ژنتیک نوین
دوره یازدهم، شماره ٤، زمستان ١٣٩٥
صفحه ٥٧٨ - ٥٦٩

تجزیه QTLهای مرتبط با صفات اسکلت روی کروموزوم شماره پنج بلدرچین ژاپنی

Analysis of QTLs associated with skeletal traits on chromosome 5 in Japanese quail

مرجان احمدی[1]، علی اسمعیلی‌زاده کشکوئیه[1]، احسان نصیری‌فر[2]، محبوبه ایرانمنش*[1]

١- به‌ترتیب دانش آموخته کارشناسی ارشد، استاد، دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
٢- دانشجوی دکتری دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران، گروه علوم دامی، تهران، ایران

Ahmadi M[1], Esmailizadeh A[1], Nasirifar E[2], Iranmanesh M*[1]

1- Former MSc Student, Professor, Former MSc Student, Department of Animal Science, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
2- PhD Student, Department of Animal Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

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

(تاریخ دریافت: ٩٤/٨/٢٦ - تاریخ پذیرش: ٩٥/١٠/٢٦)

چکیده

هدف از این پژوهش بررسی کروموزوم شماره پنج بلدرچین ژاپنی برای یافتن QTL مرتبط با صفات استخوان در یک جمعیت F_2 بود. جمعیت مورد مطالعه شامل ٤٧٢ پرنده بود که صفات فنوتیپی آن‌ها اندازه‌گیری و با استفاده از سه نشانگر ریزماهواره برای یافتن QTL بررسی شدند. روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای به کمک نه مدل برای تجزیه QTL به‌کار برده شد. داده‌های مربوط به تعیین ژنوتیپ و رکورد برداری فنوتیپی با روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون مورد تجزیه و تحلیل QTL قرار گرفتند. سطوح معنی‌داری در سطح یک و پنج درصد بود. نتایج حاصل QTL معنی دار برای نه صفت (قطر پای چپ، وزن استخوان ران، طول پای راست، قطر پای راست، قطر استخوان ران، وزن پای راست، وزن درشت نی و وزن پای چپ، وزن لاشه سرد) را شناسایی کرد. نزدیک‌ترین نشانگر برای بیش‌تر این QTLها، GUJ0049 بود. نتایج این پژوهش نقش توارث غیر مندلی (ایمپرینتینگ ژنومی) و آثار پلیوتروپی و تک‌ژنی را در چندین صفت استخوان که در اصلاح نژاد بلدرچین اهمیت دارند نشان می‌دهد.

واژه‌های کلیدی

صفات استخوان
نشانگر ریز ماهواره
نقشه یابی QTL

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

مقدمه

پرورش ماکیان در ایران و انتشار آن از طریق این کشور تاریخچه‌ای بسیار کهن دارد. ایران (پرشیا) یک امپراطوری بزرگ از قرن پنج قبل از میلاد تا تقریبا قرن هفت میلادی بود و از هند (دهلی) تا دریاهای سیاه و مدیترانه گسترده بود. در آن زمان و بعد از آن، در قرون وسطی ایران در محل تقاطع راه‌ها برای حمل و نقل محصولات، از قبیل ماکیان از شرق به غرب، هم از طریق خشکی و هم از طریق دریا قرار داشت. جنگ‌های زیادی در حوالی ایران و کشورهای همسایه در طی این دوره‌ها نیز توسعه و گسترش جمعیت‌های ماکیان را تسهیل کرد. حفاری‌های باستان شناسی حضور ماکیان را در ایران در زمان‌های باستان تأیید کرده است (Mohammadabadi et al. 2010). بر اساس تحقیقات West and Zhou استخوان‌های یافت شده در ایران در سه منطقه وجود داشته‌اند: دو کشف در تپه یحیی (Tepe Yahya) (جنوب شرقی ایران) به‌ترتیب متعلق به ۳۸۰۰ تا ۳۹۰۰ قبل از میلاد و ۱۰۰۰ قبل از میلاد و دیگری در تخت سلیمان (شمال غربی ایران) متعلق به ۱۰۰۰ قبل از میلاد (Mohammadabadi et al. 2010). از طرفی در طول دهه گذشته مطالعات متعددی برای درک بیش‌تر مکانیسم ژنتیکی صفات پیچیده انجام شده و صفات زیادی از بیماری انسان تا صفات تولیدی در حیوانات بررسی شده بود. بیش‌تر ژن‌های بزرگ اثر و QTL مربوط به آن‌ها شناسایی و مکانیسم ملکولی بعضی از ژن‌ها شناخته شده‌است (Andersson 2001; Flint and Mott 2001; Korstanje and Paigen 2002). طی هزاران سال به دلیل انتخاب مصنوعی، فراوانی الل‌های QTL با اثر مطلوب در بین لاین‌های اهلی شده افزایش یافته است (Carlborg et al. 2003). بیش‌تر صفات اقتصادی طیور به‌وسیله ژن‌های مربوط به صفات کمی کنترل می‌شوند (QTGs) و اطلاعات مربوط به ژن و جهش‌های QTGs می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی به کمک نشانگر، مفید باشد (Abasht et al. 2006). انجمن بین المللی ژنتیک حیوانی[1] ریزماهواره‌ها را به‌عنوان بهترین نشانگر جهت تعیین تنوع ژنتیکی گونه‌های حیوانی معرفی کرده است (Mohammadifar and Mohammadabadi 2011). بر اساس بررسی‌های ثبت شده توسط FAO، ٦٦ درصد کل مطالعات تعیین فاصله ژنتیکی با استفاده از ریزماهواره‌ها انجام گرفته است و ۷۰ درصد پژوهشگران ریزماهواره‌ها را انتخاب کرده‌اند (Mohammadifar and Mohammadabadi 2011). شناسایی QTLهای موثر بر صفات اقتصادی برای اصلاح‌گران و ژنتیک دانانی که نقش QTL را بررسی می‌کنند سودمند است. استفاده از تعداد زیادی نشانگر با تراکم بالا در طول ژنوم می‌تواند توانایی تشخیص QTL را بالا ببرد و همچنین قدرت تشخیص به‌وسیله تجزیه هم‌زمان چند صفت یا QTL افزایش می‌یابد (Korol et al. 1995). عدم تعادل پیوستگی بین نشانگرها و QTLهای جستجو شده شرط لازم برای شناسایی و نقشه‌یابی QTL است (Aerts et al. 2007). روش‌های مختلفی برای شناسایی QTL و تخمین آثار آن وجود دارد که می‌توان روش‌های مبتنی بر رگرسیون (Haley and Knot 1992; Martinez and Curnow 1992)، حداکثر درست نمایی (Haley and Knot 1992) و مدل بیزی (Sen and Churchill 2001; Sillanpa and Corander 2002) را نام برد. بیش‌تر روش‌های نقشه‌یابی QTL بر اساس جمعیت‌های تلاقی برگشتی، هاپلوئیدهای دوتایی یا لاین‌های خالص حاصل از تلاقی دو والد (P_1 ،P_2) است که برای جایگاه‌های هر نشانگر یا QTL، دو ژنوتیپ دارند. جمعیت‌های F_2 به‌طور گسترده برای مطالعات ژنتیک حیوانات و گیاهان استفاده می‌شود. چندین روش نیز بر اساس جمعیت‌های F_2 که در آن غالبیت نادیده گرفته شده، توسعه یافته است (Wright and Mowers 1994; Whittaker et al. 1996; Jia and Xu 2007). چندین سال است که اصلاح نژاد طیور به‌عنوان یکی از شاخه‌های مهم در پرورش حیوانات مطرح شده‌است (Genchev et al. 2008). طی ۵۰ سال گذشته یکی از عوامل افزایش مقدار گوشت و سرعت رشد در طیور گوشتی انتخاب بر اساس صفات اسکلت بوده است. توانایی و نقش اسکلت در حفاظت از عضلات جوجه‌های گوشتی ارتباط نزدیکی با قابلیت زنده ماندن آن‌ها دارد که معمولاً به‌طور مستقیم اندازه‌گیری نمی‌شود. در نبود استخوان سالم، جوجه‌ها با مشکلات پا از قبیل دیس کندرو پلازیای درشت نی[2]، پای پیچیده[3]، راشیتیسم[4]،

[1] International society for animal genetics

[2] tibial dyschondroplasia
[3] Twisted leg
[4] Rickets

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

پیچ‌خوردگی پشت[1] و نقص استخوان[2] مواجه می‌شوند (Lilburn 1994). مشکلات مربوط به استخوان در طیور باعث ضرر اقتصادی از قبیل افزایش مرگ و میر و قابل قبول نبودن لاشه می‌شود که در مجموع باعث کاهش وزن لاشه و عملکرد می‌شود. اگر چه بیش‌تر مشکلات اسکلتی به کمک تغذیه و مدیریت صحیح حل می‌شود (Whitehead et al. 2004; Whitehead 2004)، اما واضح است که ژنتیک نیز نقش قابل توجهی در این زمینه دارد (Bishop et al. 2000) و ساختار ژنتیکی نقش قابل توجهی در توسعه سیستم اسکلتی دارد (Cook 2000). تحقیقات متعددی در زمینه صفات مرتبط با استخوان در لاین‌های گوشتی و تخم‌گذار طیور انجام گرفته است. در یک تحقیق از نژادهای تجاری و سنتی، تفاوت معنی‌داری در تراکم و طول استخوان نشان داده شده‌است (Hocking et al. 2003). علاوه بر آن طول استخوان توسط ژنتیک تحت تاثیر قرار می‌گیرد که وراثت‌پذیری آن حدود ۰/٤٤ است (Bishop et al. 2000). ثابت شده‌است که طول استخوان بازو در نتاج یک جمعیت سه نسلی از جوجه‌های گوشتی در اثر انتخاب بر اساس شاخص اندازه‌گیری شده از صفات استخوان، افزایش یافته است. هم‌چنین دو برابر این افزایش را در طول استخوان طیور بعد از هفت نسل انتخاب واگرا بر اساس شاخص استخوان گزارش کردند و ثابت کردند که بی‌نقصی استخوان می‌تواند از طریق انتخاب ژنتیکی بهبود یابد (Bishop et al. 2000).

در دهه گذشته، بلدرچین ژاپنی (*Coturnix japonica*) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین حیوانات آزمایشگاهی برای تحقیقات علمی در دانشگاه‌ها و ایستگاه‌های تحقیقاتی مورد استفاده قرار گرفته (Cain and Cawely 1972) و به‌طور گسترده در تحقیقات فیزیولوژی (Balthazart et al. 2003)، رفتارشناسی (Mills and Faure 1991)، ژنتیک (Jones et al. 1991; Sohrabi et al. 2012; Jabbari Ori et al. 2014; Moradian et al. 2014) و بیومدیکال (Ratnamohan 1985) استفاده شده‌است. بلدرچین از لحاظ سیتولوژیکی و مورفولوژیک شباهت زیادی به گونه مرغ دارد. اطلاعات ژنتیکی بلدرچین ژاپنی به‌عنوان حیوانی مهم در صنعت دامپروری در مقایسه با دیگر گونه‌های پرنده نظیر مرغ و بوقلمون بسیار اندک است و دارای نقشه ژنومی بسیار ناقصی می‌باشد که نیاز به مطالعات بیش‌تر دارد (Kayang et al. 2004). هدف از این مطالعه بررسی کروموزوم پنج بلدرچین ژاپنی برای شناسایی QTLهای مرتبط با استخوان است.

مواد و روش‌ها

برای تولید یک جمعیت F_2، تعداد هشت پرنده نر و هشت پرنده ماده به‌عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و بین آن‌ها (نر سفید × ماده وحشی (WS) و نر وحشی × ماده سفید (SW)) تلاقی دوطرفه صورت گرفت که هر نر با یک ماده آمیزش داشت. از بین پرندگان نسل اول (F_1)، ۳٤ پرنده برای تولید نسل دوم (F_2) انتخاب شد. از تلاقی نرهای SW با ماده‌های WS تعداد ۱۵۳ (٦٤ ماده و ۸۹ نر) پرنده (F_2 (SWWS) و از تلاقی نرهای WS با ماده‌های SW تعداد ۲۳۰ (۹٦ ماده و ۱۳٤ نر) پرنده (F_2 (WSSW تولید شدند. تلاقی بین ماده‌های WS و نرهای WS نیز انجام شد، تعداد ۳۹ (۱٦ ماده و ۲۳ نر) پرنده (F_2 (WSWS (در مجموع ٤۲۲ پرنده نسل F_2) تولید شد. در این نسل برای تولید نتاج بیش‌تر، هر نر با سه ماده آمیزش داشت. جمعیت ایجاد شده جهت نقشه‌یابی شامل ٤۷۲ پرنده بود که نمونه خون مربوط به تمام آن‌ها در حین کشتار در سن ۳۵ روزگی جمع آوری شد. برای این کار، ۲/۵ میلی‌لیتر از خون پرنده، به محض کشتار درون لوله‌های آزمایش پلاستیکی درب دار که حاوی EDTA (به‌منظور جلوگیری از لخته شدن خون) بود، ریخته شد.

صفات فنوتیپی مربوط به تعداد ٤۲۲ پرنده F_2 شامل وزن سینه، استخوان سینه، وزن گوشت سینه، وزن ران، وزن گوشت ران، وزن استخوان ران، طول استخوان ران، قطر استخوان ران، وزن استخوان درشت نی، وزن استخوان بازو، طول استخوان بازو، قطر استخوان بازو، وزن پای راست، طول پای راست، قطر پای راست، وزن پای چپ، طول پای چپ و قطر پای چپ اندازه‌گیری شد که این صفات با وزن لاشه سرد مرتبط بودند. برای اندازه‌گیری طول و وزن استخوان‌ها، ابتدا تمامی قسمت‌های عضله از استخوان جدا و با استفاده از کولیس طول استخوان (بر حسب میلی‌متر) و به

[1] Twisted back
[2] Bone defect

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

کمک ترازویی با دقت ۰/۰۱ گرم وزن استخوان اندازه‌گیری و ثبت شد. کروموزوم شماره پنج برای مکان‌یابی صفات مربوط به استخوان با استفاده از سه نشانگر ریز ماهواره مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۱). برای این کار ابتدا واکنش زنجیره‌ای پلیمراز شامل ۱۰۰ نانوگرم از DNA بلدرچین، یک واحد آنزیم Taq DNA پلی مراز، ۰/۲۵ میکرومولار از هر یک از پرایمرهای رفت و برگشت، ۲۰۰ میکرومولار از dNTP، بافر PCR، سه میکرومولار از $MgCl_2$ و ۱۶/۵میکرولیتر آب‌مقطر (حجم ۲۵ میکرولیتر) با برنامه حرارتی (واسرشته سازی دو رشته DNA، ۹۴ درجه سانتی-گراد به مدت۳۰ ثانیه – اتصال پرایمرها برای نشانگر GUJ0059، ۵۶/۳ و نشانگر GUJ0049، ۵۸/۷ و برای نشانگر GUJ0100، ۶۱/۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، سنتز رشته، ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۹۰ ثانیه) به تعداد ۳۵ سیکل در دستگاه ترموسایکلر انجام شد.

برای آشکارسازی و مشاهده قطعات تکثیر شده از ژل پلی‌اکریل آمید هشت درصد استفاده شد. بعد از الکتروفورز، تمام افراد برای سه نشانگر ریز ماهواره تعیین ژنوتیپ شدند. از نشانگرهای موجود بر روی کروموزوم شماره پنج، یک نشانگر دارای سه آلل (GUJ0049) و دو نشانگر دیگر دو آللی بودند (GUJ0100 و GUJ0059). آلل‌ها با اعداد یک تا سه مشخص شدند.

برای محاسبه موقعیت‌ها و آثار مربوط به QTLهای کروموزوم شماره پنج، از مدل‌های آماری زیر استفاده شد.

$$Y_{ijkl} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + e_{ijkl}$$

$$Y_{ijkl} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + dP_{dk} + iP_{ik} + e_{ijkl}$$

در مدل فوق، Y_{ijkl} فنوتیپ مشاهده شده افراد k، μ میانگین جمعیت، H_i و S_j به‌ترتیب اثر ثابت عوامل هچ و جنس، a و d و i آثار افزایشی (اختلاف ژنوتیپ های هموزیگوت qq با QQ)، غلبه (انحراف از میانگین Qq از میانگین دو ژنوتیپ هموزیگوت qq و QQ) و ایمپرینتینگ (تفاوت دو ژنوتیپ هتروزیگوت Qq در مقابل qQ). P_{ak} احتمال شرطی حیوان k برای حمل آلل سویه وحشی، P_{dk} احتمال شرطی حیوان k که هتروزیگوس باشد و P_{ik} احتمال شرطی حیوان k که هتروزیگوس است و آلل سویه وحشی را از پدرش به ارث برده است، e_{ijk} اثر تصادفی باقیمانده است. علاوه بر مدل‌های ذکر شده، اثر متقابل هچ و جنس با اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL نیز در دو مدل دیگر و اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL و اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL نیز در دو تجزیه دیگر، اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با جنس و اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با هچ نیز مورد بررسی قرار گرفت.

روشی که برای تجزیه QTL استفاده شد، روش نقشه‌یابی درون فاصله ای مبتنی بر رگرسیون بود (Knott et al. 1998) بر اساس این مدل آماری یک QTL در فواصل یک سانتی مورگان در طول کروموزوم ۵، نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود به‌عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن QTL نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح پنج درصد و یک درصد بود که با استفاده از روش تبدیل محاسبه شد (Churchill and Doerge 1994). مقادیر به‌دست آمده از تجزیه تعداد ده هزار سری داده، برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم وجود QTL، رتبه-بندی شدند. تجزیه‌ها با استفاده از نرم‌افزار آنلاین GridQTL انجام شد (Seaton et al. 2006).

جدول ۱- توالی آغازگرهای به‌کار برده شده در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای کروموزوم پنج.

نشانگر	موقعیت [1] (cM)	توالی آغازگر		دامنه اندازه آللی [2] (bp)	دما [3]
		رفت ('3→'5)	برگشت ('3→'5)		
GUJ0059	۰	TAGGTGCGAAAATCTCTGAC	GACAAAGTTACAGCTAGGAG	۲۱۹-۲۰۷	۵۶/۳
GUJ0049	۱۲	GAAGCAGTGACAGCAGAATG	CGGTAGCATTTCTGACTCCA	۲۴۱-۲۲۹	۵۸/۷
GUJ0100	۲۱	GCATTTCCATCAGTACAACC	CAGAATATAAGGTCACAGCC	۲۹۰-۲۷۸	۶۱/۴

[1] موقعیت نشانگرها روی کروموزوم پنج بلدرچین ژاپنی بر اساس نقشه پیوستگی، [2] Base pair (جفت‌باز)، [3] دمای بهینه اتصال آغازگر به رشته الگو

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

جدول ۲- خلاصه آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی پرندگان نسل F_2

صفت	تعداد [1]	میانگین [2]	حداقل (گرم)	حداکثر (گرم)	انحراف معیار باقی مانده	درصد ضریب تغییرات
وزن لاشه سرد	٤٢١	١٠٤/٥	١٤١	٤٦٠/٣٠	١٣/٢٢	١٢/٦٥
وزن سینه	٣٩٩	٣٢/٧١٠	١٢/٥٢٠	٤٧/٨١٠	٥/٦٠٨	٠/١٧١
وزن استخوان سینه	٣٩٩	٣/٥١٨	١/٧٥٠	٦/٨٧٠	٠/٧٢٤	٠/٢٠٥
وزن گوشت سینه	٣٩٧	٢٩/٠٠٠	١٢/٣٣٠	٤٣/٢٠٠	٥/٢١٢	٠/١٧٩
وزن ران	٣٩٩	٩/٣٣٩	٤/٩٤٠	١٣/٢٥٠	١/٥٨٠	٠/١٦٩
وزن گوشت ران	٣٩٤	٨/٣٣٨	٠/٨٥٠	٩١/٤١٠	٤/٤٣٧	٠/٥٣٢
وزن استخوان ران	٣٩٤	٠/٥٥٥	٠/٣٢٠	٠/٩٠٠	٠/٠٧٣	٠/١٣١
طول استخوان ران	٣٩٤	٣٩/٠٣٠	٢٩/٦٠٠	٤٢/٥٠٠	١/٧٠٨	٠/٠٤٣
قطر استخوان ران	٣٩٨	٢/٧٩٥	١/٩٧٠	٣/٦١٠	٠/٢٢٨	٠/٠٨١
وزن استخوان درشت نی	٤٠٠	٠/٥٩٩	٠/٣٣٠	٠/٩٩٠	٠/٠٧٧	٠/١٢٨
وزن استخوان بازو	٣٩٩	٠/٦٢٠	٠/٣٦٠	٠/٩٩٠	٠/٠٩٨	٠/١٥٨
طول استخوان بازو	٣٩٨	٣٧/٨٧٠	٢٣/٠٦٠	٤٥/٢٠٠	١/٩١١	٠/٠٥٠
قطر استخوان بازو	٣٩٦	٢/٩٢٠	١/٥٠٠	٤/٧٠٠	٠/٣٢٢	٠/١١٠
وزن پای راست	٤٠٠	٠/٢٩٨	٠/١٣٠	٠/٦١٠	٠/٠٤٤	٠/١٤٧
طول پای راست	٤٠٠	٣١/٣٩٠	٢٥/١٣٠	٣٩/٢١٠	١/٢٨٠	٠/٠٤٠
قطر پای راست	٤٠٠	٢/٤٧٨	١/٦٤٠	٣/٠٦٠	٠/١٨٧	٠/٠٧٥
وزن پای چپ	٣٩٨	٠/٢٩١	٠/١٩٠	٠/٥٠٠	٠/٠٣٧	٠/١٢٧
طول پای چپ	٣٩٨	٣١/١٧٠	٢٦/٣٩	٣٤/٠٠٠	١/٠٩١	٠/٠٣٥
قطر پای چپ	٤٠٠	٢/٤٧١	١/٥٢٠	٢/٩٤٠	٠/١٨٤	٠/٠٧٤

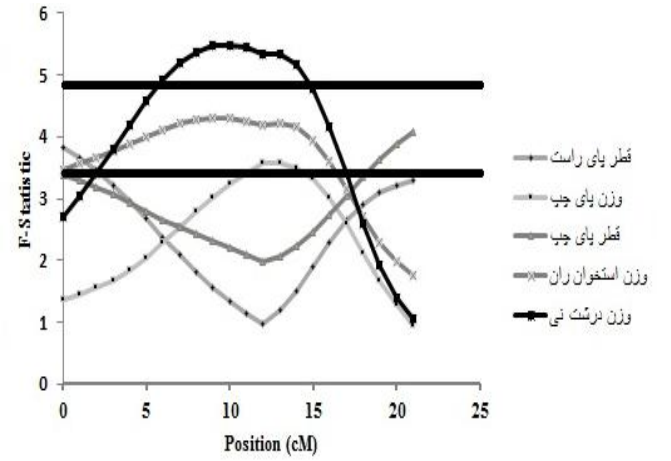
[1]تعداد مشاهدات برای هر صفت، [2]میانگین تصحیح شده برای اثر عوامل ثابت جنس و هچ

نتایج و بحث

آمار توصیفی مربوط به صفات استخوان، شامل تعداد مشاهدات برای هر صفت، میانگین تصحیح شده هر صفت برای اثر ثابت، مقدار حداقل و حداکثر برای هر صفت، انحراف معیار باقی‌مانده و ضریب تغییرات صفات می‌باشد که در جدول ۲ آورده شده‌است. طی کاوش ژنومی کروموزوم پنج با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، برای نه صفت QTL معنی‌دار شناسایی شد. همان‌طور که ذکر شد، داده‌ها با استفاده از نه مدل به کمک نرم‌افزار Grid QTL تجزیه شدند. در مدلی که اثر افزایشی QTL در نظر گرفته شد برای قطر پای چپ در موقعیت پنج سانتی‌مورگانی و وزن استخوان ران در موقعیت صفر سانتی‌مورگانی با سطح احتمال پنج درصد، جایگاه معنی‌دار شناسایی شد. اثر افزایشی برای هر دو QTL مثبت و نزدیک‌ترین نشانگر به این دو جایگاه GUJ0059 می‌باشد (جدول ۳). در تجزیه دوم که شامل آثار غلبه و افزایشی QTL بود برای صفات قطر پای راست (صفر سانتی‌مورگان)، قطر پای چپ (صفر سانتی‌مورگان) و قطر استخوان ران (۱۷سانتی-مورگان) در سطح پنج درصد QTL معنی‌دار شناسایی شد. برای صفت قطر پای راست اثر غلبه و برای صفات قطر پای چپ و قطر استخوان ران اثر افزایشی معنی‌دار شد. نزدیک‌ترین نشانگر برای QTL قطر پای چپ و راست GUJ0059 و برای قطر استخوان ران GUJ0100 است (جدول٤). در تجزیه اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL، نزدیک به نشانگر GUJ0049 برای صفات وزن استخوان ران، وزن درشت نی و وزن پای چپ به ترتیب در موقعیت ۹، ۱۰ و ۱۳ سانتی‌مورگانی کروموزوم پنج جایگاه معنی‌دار شناسایی شد. برای صفت وزن درشت نی و وزن پای چپ فقط اثر غلبه مثبت بود و برای وزن استخوان ران فقط ایمپرینتینگ دارای اثر منفی بود. برای صفت قطر پای راست در موقعیت صفر سانتی‌مورگان نزدیک به جایگاه GUJ0059، QTL معنی‌دار شناسایی شد که این جایگاه نیز برای اثر ایمپرینتینگ منفی بود، جایگاه دیگری که با این تجزیه معنی‌دار شد در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی کروموزوم و نزدیک به نشانگر GUJ0100 بود که مربوط به صفت قطر پای چپ است. این

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

جایگاه نیز دارای اثر ایمپرینتینگ منفی بود. به‌جز صفت وزن درشت نی که با سطح احتمال یک درصد شناسایی شد، سطح احتمال برای بقیه جایگاه‌های شناسایی شده پنج درصد است (جدول۵، شکل ۱). در تجزیه‌های اثر متقابل افزایشی QTL با جنس اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با جنس تجزیه اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با هچ آثار متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با جنس اثر متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با هچ که به‌ترتیب در جداول ٦، ٧، ٨، ٩ و ١٠ آورده شده‌اند نیز جایگاه‌های معنی‌دار دیگری شناسایی شدند. در تجزیه اثر متقابل افزایشی QTL با هچ، جایگاه معنی‌داری شناسایی نشد. آثار مورد بررسی شامل آثار افزایشی، غلبه، منشا والدی و آثار متقابل آن‌ها با هچ و جنس بود. همان‌طور که ذکر شد برای بعضی صفات چندین QTL شناسایی شد که شامل صفت قطر پای چپ (صفر، پنج، ١٢ سانتی‌مورگانی)، وزن استخوان ران (نه و صفر سانتی‌مورگانی)، طول پای راست (٢١، ١٦، ٨، ٢ سانتی‌مورگانی)، قطر پای راست (صفر سانتی‌مورگانی)، قطر استخوان ران (١٧ و ١٦ سانتی‌مورگانی)، وزن پای راست (٢١ سانتی‌مورگانی)، وزن درشت نی (١٢ و ١٠ سانتی‌مورگانی)، وزن پای چپ (١٢ و ١٣ سانتی‌مورگانی) بود.



شکل ١- پروفیل آماره F حاصل از برازش مدل اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL. خط‌های افقی آستانه‌های معنی‌داری در سطح یک و پنج درصد را نشان می‌دهد.

جدول ٣- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر افزایشی QTL.

صفت	موقعیت (cM)[1]	آماره ^{2}F	اثر QTL	V_{QTL}[4]	نشانگر[5]
			A (SE)[3]		
قطر پای چپ	٥	٦/٨٦*	٠/٠٤(٠/٠٢)	١/٤٢	GUJ0059
وزن استخوان ران	٠	٦/٥٥*	٠/٠٢(٠/٠١)	١/٣٩	GUJ0059

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج درصد در سطح کروموزوم، [3] اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، [4]واریانس QTL، [5] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL.

جدول ٤- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر افزایشی و غلبه QTL.

صفت	موقعیت (cM)[1]	آماره ^{2}F	اثر QTL		V_{QTL}[5]	نشانگر[6]
			D (SE)[3]	A (SE)[4]		
قطر پای راست	٠	٥/٥١*	٠/٠٦(٠/٠٢)	-	٢/١٤	GUJ0059
قطر پای چپ	٠	٤/٤٤*	-	٠/٠٣(٠/٠٢)	١/٧٠	GUJ0059
قطر استخوان ران	١٧	٤/٤٠*	-	٠/١٢(٠/٠٤)	١/٦٣	GUJ0100

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج درصد در سطح کروموزوم، [3] اثر غلبه QTL (اشتباه استاندارد)، [4] اثر افزایشی QTL، [5]واریانس QTL، [6] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL

جدول ٥- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه آثار افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL.

صفت	موقعیت (cM)[1]	آماره ^{2}F	اثر QTL			V_{QTL}[6]	نشانگر[7]
			I (SE)[3]	D (SE)[4]	A (SE)[5]		
قطر پای راست	٠	٣/٨١*	-٠/٠١(٠/٠٢)	٠/٠٧(٠/٠٢)	٠/٠٣(٠/٠٢)	٢/١٤	GUJ0059
وزن پای چپ	١٣	٣/٥٧*	-٠/٠١(٠/٠٠)	٠/٠١(٠/٠١)	-٠/٠١(٠/٠٠)	٠/٠١	GUJ0049
قطر پای چپ	٢١	٤/٠٨*	-٠/٠٥(٠/٠٢)	٠/٠٣(٠/٠٣)	٠/٠٤(٠/٠٢)	٢/٢٧	GUJ0100
وزن استخوان ران	٩	٤/٣٠*	-٠/٠٢(٠/٠١)	٠/٠٣(٠/٠١)	٠/٠١(٠/٠١)	٢/٧٨	GUJ0049
وزن درشت نی	١٠	٥/٤٩**	-٠/٠٣(٠/٠١)	٠/٠٤(٠/٠١)	-٠/٠١(٠/٠١)	٢/٨٦	GUJ0049

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* و ** به‌ترتیب اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج و یک درصد در سطح کروموزوم، [3]اثر ایمپرینتینگ QTL (اشتباه استاندارد)، [4]اثر غلبه QTL، [5]اثر افزایشی QTL، [6]واریانس QTL، [7] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

جدول ٦- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر متقابل افزایشی QTL با جنس.

صفت	موقعیت (cM)[1]	آماره F[2]	اثر متقابل افزایشی QTL با جنس		V_{QTL}[3]	نشانگر[4]
			۲	۱		
طول پای راست	۸	٦/۰٤**	-۰/٦۲(۰/۱۸)	-	۲/٤٥	GUJ0049
قطر پای چپ	٥	٤/٦۷*	-	۰/۰٦(۰/۰۲)	۱/۷٤	GUJ0059
وزن استخوان ران	۰	٦/۷۷**	-	۰/۰۳(۰/۰۱)	۲/۹٤	GUJ0059
وزن لاشه سرد	٦	٥/۰۸*	-	۳/٦٤(۱/٥۰)	۱/۹۱	GUJ0059

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* و ** به‌ترتیب اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج و یک درصد در سطح کروموزوم، [3]واریانس QTL، [4]نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL

جدول۷- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با جنس.

صفت	موقعیت[1](cM)	آماره F[2]	V_{QTL}[3]	نشانگر[4]	جنس	اثر متقابل QTL و جنس	
						A(SE)[5]	D(SE)[6]
طول پای راست	۱٦	۳/۲٤*	۲/۱۹	GUJ0049	۲	-۰/٥۹(۰/۱۸)	-
وزن استخوان ران	۰	۳/٤۸*	۲/۹٤	GUJ0059	۱	۰/۰۳(۰/۰۱)	-
وزن درشت نی	۱۲	۳/۱٦*	۱/۹۸	GUJ0049	۲	-	۰/۰٥(۰/۰۲)

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج درصد در سطح کروموزوم، [3]واریانس QTL، [4] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL. [5]اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، [6]اثر غلبه QTL

جدول ۸- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با هچ.

صفت	موقعیت[1] (cM)	آماره F[2]	V_{QTL}[3]	نشانگر[4]	هچ	اثر متقابل QTL و هچ	
						A(SE)[5]	D(SE)[6]
وزن پای راست	۲۱	۲/٦٥**	٤/٥٥	GUJ0100	۱	-	-۰/۰٥(۰/۰۱)
					٤	-	۰/۰٤(۰/۰۱)

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]** اثر معنی‌دار QTL در سطح یک درصد در سطح کروموزوم، [3]واریانس QTL، [4] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL. [5]اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، [6]اثر غلبه QTL

جدول ۹- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با جنس.

صفت	موقعیت[1] (cM)	آماره F[2]	V_{QTL}[3]	نشانگر[4]	جنس	اثر متقابل QTL و جنس		
						A(SE)[5]	D(SE)[6]	I(SE)[7]
وزن پای راست	۱۲	۲/۷٥*	۳/٤٥	GUJ0049	۲	-	-	-۰/۰۲(۰/۰۱)
وزن پای چپ	۱۲	۳/۲٥*	٤/٥٥	GUJ0049	۲	-	-	-۰/۰۲(۰/۰۱)
وزن استخوان ران	۹	۳/۲۷*	٤/٤۱	GUJ0049	۲	-	-	-۰/۰۳(۰/۰۱)
قطر استخوان ران	۱٦	۲/٥۹*	۲/۳۸	GUJ0049	۱	-	۰/۱۲(۰/۰٥)	-
وزن درشت نی	۱۲	٤/۸۳**	٥/۹٤	GUJ0049	۲	-	۰/۰٦(۰/۰۲)	-۰/۰٥(۰/۰۱)

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، [2]* و ** به‌ترتیب اثر معنی‌دار QTL در سطح پنج و یک درصد در سطح کروموزوم، [3]واریانس QTL، [4] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL. [5]اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، [6]اثر غلبه QTL، [7]اثر ایمپرینتینگ QTL

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

جدول ۱۰- خلاصه نتایج حاصل از تجزیه اثر متقابل افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL با هچ.

صفت	موقعیت[1](cM)	آماره F[2]	V_{QTL}[3]	نشانگر[4]	هچ	اثر متقابل QTL و هچ		
						A(SE)[5]	D(SE)[6]	I(SE)[7]
وزن پای راست	۲۱	۲/۲**	٤/٥٥	GUJ0100	۱	-	-۰/۰٤(۰/۰۱)	-
					٤	-	۰/۰٤(۰/۰۱)	-

[1]موقعیت QTL بر حسب سانتی‌مورگان، ** اثر معنی‌دار QTL در سطح یک درصد در سطح کروموزوم،[3]واریانس QTL، [4] نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL. [5]اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، [6]اثر غلبه QTL، [7]اثر ایمپرینتینگ QTL

واریانس فنوتیپی ایجاد شده به‌وسیله QTL محاسبه شد و محدوده‌ای بین ٥/٩٤-۰/۰۱ داشت. منظور از واریانس فنوتیپی ناشی از QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که به‌وسیله QTL ایجاد می‌شود.

وراثت‌پذیری مندلی بیان مساوی از آلل‌های والدی در نتاج است (Andersson 2001)، از طرف دیگر ایمپرینتینگ ژنومی بیان تنها یکی از دو کپی ژن در نتاج بر اساس منشا والدی آلل‌هاست (Barlow 1995). در بررسی اثر منشا والدی برای قطر پای راست (صفر سانتی‌مورگانی)، وزن پای چپ (۱۳ سانتی‌مورگانی)، قطر پای چپ (۲۱ سانتی‌مورگانی)، وزن استخوان ران (نه سانتی-مورگانی) و وزن درشت نی (۱۰ سانتی‌مورگانی) جایگاه معنی‌دار شناسایی شد که اثر منشا والدی برای همه صفات منفی است.

تاکنون مطالعات مختلفی به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و هم‌چنین مطالب متعددی برای بهبود صفات مختلف در بلدرچین ژاپنی گزارش و ارائه شده‌است (Mohammadabadi et al. 2010; Ayatollahi 2012; Charati and Esmailizadeh 2013; Moradian et al. 2014; Rezvannejad 2014). به‌دلیل نبودن مطالعات مشابه در بلدرچین، صفات بررسی شده را با پژوهش-های انجام شده در جوجه‌های گوشتی و تخم‌گذار مقایسه می-کنیم. در مطالعه‌ای با استفاده از یک جمعیت F_2 حاصل از تلاقی نرهای گوشتی و ماده‌های لگهورن سفید، برای طول استخوان درشت نی بر روی کروموزوم‌های سه (۱٦۳ و۲۹۲ سانتی-مورگانی)، چهار (۲۳۰ سانتی‌مورگانی)، ۱۳ (۳۲ سانتی‌مورگانی) و ۲۷ (۳۳ و ۳۹ سانتی‌مورگانی)، قطر استخوان درشت نی بر روی کروموزوم‌های چهار (۲۲۰-۲۰۰ سانتی‌مورگانی)، شش (۱۰٤ سانتی‌مورگانی)، هشت (۷٦ سانتی‌مورگانی)، ۱۱ (۱۲ سانتی-مورگانی)، ۱۳(۳٦ سانتی‌مورگانی)، برای طول استخوان بازو بر روی کروموزوم‌های چهار (۲۲٥ سانتی‌مورگانی)، شش (٦٤ سانتی‌مورگانی)، ۲۷ (۳۸ و ٤۷ سانتی‌مورگانی)، برای قطر استخوان بازو بر روی کروموزوم هفت (۱۰۰ سانتی‌مورگانی)، ۱۰ (٤٤ سانتی‌مورگانی)، ۱۳ (٥٥ سانتی‌مورگانی)، ۱۸ (۳٦ سانتی-مورگانی)، ۲۷ (۱۸ سانتی‌مورگانی) جایگاه معنی‌دار شناسایی شد (Schreiweis et al. 2005). در این بررسی برای وزن استخوان درشت نی در ۱۰ و ۱۲ سانتی‌مورگانی کروموزوم پنج جایگاه معنی‌دار شناسایی شد ولی برای صفت استخوان بازو QTL معنی-دار مشاهده نشد. در مطالعه‌ای دیگر با استفاده از یک جمعیت F_2 حاصل از تلاقی نرهای گوشتی با ماده‌های خالص لگهورن و فایومی برای وزن پا بر روی کروموزوم‌های یک و چهار در جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با لگهورن و بر روی کروموزوم ۱، ۸، ۱٤ و Z جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با فایومی، برای صفت طول پا بر روی کروموزوم‌های ۱، ٤، ٦ و ۱٤ در جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با لگهورن و بر روی کروموزوم یک و هشت جوجه‌های حاصل از تلاقی با فایومی، برای طول استخوان درشت نی بر روی کروموزوم‌های چهار، پنج و ۱٤ جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با لگهورن و بر روی کروموزوم یک و هشت جوجه‌های حاصل از تلاقی با فایومی جایگاه معنی‌دار شناسایی شد. طی این پژوهش برای وزن پای چپ در ۱۲ و ۱۳ سانتی‌مورگانی، وزن پای راست ۱۲ و ۲۱ سانتی‌مورگانی و برای طول پای راست در هشت سانتی‌مورگانی کروموزوم پنج، QTL معنی‌دار شناسایی شد. هم‌چنین بر روی کروموزوم ۱ برای بال جایگاه معنی‌دار شناسایی شد که در این مطالعه برای استخوان بازو QTL معنی‌داری یافت نشد (Zhou et al. 2007).

بررسی این QTLها و مطالعات انجام شده در رابطه با ساختار ژنتیکی اسکلت، می‌تواند QTL صفات اسکلتی و ژن‌های کاندیدا

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

با اعمال شناخته شده در توسعه، تمایز و بلوغ استخوان را شناسایی کند (Karsenty 1998). فاکتورهای موثر بر رشد و توسعه استخوان که در طیور مورد مطالعه قرار گرفته شامل روش-های مدیریت، تحرک پرنده و افزودنی‌های غذایی خاص است. مکانیسم‌هایی که با جذب مواد مغذی مرتبط هستند می‌توانند کاندیداهای مناسبی برای ژن‌هایی باشند که بر روی صفات اسکلت تاثیر می‌گذارند (Zhou et al. 2007).

ژن‌های کنترل‌کننده وزن و اندازه بدن، در بیش‌تر مواقع آثار پلیوتروپی روی اسکلت دارند. افراد بزرگ‌تر اغلب استخوان‌های بزرگ‌تری دارند و این استخوان‌ها استرس‌های بیومکانیکی بزرگتری را نسبت به افراد کوچک‌تر تحمل می‌کنند. بنابراین ژن-های مؤثر بر اندازه و وزن بدن، می‌توانند به‌طور غیر مستقیم بر اسکلت تاثیر بگذارند (Rubin et al. 2007). شناسایی QTL مربوط به استخوان در بلدرچین ممکن است به شناسایی ژن‌هایی که در واریانس فنوتیپی اندازه و ترکیب استخوان در دیگر گونه‌ها دخالت دارند، کمک کند.

نتیجه گیری کلی

در این تحقیق تعدادی از نواحی ژنومی مرتبط با صفات استخوان روی کروموزوم پنج بلدرچین ژاپنی شناسایی شد. نتایج این پژوهش نقش توارث غیر مندلی (ایمپرینتینگ ژنومی) و آثار پلیوتروپی و تک‌ژنی را در چندین صفت استخوان که در اصلاح نژاد بلدرچین اهمیت دارند نشان می‌دهد.

منابع

Abasht B, Dekkers JC, Laont SJ (2006) Review of quantitative trait loci identified in the chicken. Poultry Science 85: 2079-2096.

Aerts J, Megens HJ, Veenendaal T, Ovcharenko I, Crooijmans R, Gordon L, Stubbs L, Groenen M (2007) Extent of linkage disequilibrium in chicken cytogenetic. Genome Research 117: 338-345.

Andersson L (2001) Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. Nature Reviews Genetics 2: 130-138.

Ayatollahi A (2012) Divergent selection for four-week body weight in Japanese quail (Coturnix coturnix japonica): response to selection and realized heritability. Journal of Livestock Science and Technologies 1: 61-64.

Balthazart J, Baillien M, Charlier TD, Cornil CA, Ball GF (2003) The neuroendocrinology of reproductive behavior in Japanese quail. Domestic Animal Endocrinology 25: 69-82.

Barlow DP (1995) Gametic imprinting in mammals. Science 270: 1610-1613.

Bishop SC, Fleming RH, McCormack HA, Flock DK, Whitehead CC (2000) Inheritance of bone characteristics affecting osteoporosis in laying hens. British Poultry Science. 41: 33-40.

Cain JR, Cawley WO (1972) Care Management Propagation: Japanese Quail (coturnix). Texas Agricultural Experiment Station, from http://hdl .handle .net /1969 .1 /92988.

Carlborg Ö, Kerje S, Schütz K, Jacobsson L, Jensen P, Andersson L (2003) A global search reveals epistatic interaction between QTL for early growth in the chicken. Genome Research 13: 413-421.

Charati H, Esmailizadeh AK (2013) Carcass traits and physical characteristics of eggs in Japanese quail as affected by genotype, sex and hatch. Journal of Livestock Science and Technologies 2: 59-64.

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

Cook ME (2000) Skeletal deformities and their causes: introduction. Poultry Science 79: 982-984.

Flint J, Mott R (2001) Finding the molecular basis of quantitative traits: Successes and pitfalls. Nature Reviews Genetics 6: 437-445.

Genchev A, Mihaylova G, Ribarski S, Pavlov A, Kabakchiev M (2008) Meat quality and composition in Japanese quails. Trakia Journal of Sciences 6: 72-82.

Haley CS, Knott SA (1992) A simple regression method for mapping quantitative loci in line crosses using flanking markers. Heredity 69: 315-324.

Hocking PM, Bain M, Channing CE, Fleming R, Wilson S (2003) Genetic variation for egg production, egg quality and bone strength in selected and traditional breeds of laying fowl. British Poultry Science 44: 365-373.

Jabbari Ori R, Esmailizadeh AK, Charati H, Mohammadabadi MR, Sohrabi SS (2014) Identification of QTL for live weight and growth rate using DNA markers on chromosome 3 in an F2 population of Japanese quail. Molecular biology reports 41: 1049-1057.

Jia Z, Xu S (2007) Mapping quantitative trait loci for expression abundance. Genetics 176: 611-623.

Jones RB, Mills AD, Faure JM (1991) Genetic and experiential manipulation of fear-related behavior in Japanese quail chicks (Coturnix Coturnix Japonica). Journal of Comparative Psychology 105: 15-24.

Karsenty G (1998) Genetics of skeletogenesis. Developmental Genetics Journal 22: 301-313.

Kayang BB, Vignal A, Inoue-Murayama M, Miwa M, Monvoisin JL, Ito S, Minvielle F (2004) A first generation

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]

microsatellite linkage map of the Japanese quail. Animal Genetic 35: 195-200.
Knott SA, Marklund L, Haley CS, Andersson K, Davies W, Ellegren H, Fredholm M, Hansson I, Hoyheim B, Lundstrom K, Moller M, Andersson L (1998) Multiple marker mapping of quantitative trait loci in a cross between outbred wild boar and large white pigs. Genetics 149: 1069-1080.
Korol AB, Ronin YI, Kirzhner VM (1995) Interval mapping of quantitative trait loci employing correlated trait complexes. Genetics 140: 1137-1147.
Korstanje R, Paigen B (2002) From QTL to gene: the harvest begins. Nature Genetics 31: 235-236.
Lilburn MS (1994) Skeletal growth of commercial poultry species. Poultry Science 73: 897-903.
Martinez O, Curnow RN (1992) Estimating the locations and the sizes of the effects of quantitative trait loci using flanking markers. Theoretical and Applied Genetics 85: 480-488.
Mills AD, Faure JM (1991) Divergent selection for duration of tonic immobility and social reinstatement behavior in Japanese quail (Coturnix Coturnix Japonica) chicks. Journal of Comparative Psychology 105: 25-38.
Mohammadabadi MR, Nikbakhti M, Mirzaee HR, Shandi A, Saghi DA, Romanov MN, Moiseyeva IG (2010) Genetic variability in three native Iranian chicken populations of the Khorasan province based on microsatellite markers. Russian journal of genetics 46: 505-509.
Mohammadifar A, Mohammadabadi MR (2011) Application of microsatellite markers for a study of Kermani sheep genome. Iranian journal of Animal Science 42: 337-344.
Moradian H, Esmailizadeh AK, Sohrabi SS, Nasirifar E, Askari N, Mohammadabadi MR, Baghizadeh A (2014) Genetic analysis of an F2 intercross between two strains of Japanese quail provided evidence for quantitative trait loci affecting carcass composition and internal organs. Molecular biology reports 41: 4455-4462.
Ratnamohan N (1985) The management of Japanese quail and their use in virological research: a review. Veterinary Research Communications 9: 1-14.
Rezvannejad E (2014) Productive, reproductive performance and biochemical parameters of short-term divergently selected Japanese quail lines and their reciprocal crosses. Journal of Livestock Science and Technologies 1: 35-42.
Rubin CJ, Brändström H, Wright D, Kerje S, Gunnarsson U, Schutz K, Fredriksson R, Jensen P, Andersson L, Ohlsson C, Mallmin H, Larsson S, Kindmark A (2007) Quantitative trait loci for BMD and bone strength in an intercross between domestic and wild type chickens, Journal of Bone and Mineral Research. 22: 375-384.
Schreiweis MA, Orban JI, Ledur MC, Moody DE, Hester PY (2005) Validation of dual-energy x-ray absorptiometry in live white leghorns. Poultry Science 84: 91-99.
Seaton G, Hernandez J, Grunchec JA, White I, Allen J, de Koning DJ, Wei W, Berry D, Halley C, Knott SA (2006) GridQTL: a grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets. In: Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 13-18.
Sen S, Churchill GA (2001) A statistical framework for quantitative trait mapping. Genetics 159: 371-387.
Sillanpa¨a¨ MJ, Corander J (2002) Model choice in gene mapping: what and why. Trends in Genetics 18: 302-307.
Sohrabi SS, Esmailizadeh AK, Baghizadeh A, Moradian H, Mohammadabadi MR, Askari N, Nasirifar E (2012) Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. Animal production science 52: 1012-1018.
Whitehead CC (2004) Overview of bone biology in the egg laying hen. Poultry Science 83: 193-199.
Whitehead CC, McCormack HA, McTeir L, Fleming RH (2004) High vitamin D3 requirements in broilers for bone quality and prevention of tibial dyschondroplasia and interactions with dietary calcium, available phosphorus and vitamin A. British Poultry Science 45: 425-436.
Whittaker JC, Thompson R, Visscher PM (1996) The mapping of QTL by regression of phenotype on marker-type. Heredity 77: 23-32.
Wright AJ, Mowers RP (1994) Multiple regression for molecular marker, quantitative trait data from large F2 populations. Theoretical and Applied Genetics 89: 305-312.
Zhou H, Deeb N, Evock-clover CM, Mitchell AD, Ashwell CM, Lamont SJ (2007) Genome-Wide linkage analysis to identify chromosomal regions affecting phenotypic traits in the chicken, III, skeletal integrity. Poultry Science 86: 255-266.

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1395.11.4.10.9]