ژنتیک نوین
دوره هفدهم، شماره ۱، بهار ۱۴۰۱
صفحه ۳۶ - ۳۱

پاسخ به انتخاب صفات وزن بدن تا ۲۸ روزگی در بلدرچین‌های ژاپنی با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی

Response to selection of body weight traits in Japanese quails using genetic markers

جواد احمدپناه*[۱]، یحیی محمدی[۲]، شهناز یوسفی زاده[۳]

۱- استادیار، بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ایلام، ایلام، ایران

۳- استادیار، گروه علوم آزمایشگاهی و درمانگاهی، دانشکده پیرادامپزشکی، دانشگاه ایلام، ایلام، ایران

Ahmadpanah J*[1], Mohammadi Y[2], Yousefizadeh Sh[3]

1- Assistant Professor, Animal Science Research Department, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Kermanshah, Iran

2- Assistant Professor, Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Ilam University, Ilam, Iran

3- Assistant Professor, Laboratory and Clinical Sciences Department, Faculty of Para-Veterinary, Ilam University, Ilam, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ajavad65@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۴/۲۸ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۲/۱۹)

چکیده

در این تحقیق به‌منظور بررسی اثر نشانگرهای ژنتیکی در افزایش پاسخ به انتخاب و کاهش میزان هم‌خونی برای صفات وزن بدن تا ۲۸ روزگی در بلدرچین‌های ژاپنی از شبیه‌سازی قطعی استفاده شده است. مقادیر واریانس QTL مورد نظر برای صفات وزن بدن در زمان تولد، یک، سه و چهار هفتگی به‌ترتیب برابر ۱/۲۵، ۱/۶۳، ۱/۱۸ و ۱/۱۳ منظور شد. مقدار افزایش پاسخ به انتخاب بر اثر منظور نمودن مقادیر واریانس QTL صفات مورد نظر (RQTL) نسبت به حالت بدون استفاده از اطلاعات QTL (Rbase) به‌ترتیب ۳/۱۶، ۲/۹۲، ۳/۱۰ و ۴/۰۵ درصد به‌دست آمدند. بیشترین مقدار افزایش پاسخ به انتخاب برای صفت وزن بدن در چهار هفتگی بود که یکی از دلایل آن را می‌توان به کمتر بودن وراثت‌پذیری نسبت به دیگر صفات وزن بدن نسبت داد. مقادیر هم‌خونی نیز با استفاده از اطلاعات نشانگر کاهش یافت که این مقادیر زیر یک درصد بودند که برای برنامه‌های اصلاح نژاد طیور مقداری بهینه است. همچنین یکی از دلایل کاهش ضریب همخونی انتخاب پرندگان نر برای صفت وزن بدن صرفاً بر اساس اطلاعات فردی است. بنابراین استفاده از اطلاعات نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی بلدرچین‌ها نه تنها برای صفات مشکل از نظر اندازه‌گیری بلکه برای صفات وزن بدن نیز مناسب است البته سودمندی استفاده از اطلاعات نشانگر به تجزیه و تحلیل اقتصادی برنامه‌های اصلاح نژادی نیز بستگی خواهد داشت.

واژه‌های کلیدی

برنامه اصلاح نژاد
بلدرچین ژاپنی
پاسخ به انتخاب
صفات وزن بدن
نشانگرهای ژنتیکی

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

مقدمه

بلدرچین ژاپنی (*Coturnix japonica*) در حدود قرن یازدهم به‌عنوان یک پرنده خانگی اهلی شد. این پرنده به طبقه گالیفرم‌ها و خانواده فازیانیده تعلق دارد (Crawford 1993). یک منبع خوبی برای تولید پروتئین حیوانی است و پرورش تجاری آن نقش مهمی در صنعت جهانی طیور دارد (Baumgartner 1994; Panda and Singh 1990). صفات وزن بدن و نرخ رشد در دهه‌های اخیر به‌شدت مورد انتخاب قرار گرفته چرا که از صفات اقتصادی مهم در برنامه‌های اصلاحی محسوب می‌شوند (Sohrabi et al. 2012). بررسی‌های زیادی، طبیعت پلی‌ژنیک رشد در بلدرچین ژاپنی را اثبات کرده‌اند (Akbas et al. 2004; Narinc et al. 2010; Vali et al. 2005). در مطالعه‌ای گزارش شد که همبستگی‌های ژنتیکی برای صفات وزن بدن در بلدرچین بیشتر از همبستگی‌های محیطی دائمی و فنوتیپی است (Akbas et al. 2004). در یک مطالعه گزارش شد که همبستگی‌های ژنتیکی میان صفات وزن بدن در سنین مختلف مثبت و بالا می‌باشد (Vali et al. 2005). در مطاله دیگر گزارش شد که همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی پارامترهای نمودار رشد در بلدرچین ژاپنی نسبتاً بالا می‌باشد (Narinc et al. 2010). علی‌رغم مطالعات انجام شده در این زمینه، بررسی‌های اندکی در رابطه با شناسایی گروه‌های پیوستگی انجام شده است و همچنین تعداد اندکی از ژن‌های کنترل کننده صفات مهم اقتصادی در این گونه نقشه‌یابی شده است (Tsudzuki 2008). اطلاعات حاصل از جایگاه‌های کنترل کننده صفات کمی (QTL[1]) می‌تواند برای افزایش پیشرفت ژنتیکی و همچنین افزایش قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی به‌وسیله کاهش فاصله نسل و افزایش شدت انتخاب به‌کار رود این امر بدین مفهوم است که نشانگرهای مذکور با ژن‌های کنترل کننده صفت مورد نظر به‌طور مؤثری پیوسته هستند و می‌توانند در فرآیند انتخاب مورد استفاده قرار گیرند (Schrooten et al. 2005). توسعه نقشه‌های ژنتیکی بلدرچین با AFLP[2] (Roussot et al. 2003) و نشانگرهای ریزماهواره (Kayang et al. 2004) به‌عنوان راهی برای شناسایی QTLها برای صفات مختلف استفاده شده‌اند. البته قبل از تلاش برای شناسایی ژن‌های عمده و ورود آن‌ها به برنامه‌های اصلاح نژادی، آزمون شناسایی وجود QTL مشاهده شده در یک اسکن اولیه ژنوم به‌وسیله استفاده از جمعیت‌های مستقل ضروری می‌باشد (Spelman and Bovenhuis 1998). در یک بررسی روی یک جمعیت بلدرچین ژاپنی که به‌منظور شناسایی QTLهای مرتبط با صفات وزن بدن در سنین مختلف و همچنین صفات مربوط به ضریب تبدیل غذایی انجام شد، نتایج نشان داد که QTLهای مرتبط به این صفات را در فاصله ۰ تا ۲۳ سانتی‌مورگان روی کروموزوم شماره ۱ پیدا نمودند (Esmailizadeh et al. 2012). در مطالعه‌ای QTLهای مرتبط با وزن بدن تا سن ۲۸ روزگی در نواحی کاندیدا از ژنوم را در بلدرچین ژاپنی بررسی، نتایج نشان داد که مقادیر واریانس QTL متفاوتی برای صفات وزن بدن در سنین مختلف وجود داشت (Rezvannezhad et al. 2012). بنابراین استفاده از اطلاعات QTL سبب افزایش پاسخ به انتخاب ژنتیکی برای صفات اقتصادی می‌شود که این افزایش به مقدار واریانس ژنتیکی بیان شده به‌وسیله QTL بستگی دارد. لذا هدف تحقیق حاضر بررسی استفاده از اطلاعات QTL برای صفات وزن بدن تا ۲۸ روزگی روی پاسخ به انتخاب ژنتیکی و نرخ هم‌خونی در بلدرچین‌های ژاپنی با استفاده از برنامه شبیه‌سازی قطعی است.

مواد و روش‌ها

یک جمعیت با نسل‌های مجزا شبیه‌سازی شد که در آن ۵۰ نر با ۲۰۰ ماده با نسبت ۱ نر به ٤ ماده به‌طور تصادفی آمیزش می‌یابند. هر ماده ٢٤ نتاج که شامل ۱۲ نر و ۱۲ ماده و هر نر نیز ٤٨ نتاج از هر جنس تولید کردند. کل تعداد نتاج هر جنس شامل ٢٤٠٠ (١٢×٤٠٠) نتاج بود. در میان نتاج، بهترین نرها و ماده‌ها به‌عنوان والدین نسل بعد انتخاب شدند. در ابتدا ۵۰ نر از میان ٢٤٠٠ نتاج (P_m=۰/۰۲۰) و ۲۰۰ ماده از میان ٢٤٠٠ نتاج قابل دسترس (P_f=۰/۰۸۳) انتخاب شدند. برای تشکیل جمعیت پایه فرض شده است که جمعیت بزرگ و در تعادل هاردی-واینبرگ بوده و همچنین در تعادل فاز گامتی است. اطلاعات QTL در ارزش

[1] Quantitative trait loci
[2] Amplified fragment length polymorphism

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

ژنوتیپی کل به‌عنوان یک صفت که با وزن بدن همبستگی داشته و وراثت‌پذیری معادل ۱ دارد مدنظر قرار گرفت. فرض دیگر عدم وجود اثرات پلیوتروپی بین QTL وزن بدن و صفات موجود در شاخص انتخاب بود، در نتیجه همبستگی صفر فرض شد. همچنین همبستگی بین QTL و اجزای پلی‌ژنیک در نسل پایه نیز صفر فرض شده است. همبستگی بین QTL و وزن بدن به مقدار اثر QTL (q) بستگی داشته و مقدار اثر آن نمایانگر بخشی از واریانس ژنتیکی صفت وزن بدن بوده که به‌وسیله QTL فرضی بیان می‌شود. جهت محاسبه همبستگی ژنتیکی وزن بدن با QTL و اجزای پلی‌ژنیک از روابط $\sqrt{q}$ و $\sqrt{1-q}$ استفاده شد. همبستگی فنوتیپی وزن بدن با QTL و اجزای پلی‌ژنیک به‌ترتیب از روابط $\sqrt{q \times h^2_{BW}}$ و $\sqrt{(1-q) \times h^2_{BW}}$ به‌دست آمدند (Schrooten et al. 2005). پیش‌بینی میزان پیشرفت ژنتیکی و نرخ هم‌خونی به‌وسیله شبیه‌سازی قطعی برنامه انتخاب تک مرحله‌ای با نسل‌های مجزا و با استفاده از نرم‌افزار SelAction (Rutten et al. 2002) انجام شد. این برنامه نرخ پیشرفت ژنتیکی را با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی چند صفتی محاسبه می‌کند (Villanueva et al. 1993). همچنین مقدار کاهش در واریانس ناشی از انتخاب را نیز در نظر می‌گیرد (Bulmer 1971) و شدت انتخاب را برای اندازه جمعیت محدود و همبستگی بین ارزش‌های شاخص اعضای خانواده را تصحیح می‌کند (Meuwissen 1991). در این برنامه فرض بر آن است که ساختار آمیزشی به‌صورت سلسله مراتبی و تصادفی است و پیش‌بینی نرخ هم‌خونی بر اساس تئوری سهم ژنتیکی بلند مدت است (Wray and Thompson 1990).

مواد و روش‌ها

اثرات QTL شناسایی شده در این بررسی بر اساس نتایج رضوان نژاد و همکاران برای صفات وزن بدن در سنین مختلف در بلدرچین‌های ژاپنی بوده است (Rezvannezhad et al. 2012). همان‌طور که در جدول ۲ مشاهده می‌کنید مقادیر واریانس QTL برآورد شده برای همه صفات در حدود ۱ درصد بوده و این مقدار سبب افزایش پاسخ به انتخاب برای صفات وزن بدن شده است. بیشترین مقدار افزایش رشد ژنتیکی نسبت به حالت پایه (بدون استفاده از اطلاعات QTL) برای صفت وزن بدن در ٤ هفتگی بوده که برابر ٤/۰۵ درصد برآورد شده است (جدول ۲). یکی از دلایل بیشتر بودن افزایش پاسخ به انتخاب برای صفت وزن بدن در ٤ هفتگی را می‌توان کمتر بودن مقدار وراثت‌پذیری آن (۰/۰٦) در مقایسه با دیگر صفات وزن بدن دانست. این مقادیر نشان می‌دهند که برای صفات وزن بدن حتی اگر QTL درصد کمی از واریانس را توجیه کند رشد ژنتیکی مناسبی حاصل خواهد شد. افزایش پاسخ به انتخاب بر اساس اطلاعات QTL توسط محققین مختلفی بررسی شده است. محققین برای گاو شیری ذکر کردند که هنگامی که QTL مورد استفاده از ۵ تا ۵۰ درصد واریانس ژنتیکی صفات اقتصادی را بیان می‌کنند پاسخ اقتصادی از ۵ تا ۲۲ درصد افزایش نشان می‌دهد (Schrooten et al. 2005).

جدول ۱- ضرایب وراثت‌پذیری روی قطر، همبستگی ژنتیکی بالای محور قطر و همبستگی فنوتیپی پایین محور قطر

صفت	BW0	BW1	BW2	BW3	BW4
BW0	۰/۰۸±۰/۳۱	۰/۰۸±۰/۵۳	۰/۰۹±۰/٤٦	۰/۰۹±۰/٤۰	۰/۰۵±۰/٤٤
BW1	۰/۱۸±۰/٦۱	۰/۱۱±۰/٤۸	۰/۰٦±۰/۵۹	۰/۰٤±۰/۵۰	۰/۰٤±۰/۵۳
BW2	۰/۱۹±۰/٤۹	۰/۱۳±۰/٦٦	۰/۱۲±۰/٤۰	۰/۰۲±۰/۵۹	۰/۰۲±۰/۵۹
BW3	۰/۱۹±۰/۵٤	۰/۰۸±۰/۷۰	۰/۰۵±۰/۷۷	۰/۰۸±۰/۵۷	۰/۰۲±۰/۷۹
BW4	۰/۱۰±۰/۵۸	۰/۱۰±۰/۷۳	۰/۰۵±۰/۷۸	۰/۱۲±۰/۹۷	۰/۰٦±۰/٦۳

وزن بدن در زمان تولد (BW0)، یک هفتگی (BW1)، دو هفتگی (BW2)، سه هفتگی (BW3) و چهار هفتگی (BW4)

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

جدول ۲- مقادیر پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب بر پایه ارزش‌های اصلاحی برآورد شده به روش BLUP و به‌همراه اطلاعات QTL

صفت[1]	QTL واریانس[2] (٪)	رشد ژنتیکی		افزایش رشد ژنتیکی[3] (٪)
		BLUP	QTL	
BW0	۱/۲۵	۰/۱۵۸	۰/۱۶۳	۳/۱۶
BW1	۱/۶۳	۰/۷۱۷	۰/۷۳۸	۲/۹۲
BW3	۱/۱۸	۲/۱۲۹	۲/۱۹۵	۳/۱۰
BW4	۱/۱۳	۲/۷۶۲	۲/۸۷٤	٤/۰۵

[1] وزن بدن در زمان تولد (BW0)، یک هفتگی (BW1)، سه هفتگی (BW3) و چهارهفتگی (BW4)

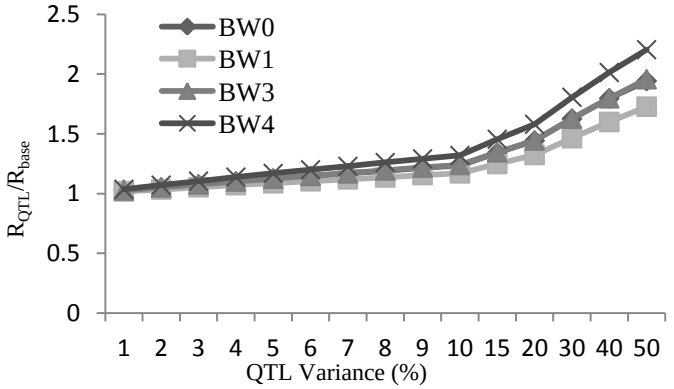
[2] درصد کل واریانس توجیه شده به‌وسیله QTL

[3] درصد پاسخ بیشتر ناشی از منظور نمودن اطلاعات QTL، $(R_{QTL}-R_{base}/R_{base})\times 100$

در مطالعه‌ای حساسیت به آسیت را هنگامی که QTLهای مرتبط تنها ۵ درصد از واریانس ژنتیکی را بیان کردند کنترل شد (Pakdel et al. 2005). گروهی از بررسی‌های انجام شده بر روی انتخاب تک مرحله‌ای متمرکز شده‌اند که در این بررسی‌ها برآوردها برای افزایش پیشرفت ژنتیکی از ٦- درصد (Spelman and Garrick 1997) تا ۱۰۵+ درصد (Spelman et al. 1999) بوده‌اند.

استفاده از اطلاعات QTL در برنامه‌های اصلاح نژادی منوط به شناسایی QTLها در جمعیت‌های متفاوت و مستقل است. QTLهای استفاده شده در این تحقیق در بررسی‌های مختلفی برای صفات وزن بدن تایید شده است (Rezvannezhad et al. 2012). وزن بدن در سنین مختلف به آسانی قابل اندازه‌گیری بوده و می‌تواند به‌عنوان یک پارامتر در شاخص رشد به‌کار گرفته شود (Francesch et al. 1997) بنابراین استفاده از روش‌هایی که سبب افزایش رشد ژنتیکی برای این صفات شود سرعت برنامه‌های اصلاح نژادی را بهبود می‌بخشد. البته سودمندی استفاده از MAS[1] به هزینه برنامه‌های اصلاح‌نژادی با کمک نشانگرها و سود حاصل از پیشرفت ژنتیکی که در نتیجه استفاده از اطلاعات QTL به‌دست می‌آید، بستگی دارد. هنگامی که بخش بیشتر واریانس توسط اطلاعات QTL توجیه می‌شود این افزایش پاسخ به انتخاب به میزان زیادی افزایش می‌یابد که این افزایش به‌صورت خطی است (شکل ۱).

هنگامی که اطلاعات QTL حدود ۵۰ درصد از واریانس ژنتیکی را توجیه می‌کند افزایش پاسخ به انتخاب برای صفات وزن بدن در زمان تولد، یک هفتگی، سه هفتگی و چهار هفتگی به‌ترتیب برابر ۹٤/۳، ۷۲/۸، ۹۵/۵ و ۱۲۰ درصد به‌دست آمدند (شکل ۱) که این افزایش پاسخ به انتخاب به‌صورت نسبت پاسخ به‌دست آمده بر اساس اطلاعات QTL (R_{QTL}) به پاسخ ناشی از انتخاب بدون استفاده از اطلاعات QTL (R_{base}) بیان شده‌اند. برنامه‌های اصلاح نژادی بر پایه MAS معمولا پیشرفت ژنتیکی مناسبی را در چند نسل اول ایجاد می‌کنند ولی به‌دلیل کاهش تنوع ناشی از QTL در اثر انتخاب، میزان پیشرفت ژنتیکی این نوع برنامه‌های اصلاحی در بلند مدت کاهش می‌یابد (Dekkers and Hospital 2002).



شکل ۱- نسبت پاسخ به انتخاب بر اساس مقادیر مختلف واریانس QTL به انتخاب بر اساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شده به روش BLUP برای صفات وزن بدن تا ۲۸ روزگی

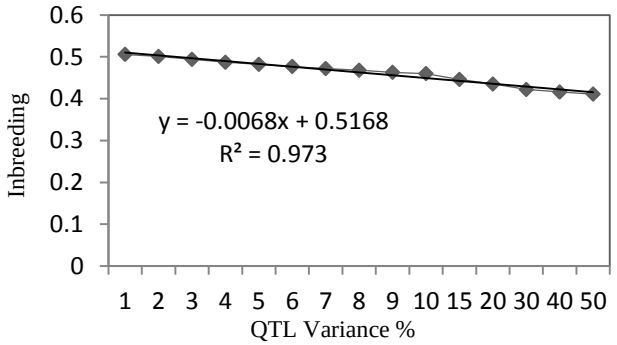
[1] Marker assisted selection

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

در مطالعه‌ای لاین‌های مورد استفاده برای وزن بدن در سن ٤ هفتگی به‌صورت کوتاه مدت مورد انتخاب قرار گرفتند (Rezvannezhad et al. 2012). بنابراین استفاده از اثرات QTLهای مورد نظر سبب حصول پیشرفت ژنتیکی قابل قبولی برای صفات وزن بدن می‌شوند بدون اینکه کاهش زیادی در واریانس ژنتیکی این صفات ایجاد شود.

اثر برنامه‌های حاوی اطلاعات نشانگر بر میزان هم‌خونی

در بررسی حاضر مقادیر هم‌خونی زیر ۱ درصد بودند (شکل ۲). منظور نمودن اطلاعات نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی همچنین سبب کاهش مقادیر هم‌خونی می‌شوند (Dekkers and Hospital 2002). دلیل کاهش ضریب همخونی، انتخاب پرندگان نر برای صفت وزن بدن بر اساس اطلاعات فردی است، در حالی‌که در برنامه‌های اصلاحی بر پایه ارزش‌های اصلاحی حاصل از روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی انتخاب نرها علاوه بر اطلاعات فردی بر اساس رکورد خواهران تنی و ناتنی نیز انجام می‌شود که سبب افزایش همبستگی شاخص اعضای خانواده شده و بنابراین هم‌خونی افزایش می‌یابد.



شکل ۲- میزان هم‌خونی ناشی از منظور نمودن مقادیر مختلف واریانس QTL

پیشنهاد شده است که نرخ هم‌خونی در برنامه‌های اصلاحی طیور در زیر یک درصد باقی بماند (Morris and Epollott 1997) البته در این بررسی فرض شده بود که آمیزش‌ها به صورت تصادفی است و در صورتی‌که از اطلاعات تنی و ناتنی استفاده شود این میزان به بیشتر از یک درصد افزایش می‌یابد. در این راستا راه‌های زیادی برای کاهش هم‌خونی به یک درصد پیشنهاد شده است. در یک بررسی ابزار انتخاب پویا برای حداکثر کردن پیشرفت ژنتیکی با محدود کردن میزان هم‌خونی ارائه شد (Meuwissen 1991). به گونه‌ای که تعداد والدین و تعداد نتاج به ازای هر والد می‌تواند متفاوت بوده و به تعداد کاندیداهای قابل دسترس برای انتخاب وابسته است.

نتیجه‌گیری کلی

استفاده از انتخاب به‌کمک نشانگر برای صفاتی که دارای وراثت‌پذیری پایین بوده و یا اندازه‌گیری رکوردهای فنوتیپی برای آن‌ها مشکل و پرهزینه می‌باشد مفید است اما در بررسی حاضر نیز نشان داده شد با توجه به اینکه صفات وزن بدن از جمله صفاتی هستند که اندازه‌گیری آن‌ها آسان است استفاده از اطلاعات نشانگرها برای این صفات سبب افزایش پیشرفت ژنتیکی به‌طور معنی‌داری می‌شوند همچنین از طرفی سبب کاهش میزان هم‌خونی در برنامه‌های اصلاح نژادی خواهند شد. بنابراین استفاده از اطلاعات نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی بلدرچین‌ها نه تنها برای صفات مشکل از نظر اندازه‌گیری بلکه برای صفات وزن بدن نیز مناسب است البته سودمندی استفاده از اطلاعات نشانگر به تجزیه و تحلیل اقتصادی برنامه‌های اصلاح نژادی نیز بستگی خواهد داشت.

منابع

Akbas Y, Takama C, Yaylak E (2004) Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. South African Journal of Animal Science, 34:104-109.

Baumgartner J (1994) Japanese quail production, breeding and genetics. World's Poultry Science. J 50:227-235.

Bulmer MG (1971) The effect of selection on genetic variability. The American Naturalist 105:253-266.

Crawford RD (1993) Poultry breeding and genetics. Elsevier, Amsterdam. 990pp.

Dekkers JCM and Hospital F (2002) The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. Nature *Reviews* Genetics 22:22-32.

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 Production Science 52:64-68.

Francesch A, Estany J, Alfonso L and Iglesias M (1997) Genetic parameters for egg number, egg weight and egg

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

shell in three Catalan poultry breeds. Poultry Science 76:1627-1631.
Kayang BB, Vignal A, Inoue-Murayama M, Miwa M, Monvoisin JL, Ito S and Minvielle F (2004) A first generation micro satelite linkage map of the japaneas quail. Animal Genetics 35:195-200.
Meuwissen THE (1991) Reduction of selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. Biometrics 47:195-203.
Morris AJ and EPollott G (1997) Comparison of selection based on phenotype, selection index and best linear unbiased prediction data from a closed broiler line. British Poultry Science 38:249-254.
Narinc D, Aksoy T, and Karaman E (2010) Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in japanese quails (Coturnix coturnix japonica). Journal of Animal and Veterinary Advance 9:501-507.
Pakdel A, Bijma P, Ducro BJ, and Bovenhuis H (2005). Selection strategies for body weight and reduced ascites susceptibility in broilers. Poultry Science 84:528-535.
Panda B. and Singh RP (1990) Developments in processing quail. World's Poultry Science 46:219-234.
Rezvannezhad A, Pakdel A, Mirae Ashtiyani SR, Mehraban H and Yaghoobi MM (2012) Evaluation of QTLs related to body weight traits up to 28 days old in Candida regions of the genome in Japanese quail. Iranian Journal of Animal Science (IJAS). 3:423-430. (In Farsi).
Roussot O, Fève K, Plisson-Petit F, Pitel F, Faure JM, Beaumont C and Vignal A (2003) AFLP linkage map of the Japanese quail Coturnix japonica. Genetic Selection Evolution 35:559-572
Rutten MJM, Bijma P, Woolliams JA and van Arendonk JAM (2002) SelAction: software to predict selection response and rate of inbreeding in livestock breeding programs. Journal of Heredity 93:456-458.
Schrooten C, Bovenhuis H, van Arendonk JAM and Bijma P (2005) Genetic progress in multistage dairy cattle breeding schemes using genetic markers. Journal of Dairy Science 88:1569-1581.
Sohrabi SS, Esmailizadeh AK, Baghizadeh CA, Moradian H, Mohammadabadi M, Askari N and 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.
Spelman RJ and Bovenhuis H (1998) Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programs. Animal Genetics 29:77-84.
Spelman RJ and Bovenhuis H (1998) Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programs. Animal Genetics 29:77-84.
Spelman RJ and Garrick DJ (1997) Utilisation of marker assisted selection in a commercial dairy cow population. Livestock production Science 47:139-147.
Spelman RJ, Garrick DJ, and van Arendonk JAM (1999) Utilisation of genetic variation by marker-assisted selection in commercial dairy cattle populations. Livestock Production Science 59:51-60.
Tsudzuki M (2008) Mutations of Japanese quail (coturnix japonica) and recent advances of molecular genetics for this species. Journal Poultry Science 45:159-179.
Vali N, Edriss MA and. Rahmani HR (2005) Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. International Journal Poultry Science 4:296-300.
Villanueva B, Wray NR and Thompson R (1993) Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased predictors. Animal Production 57:1-13.
Wray NR and Thompson T (1990) Prediction of rates of inbreeding in selected populations. Genetic Research 55:41-54.

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