of synteny conservation with chicken (*Gallus gallus*) despite 35 million years of divergence. BMC Genomics 7: 101.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]

Kayang BB, Vignal A, Inoue-Murayama M, Miwa M, Monvoisin JL, Ito S, Minvielle F (2004) A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. Animal Genetics 35:195-200.

Kolbehdari D, Jansen G B, Lawrence, Schaeffer LR, Allen BO (2005) Power of QTL detection by either fixed or random models in half-sib designs. Genetics Selection Evolution 37: 601-614.

Lee YM, Kim EH, Kim JJ (2007) Evaluation of reciprocal cross design on detection and characterization of Mendelian QTL in F2 outbred populations. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 20:1625-1630.

Lu Y, Chen SR, Liu WB, Hou ZC, Xu GY, Yang N (2012) Polymorphisms in Wnt signaling pathway genes are significantly associated with chicken carcass traits. Poultry Science 1299-307.

Martinez ML, Vukasinovic N, Freeman GAE (1999) Random model approach in QTL mapping in half-sib families. Genetics Selection Evolution 31: 319-340.

Miller SA, Dykes DD, Polesky HF (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research 16: 1215.

Mobini B (2011) histological studies on pancreas of goose (Anser albifrons). Veterinary Research Forum 25-29.

Nassar MK, Goraga ZS, Brockmann GA (2012) Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: II. Muscle weight and carcass composition. Animal Genetics 1365-2052.

Park HB, Jacobsson L, Wahlberg P, Siegel PB, Andersson L (2006) QTL analysis of body composition and metabolic traits in an intercross between chicken lines divergently selected for growth. Physiological Genomics 25: 216-23.

Rao Y, Shen XU, Xia MX, Luo C, Nie Q, Zhang D, Zhang X (2007) SNP mapping of QTL affecting growth and fatness on chicken GGA1. Genetics Selection Evolution 39: 569-582.

Rowe SJ, Windsor D, Haley CS, Burt DW, Hocking PM, Griffin H, Vincent J, De Koning DJ (2006) QTL analysis of body weight and conformation score in commercial broiler chickens using variance component and half-sib analyses. Animal Genetics 37: 269-272.

Salibian A, Montalti D (2009) Physiological and biochemical aspects of the avian uropygial gland. Brazilian Journal of Biology 69: 437-446.

Shibusawa M, Minai S, Nishida-Umehara C, Suzuki T, Mano T, amada K, Namikawa T, Matsuda Y (2001) A comparative cytogenetic study of chromosome homology between chicken and Japanese quail. Cytogenetics and Cell Genetics 95: 103-109.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.1.12.5]