



"مقاله پژوهشی"

مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات وزن بدن روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی

منصوره بازگیرمقدم^۱، غلامرضا داشاب^۲، علی مقصودی^۳، محمد رکوعی^۴ و راحله خانه‌گیر^۵

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل
۲- دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، (نویسنده مسئول: dashab@uoz.ac.ir)

۳- دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

۴- دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

۵- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۴/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۵/۱۹

صفحه: ۱۷۲ تا ۱۸۵

چکیده

هدف از انجام این پژوهش مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات وزن بدن از هج تا ۴۵ روزگی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی است. برای منظور از یک جمعیت آمیخته بلدرچین حاصل از یک الگو تلاقی چهار نسلی استفاده شد. چهار سویه Tuxedo و Italian Speckled، Wild، A and M Texas بلدرچین ژاپنی دو به دو و رفت و برگشتی تلاقی داده شدند و نسل اول ایجاد شد. سپس از تلاقی پرندگان دو رگه، جمعیت نقشه‌یابی شامل نسل‌های دوم، سوم و چهارم ایجاد شدند. نمونه‌های خون جهت استخراج DNA و تکثیر نشانگرهای ریزماهورهای روی کروموزوم یک از ورید زیر بال در لوله‌های حاوی EDTA ۰/۵ درصد جمع‌آوری شدند. مشاهدات شامل رکوردهای وزنی از تولد تا ۴۵ روزگی با فاصله ۵ روز بودند. اثرات نشانگرها و مؤلفه‌های واریانس با سه مدل افزایشی، غالبیت و افزایشی- غالبیت با رویه AI-REML نرم‌افزار GVCBLUP انجام گرفت. بر اساس میزان برآورد آثار نشانگری، نقطه‌ای که بالاترین مقدار آماره F را دارا بود به عنوان مکان QTL گزارش شد. نتایج تجزیه QTL در مدل افزایشی برای صفات وزن هج، ۵ و ۳۰ روزگی بیانگر وجود QTLهای مؤثر بر صفات وزن بدن در انتها، QTLهای صفات وزنی ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی در میانه و برای صفت وزن در ۳۵ روزگی در ابتدای کروموزوم یک بودند. در مدل غالبیت، QTLهای مؤثر بر صفات وزن بدن شامل زمان هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی در میانه و برای صفات وزن ۲۰، ۲۵ و ۳۰ روزگی در انتهای کروموزوم یک شناسایی شدند. درصد واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت به واسطه نشانگرها در مدل‌های مختلف به ترتیب در دامنه ۰/۱۷ تا ۹/۴ درصد و ۳/۳ تا ۲۳/۳ درصد تغییرات کل بودند. بنابراین، نتایج این تحقیق وجود حداقل دو جایگاه ژنی متمایز با کارکرد افزایشی و غالبیت مؤثر بر صفات وزن بدن روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی را تأیید می‌نماید.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی، پویس ژنومی، دی آلل، صفات وزن بدن

مقدمه

موفقیت طرح‌های اصلاح نژادی وابسته به تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها است. با نگرش به پیشرفت‌هایی که در ژنتیک مولکولی ایجاد شده، در اصلاح دام بهره‌گیری از نشانگرهای DNA به دلیل تحت تأثیر قرار نگرفتن از شرایط محیطی، عرصه‌های مناسبی جهت بررسی صفات مهم در دام‌ها و پیدا کردن دقیق و سریع ژن‌های صفات تولیدی را فراهم کرده است. پرورش دهندگان برای رسیدن به حیوانات اهلی با تولید بالا که در برابر شرایط نامساعد مقاوم باشند، از تنوع ژنتیکی استفاده می‌کنند و شناسایی این آلل‌ها منجر به شناسایی ژن‌های بهتر برای اصلاح نژاد حیوانات می‌شود.

امروزه مهندسی ژنتیک با مطالعه دانش کامل ژن‌ها و نقش دقیق آن‌ها در فرآورده‌های حیوانات و بیماری‌ها و نحوه تبدیل آن‌ها در سطح مولکولی، ژن‌ها را بررسی می‌کند تا در زمان کمتری بتوانیم حیواناتی با ژنوتیپ برتر را پیدا کنیم (۲۳). بنابراین می‌توان گفت هر نژاد جمع بی‌نظیری از ژن‌ها است که ذخیره ژنتیکی آن نژاد را می‌سازند. با نگهداری نژادهای کامل یک گونه که حداکثر تفاوت ژنتیکی را دارند، تنوع ژنتیکی بیشتری را نگهداری می‌کند. این مدل‌ها

نژادهایی را شامل می‌شوند که دارای ترکیبات آلی بی‌نظیر هستند. توصیف کامل تفاوت ژنتیکی بین هر دو نژاد غیرممکن است، ولی ساختارهای ژنتیکی جمعیت‌ها بهترین توصیف را برای توضیح تفاوت ژنتیکی آن‌ها در اختیار قرار می‌دهد. جست و جو منابع ژنتیکی و استفاده از مدل‌های جدید اصلاح نژاد یکی از راه‌های سودمند در افزایش کیفی بهره‌برداری تولیدات دامی هر کشور به حساب می‌آید.

پیدایش فناوری نشانگرهای مولکولی و توسعه آن در سال‌های گذشته وسیله قدرتمندی را برای متخصصان اصلاح نژاد پدید آورده است. از طریق این نشانگرها می‌توان صفات ژنتیکی را که تجزیه آن‌ها با روش‌های رایج اصلاح دام دشوار است، ارزیابی و ژن‌های این صفات را مکان‌یابی نمود (۲). مکان‌یابی جایگاه صفات کمی (QTL) روشی بی‌واسطه برای گزینش ژن‌های مرغوب به دلیل ارتباط آن‌ها با نشانگرهای مولکولی است. تعیین و تفکیک ژن‌های کنترل‌کننده این صفات موجب افزایش اطلاعات علمی در رابطه با ژن‌ها، کارآزموده شدن برنامه‌های اصلاح نژادی بر اساس استفاده از نشانگرها می‌شود (۱۷).

خاصی از اثرات ژنتیکی در نظر گرفته شده است که در تمام طرح‌های تجربی قابل ارزیابی نیست و به نوع خاصی از جمعیت نیاز دارد. برای برآورد تأثیرات غالبیت، جمعیت F2 مورد نیاز است و در طرح‌های دیگر قابل بررسی نیست. بعضی از جوامع به دلیل کمبودها قابل استفاده نیستند.

مطالعاتی برای شناسایی QTL‌های مرتبط با صفات اقتصادی در بلدرچین صورت گرفته است (۳۰، ۲۴، ۲۲، ۱۴، ۱۰). با توجه به این که کروموزوم یک بزرگترین کروموزوم در بلدرچین ژاپنی است، نیازمند پوشش بیشتر در سایر نواحی این کروموزوم به منظور شناسایی جایگاه‌های ژنی کنترل کننده صفات رشد در بلدرچین ژاپنی است. در مطالعه‌ای بر روی یک جمعیت حاصل از تلاقی دو سویه بلدرچین ژاپنی، QTL‌های معنی‌داری برای صفات رشد شامل وزن بدن در زمان هج و چند صفت مرتبط با رشد بر روی کروموزوم یک گزارش نمودند (۱۶).

طی مطالعه‌ای در یک طرح F2 در بلدرچین ژاپنی با تلاقی دو سویه حاصل از تلاقی دوطرفه، QTL‌های مؤثر بر صفات لاشه بر روی کروموزوم یک بلدرچین ژاپنی را گزارش کردند (۲۵). همچنین در مطالعه‌ای به منظور تشخیص QTL‌های انجام شده بر روی وزن بدن در سنین مختلف بر روی کروموزوم یک در خانواده ناتنی نژاد بلدرچین ژاپنی، QTL قابل توجهی برای صفات وزن سه، چهار، پنج و شش هفتگی و میانگین افزایش وزن روزانه سه تا چهار هفتگی، میانگین افزایش وزن روزانه تولد تا شش هفتگی و نسبت کلیبر به ترتیب در موقعیت‌های ۵، ۴، ۱۶، ۴، ۱۱، ۱۱ و ۱۸ سانتی مورگان گزارش شدند (۱۰).

در مطالعه دیگری برای شناسایی مکان‌های ژنی که بر صفات رشد و عدم تقارن در استخوان متاتارسوس^۱ در قالب یک طرح سه نسلی حاصل از تلاقی دو بلدرچین مختلف ژاپنی (تخمگذار یا سفید و گوشتی یا وحشی) انجام شد، شش جایگاه ژنی بر روی کروموزوم شماره یک گزارش گردید که واریانس ناشی از جایگاه‌های ژنی بر روی کروموزوم شماره یک در دامنه بین ۰/۳۷ تا ۵/۲۹ واریانس فنوتیپی برای صفات مختلف بودند (۳۲).

ایرانمنش و همکاران (۱۳) در مطالعه‌ای بر اساس یک طرح سه نسلی در جمعیت بلدرچین ژاپنی بیانگر دو QTL معنی‌دار برای صفات افزایش وزن از هج تا یک هفتگی و نسبت کلیبر به ترتیب در موقعیت ۲۱ و ۱۸ سانتی‌مورگان بود. در مطالعه‌ای دیگر به منظور مکان‌یابی جایگاه‌های کنترل کننده صفات کمی، QTL‌هایی برای صفات رشد و مصرف غذا بر روی کروموزوم یک، تولید تخم بر روی کروموزوم شش، عدم تحرک ناشی از ترس بر روی کروموزوم یک و دمای بدن بر روی کروموزوم‌های ۱ و ۳ گزارش نمودند (۲۲).

ایرانمنش و همکاران (۱۲) پوشش کروموزوم شماره ۵ بلدرچین ژاپنی و شناسایی QTL‌های مؤثر بر رشد در یک جمعیت F2 بود. به منظور شناسایی QTL‌های مؤثر بر صفات رشد از یک طرح سه نسلی، F2 حاصل از تلاقی متقابل دو سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی و تشکیل نسل دوم

در سال‌های اخیر، پژوهشگران توجه زیادی به نشانگرهای ریزماهورای نموده‌اند. کاربرد این نشانگرها در تهیه نقشه‌های ژنومی دارای اهمیت زیادی بوده است (۳۷). با آماده کردن نقشه‌های پیوستگی این نشانگرها در گونه‌های مختلف مطالعات بسیاری در زمینه مکان‌یابی QTL‌ها و ژن‌ها انجام گرفته است (۳۳، ۲۷).

مطالعات بسیار زیادی در زمینه نقشه‌یابی QTL‌های مرتبط با صفات اقتصادی شامل رشد و کیفیت لاشه در مرغ انجام شده است، اما گزارش‌های مربوط به QTL‌های رشد و صفات وزن بدن در بلدرچین ژاپنی بسیار محدود است (۲۶، ۲۱، ۱۵، ۱).

از آنجا که شناسایی تعداد دقیق و مکان ژن‌هایی که صفات کمی را کنترل می‌کنند دشوار است و بعضی از این ژن‌ها هنوز تشخیص داده نشده‌اند، بنابراین از اصطلاح QTL^۱ استفاده می‌کنند. QTL در واقع قسمتی از ژنوم حیوان است که تنوع را در دام‌های مختلف ایجاد می‌کند. QTL می‌تواند یک ژن، قسمتی از یک ژن، تعداد زیادی ژن یا یک منطقه متصل به ژنی باشد که با ژن در تعادل باشد. از آنجا که بیش از یک QTL معمولاً در تنوع ویژگی برای یک صفت دخیل است، از اصطلاح QTLs^۲ استفاده می‌شود (۹).

تشخیص QTL‌ها و محل آن بر روی ژنوم و به علاوه اندازه‌گیری اثرات آن‌ها بر صفات کمی را تحلیل QTL می‌گویند. بر عکس فرضیات قبلی، پژوهشگران اصلاح دام پی‌بردند که قسمت قابل توجهی از تنوع صفات کمی تحت تأثیر تعداد کمی ژن یا QTL هستند که به این بخش از ژن‌های بزرگ اثر، QTL گفته می‌شود و بقیه مکان‌ها که تأثیر کمی در تجزیه QTL دارند در نظر گرفته نمی‌شود (۱۱). مفید بودن تجزیه و تحلیل QTL تحت تأثیر عواملی مثل نوع و اندازه جمعیت، تفاوت در فراوانی آللی بین والدین، نوع و تعداد صفات، نوع نشانگرها، موقعیت QTL و درجه عدم تعادل بین نشانگرها، میزان تأثیرات QTL و پراکندگی آن، از نرم‌افزارها، روش‌ها و مدل‌های آماری مختلف استفاده می‌شود. به دلیل تعداد کم مکان ژنی که تأثیر زیادی بر تنوع فنوتیپی دارند (۴)، لذا میزان اثرات QTL اندازه‌گیری شده کمتر از مقدار حقیقی است. اندازه جامعه در تشخیص QTL‌های کوچک نقش اساسی دارد. اندازه جمعیت لازم برای تشخیص QTL ارتباط مستقیمی با واریانس غیرژنتیکی درگیر در صفت کمی دارد و با درجه دوم اثر QTL رابطه معکوس دارد (۳۵).

مدل‌های آزمایشی برای تشخیص QTL در دام تحت تأثیر سیستم پرورش متقابل، تکنیک آماری، جمعیت ژنتیکی، هدف پروژه و تعداد و نوع اجزای قابل اندازه‌گیری می‌باشد، اما اصول همه برنامه‌ها ایجاد یک جمعیت جدید از تلاقی رگه‌های با هدف ایجاد عدم تعادل پیوند بین نشانگرها و بین نشانگرهای QTL با تجزیه و تحلیل QTL امکان‌پذیر است (۳۵، ۲۰). البته با توسعه‌های گذشته در روش‌ها و الگوهای آماری مورد استفاده در تحلیل QTL بسیاری از کمبودهای بیان شده رفع شده است، اما جهت انتخاب یک طرح آزمایشی باید به ملاحظات زیست‌شناسی، اقتصادی، ژنتیکی و آماری دقت کرد (۳۵). گاهی اوقات تحقیقات برای مطالعه نوع

1- Quantitative trait locus

2- Quantitative trait loci

3- Metatarsus

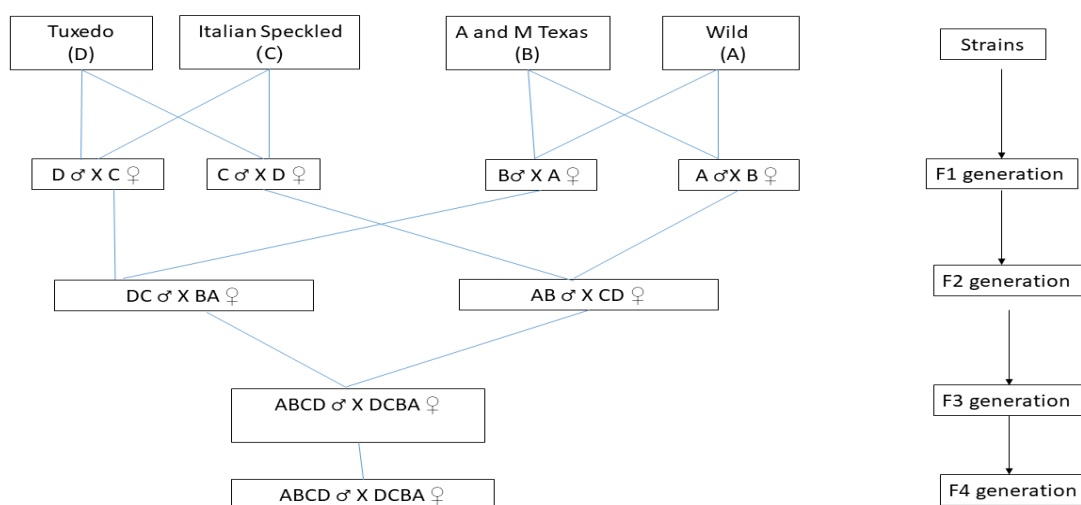
استفاده از اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای مجاور QTL می‌توان دقت و صحت برآورد ارزش اصلاحی دام‌ها را افزایش داد.

مواد و روش‌ها

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

استفاده گردید. با تلاقی ۳۴ پرند از نسل دوم با یکدیگر، ۴۲۲ پرند نسل سوم ایجاد شد. تمامی پرندگان هر سه نسل برای ۳ نشانگر ریزماهوره تعیین ژنوتیپ شدند. صفات مورد مطالعه، وزن بدن در زمان تولد و وزن زنده پرند در سنین یک تا پنج هفتگی بود. تجزیه QTL به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون انجام گردید. برای صفت وزن بدن در زمان تولد، وزن یک هفتگی و دو هفتگی، به ترتیب QTL‌های معنی‌دار در موقعیت‌های مختلف شناسایی شد. اگر چه اثر افزایشی، QTL‌های شناسایی شده معنی‌دار بود، اما اثرات غلبه و ایمپرینتینگ برای این صفات معنی‌دار نبود و واریانس افزایشی QTL‌های شناسایی شده برای صفات مختلف در محدوده ۱/۱ تا ۳/۶ قرار داشت.

در نهایت در مطالعه‌ای دیگر که به منظور شناسایی جایگاه‌های ژنی مؤثر بر صفات رشد و عدم تقارن در استخوان متاتارسوس در قالب یک طرح سه نسلی حاصل از تلاقی متقابل دو سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی (تخم‌گذار یا سفید و گوشتی یا وحشی) انجام شد، شش جایگاه ژنی بر روی کروموزوم شماره یک گزارش گردید که واریانس ناشی از جایگاه‌های ژنی بر روی کروموزوم یک در دامنه بین ۰/۳۷ تا ۵/۲۹ واریانس فنوتیپی برای صفات مختلف بودند (۳۱). بنابراین، هدف از مطالعه حاضر پویش ژنومی کروموزوم یک بلدرچین ژاپنی به منظور شناسایی QTL‌های مؤثر بر صفات وزن بدن می‌باشد. در صورت شناسایی QTL‌های مذکور و



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

Figure 1. Schematic of a four-generation crossbreeding plan from a four strains of Japanese quail

تغذیه جوجه‌ها از روز اول تا ۴۵ روزگی با یک رژیم غذایی متعادل مطابق با استانداردهای NRC شامل ۲۵ درصد پروتئین و ۲۹۰۰ کیلوکالری انرژی متابولیکی به ازای هر کیلوگرم تغذیه شدند. وزن جوجه‌ها از روز جوجه‌ریزی تا ۴۵ روز با مقیاس دیجیتالی با دقت ۰/۰۱ در فواصل پنج روزه انجام شد. در مجموع ۱۷۹۴ رکورد برای ۷۰ نر و ۷۲ ماده به دست آمد.

وزن بدن طی دوره‌های پنج روزه، بر روی تمام نتاج حاصل از نسل چهارم و فرزندان آنها اندازه‌گیری شدند. در هر نسل، جوجه‌ها در روز اول پس از جوجه‌ریزی و ارزیابی وزن توسط سنجاق قفل، برای ثبت شجره شماره‌گذاری شدند. دمای اتاق مرغ در هفته اول ۳۵ درجه سانتی‌گراد، در هفته دوم ۳۰ درجه سانتی‌گراد و در سایر هفته‌ها ۲۵-۲۰ درجه سانتی‌گراد بود. در طول دوره رشد، آب و خوراک به صورت آزاد در اختیار جوجه‌ها قرار گرفت و آنها یک برنامه نور ۲۴ ساعته داشتند.

و برای مطالعه مکان‌یابی استفاده شد (جدول ۱) تکثیر نشانگرهای مذکور با پرایمرهای اختصاصی (۳۷) و کیت مسترمیکس شرکت زیست فناوری زند (شرکت زیست فناوری زند، زابل) انجام گرفت. با بهینه‌سازی دمای واکنش، تکثیر (PCR) برای نشانگرهای مورد استفاده انجام شده و بر روی ژل آگارز ۵ درصد نمایان‌سازی شدند.

استخراج DNA به روش نمکی- دترجنت (۲۹) از خون کامل بلدرچین‌ها انجام گرفت. برای تعیین کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد استفاده شد.

با توجه به نقشه پیوستگی نشانگرهای ریزماهورهای بلدرچین ژاپنی (۱۶) تعداد سه نشانگر با فاصله مناسب انتخاب

جدول ۱- مشخصات پرایمرهای اختصاصی جهت تکثیر نشانگرهای ریزماهورهای روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی
Table 1. Specifications of specific primers for amplification of microsatellite markers on the chromosome 1 in Japanese quail

نام نشانگر	شماره کروموزوم	موقعیت بر حسب ساتی مورگان	توالی آغازگر پیشرو	توالی آغازگر پیرو
GUJ0055	۱	۰	5'-TTGACATACTTGGATTAGAGA-3'	5'-GCATACTGCAATATACCTGA-3'
GUJ0052	۱	۱۹	5'-ATGAGATATATAAGGAACCC-3'	5'-AAACTACCGATGTAAGTAAG-3'
GUJ0048	۱	۵۷	5'-GGATAGCATTTTCAGTCACGG-3'	5'-AACGCATACAAGTACTGGG-3'

بالا نقطه‌ای که حداکثر آماره F باشد به عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد.

محاسبه ساختارهای ژنتیکی و جمعیتی شامل فراوانی آللی و ژنوتیپی، میزان هتروزیگوسیتی از نرم‌افزار POPGENE (۳۶) میزان محتوای اطلاعات چندشکلی با نرم‌افزار PowerMarker 3.25 (۱۸) و تجزیه و تحلیل QTL با رویه AI-REML از نرم‌افزار GVCBLUP (۱۹) استفاده شد و براساس برآوردهای بدست آمده برای اثرات نشانگری با نرم‌افزار GVCBLUP، ترسیم گراف‌ها با نرم‌افزار SNPEVG (۳۴) انجام شد.

نتایج و بحث

تکثیر نشانگرهای ریزماهورهای واقع بر روی کروموزوم یک با پرایمرهای اختصاصی با موفقیت انجام گرفت و تصاویر حاصل از ژل آگارز فاقد دایمر و باندهای غیراختصاصی بودند (شکل ۱). دمای بهینه اتصال برای سه نشانگر GUJ0055، GUJ0052 و GUJ0048 به ترتیب ۵۴، ۵۲ و ۵۸ درجه سانتی گراد بودند و دامنه تغییرات انواع باندهای حاصل از تکثیر به ترتیب در دامنه ۱۸۳-۱۵۹، ۱۰۸-۹۶ و ۱۳۸-۱۳۰ جفت باز قرار داشتند.

جهت تعیین تعداد و اندازه باندهای تکثیر شده بر روی ژل آگارز از نرم‌افزار PHOTOCAP استفاده شد (۲).

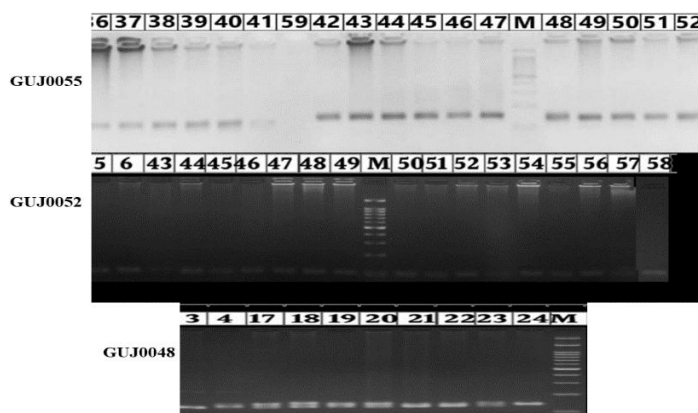
برآورد آثار نشانگرها و نقشه‌یابی مکان‌های ژنی بر پایه روش رگرسیون چندگانه نشانگرها در قالب الگوریتم AI-REML در قالب سه مدل افزایشی، غالبیت و افزایشی-غالبیت به شرح ذیل انجام گرفت:

$$Y = Xb + Tg + e \quad (۱)$$

$$Y = Xb + Wd + e \quad (۲)$$

$$Y = Xb + Tg + Wd + e \quad (۳)$$

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



شکل ۲- تصاویر باندهای حاصل از تکثیر نشانگرهای ریزماهورهای واقع بر روی کروموزوم یک با پرایمرهای اختصاصی در یک جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

Figure 2. Band images of amplification of microsatellite markers located on chromosome one with specific primers in a crossbred population of Japanese quail

جایگاه واقع بر روی کروموزوم یک بلدرچین ژاپنی چندشکل بودند. تعداد آلل‌های مشاهده شده و فراوانی آن‌ها برای سه جایگاه ریزماهورهای واقع بر روی کروموزوم یک در جمعیت آمیخته چهار نسلی حاصل از تلاقی چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی در قالب طرح دی آلل کراس در جدول ۲ ارائه شده است. باندهای مشاهده شده در هر جایگاه ریزماهورهای از کوچک به بزرگ با حروف بزرگ لاتین نامگذاری شدند.

معیارهای تعیین چندشکلی، فراوانی آلل‌ها، تعداد آلل‌های واقعی و تعداد آلل‌های مؤثر هستند. یک روش علمی برای تعریف چندشکلی تعیین آستانه‌ای برای فراوانی آلل‌های معمولی، یعنی مکان‌های چندشکلی است که در آن‌ها فراوانی متداول‌ترین آلل‌ها کمتر از ۰/۹۹ یا کمتر از ۰/۹۵ باشد. بودن هر دوی این محدودیت‌ها اختیاری است، اما اگر اندازه نمونه کافی باشد (تقریباً ۱۰۰ حیوان یا بیشتر) ۰/۹۹ بیشتر استفاده می‌شود. ناوانی و همکاران (۲۸) طبق این تعریف، هر سه

جدول ۲- فراوانی آللی در جایگاه‌های ریزماهورهای روی کروموزوم یک در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

GUJ0048	GUJ0052	GUJ0055	انواع باندها
۰/۰۷۷۶	۰/۵۲۵۹	۰/۰۱۷۲	A
۰/۵۳۴۵	۰/۳۴۴۸	۰/۲۰۹	B
۰/۳۲۷۶	۰/۱۲۹۳	۰/۳۸۷۹	C
۰/۰۴۳۱	—	۰/۲۲۴۱	D
۰/۰۱۷۲	—	۰/۱۴۶۶	E
—	—	۰/۰۱۷۲	F
۵	۳	۶	تعداد آلل مشاهده شده
۰/۴۹	۲/۴۳	۳/۷۷	تعداد الل مؤثر

جمعیت بررسی میزان عدم تعادل در نشانگرها می‌باشد. اگر جمعیت به اندازه کافی بزرگ باشد و آمیزش‌ها تصادفی باشند، در غیاب عوامل تغییردهنده فراوانی ژنی و ژنوتیپی در طی گذر از یک نسل به نسل دیگر ثابت باقی می‌مانند، اما در جمعیت‌های اصلاحی در نتیجه انتخاب و در جمعیت‌های کوچک در نتیجه رانش تصادفی این تعادل به هم می‌خورد. نتایج بررسی تعادل و عدم تعادل نشانگرها در جمعیت بلدرچین ژاپنی در جدول ۳ آورده شده است. بر اساس نتایج بدست آمده دو جایگاه ابتدایی یعنی GUJ0055 و GUJ0052 در عدم تعادل و نشانگر GUJ0048 در تعادل قرار داشت.

بیشترین فراوانی آللی در دو جایگاه GUJ0052 و GUJ0048 مربوط به آلل A و B بود، هر چند در جایگاه GUJ0055 آلل‌های B، C، D و E فراوانی در دامنه بین ۰/۱۴ تا ۰/۳۸ داشتند، اما سایر آلل‌ها فراوانی کمتری داشتند و آلل‌های با فراوانی کمتر از ۵ درصد به عنوان آلل‌های کمیاب در نظر گرفته شدند. آلل‌های B و C در جایگاه GUJ0052 فراوانی حدود ۰/۱۲ تا ۰/۳۴ داشت، در جایگاه GUJ0048 بیشترین فراوانی آللی مربوط به آلل B بود و آلل‌های A و C فراوانی در دامنه ۰/۰۷ تا ۰/۳۲ داشتند و سایر آلل‌ها فراوانی کمتری داشتند و جزء آلل‌های کمیاب محسوب می‌شوند. یکی از عوامل مؤثر بر تغییرات ژنتیکی و تکامل در یک

جدول ۳- میزان عدم تعادل در جایگاه‌های ریزماهورهای روی کروموزوم یک در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

جایگاه نشانگری	آزمون کای اسکور سطح احتمال	آزمون حداکثر درست‌نمایی سطح احتمال	نتیجه
GUJ0055	۰/۰۰۰۰۸۶	۰/۰۰۰۰۰۵	عدم تعادل
GUJ0052	۰/۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰	عدم تعادل
GUJ0048	۰/۸۰۸۱۴۸	۰/۷۰۲۱۳۹	تعادل

با عدد ۰/۹۶۵۵ و کمترین مقدار مربوط به نشانگر دوم با عدد ۰/۲۰۶۹ بودند. شاخص نئی یکی دیگر از معیارهای چندشکلی است که واقعی‌تر از میزان هتروزیگوسیتی می‌باشد.

میزان هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در سه جایگاه نشانگری واقع بر روی کروموزوم یک در جدول ۴ ارائه شده است. با توجه به نتایج به دست آمده، بالاترین میزان هتروزیگوسیتی مربوط به نشانگر اول است که

جدول ۴- هتروزیگوسیتی و هموزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در جایگاه‌های ریزماهورای روی کروموزوم یک در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

Table 4. The observed and expected Heterozygosity and homozygosity at microsatellite loci on the chromosome one in a crossbred population of *Japanese quail*

جایگاه نشانگری	هموزیگوسیتی مشاهده شده	هموزیگوسیتی مورد انتظار	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	هتروزیگوسیتی مورد انتظار	شاخص نئی	میانگین هتروزیگوسیتی
GUJ0055	۰/۰۳۴۵	۰/۲۵۹۲	۰/۹۶۵۵	۰/۷۴۰۸	۰/۷۳۴۴	۰/۷۳۴۴
GUJ0052	۰/۷۹۳۱	۰/۴۰۷۰	۰/۲۰۶۹	۰/۵۹۳۰	۰/۵۸۷۸	۰/۵۸۷۸
GUJ0048	۰/۴۳۱۰	۰/۳۹۶۰	۰/۵۶۹۰	۰/۶۰۴۰	۰/۵۹۸۸	۰/۵۹۸۸
میانگین	۰/۴۱۹۵	۰/۳۵۴۱	۰/۵۸۰۵	۰/۶۴۵۹	۰/۶۴۰۴	۰/۶۴۰۴
انحراف معیار	۰/۳۷۹۴	۰/۰۸۲۳	۰/۳۷۹۴	۰/۰۸۲۳	۰/۰۸۱۶	۰/۰۸۱۶

هتروزیگوسیتی که مشابه والدین هستند (۵). مفهوم اطلاعات چندشکلی سه نشانگر مورد مطالعه شامل GUJ0055، GUJ0052 و GUJ0048 به ترتیب برابر با ۰/۵۱، ۰/۶۹ و ۰/۵۳ محاسبه شدند که بیان کننده تفرق نسبی نشانگرها در جمعیت و سودمند بودن در مطالعات پیوستگی ژنتیکی هستند که بیشترین مقدار اطلاعات چندشکلی متعلق به نشانگر GUJ0055 بود.

محتوای اطلاعات چندشکلی سه مکان ریزماهوره واقع در کروموزوم یک در جمعیت مخلوط بلدرچین ژاپنی در جدول ۵ ارائه شده است. اثربخشی نشانگر ژنتیکی برای تجزیه همبستگی بستگی به مقدار چندشکلی اندازه‌گیری شده توسط این آماره دارد (۷). محتوای اطلاعات چندشکلی یا PIC از شاخص‌های مهم ارزیابی درجه چندشکلی یک نشانگر ژنتیکی است. PIC همان هتروزیگوسیتی است به استثنای افراد

جدول ۵- محتوای اطلاعات چندشکلی جایگاه‌های ریزماهورای روی کروموزوم یک در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی
Table 5. Polymorphism content information of microsatellite loci on chromosome one in crossbred population of *Japanese quail*

جایگاه نشانگری	محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)
GUJ0055	۰/۶۹
GUJ0052	۰/۵۱
GUJ0048	۰/۵۳
میانگین	۰/۵۸

درصد رسیده است. دامنه ضریب تغییرات از حدود ۱ تا ۴۰ درصد متغیر بود.

ویژگی‌های توصیفی صفات وزنی در سنین متفاوت در جدول ۶ ارائه شده است. میزان تنوع صفات وزنی با افزایش سن افزایش یافته است، به‌طوری که بالاترین میزان به حدود ۴۰

جدول ۶- آماره‌های توصیفی صفات وزن بدن در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی
Table 6. Descriptive statistics of body weight traits in a crossbred population of *Japanese quail*

صفت (گرم)	تعداد رکورد	میانگین (گرم)	حداقل (گرم)	حداکثر (گرم)	ضریب تغییرات
وزن هج	۱۷۹۴	۸/۲۵	۴/۸۵	۱۱/۹۱	۱/۰۹
وزن ۵ روزگی	۱۳۱۹	۱۶/۹۸	۵/۶۴	۳۲/۴۸	۴/۱۵
وزن ۱۰ روزگی	۱۰۱۶	۳۱/۶۹	۱۰/۰۴	۷۵/۵۶	۱۰/۴۶
وزن ۱۵ روزگی	۸۶۶	۵۵/۲۶	۱۳/۶۴	۱۱۲/۱۸	۱۸/۲۴
وزن ۲۰ روزگی	۷۸۴	۸۶/۴۵	۱۵/۵۶	۱۸۵/۲۴	۲۴/۶۹
وزن ۲۵ روزگی	۷۴۴	۱۱۷/۳۱	۳۷/۴۰	۲۰۴/۰۹	۲۹/۲۴
وزن ۳۰ روزگی	۷۳۰	۱۵۳/۳۵	۵۰/۰۶	۲۵۹/۹۸	۳۵/۲۳
وزن ۳۵ روزگی	۷۱۸	۱۷۸/۴۳	۶۲/۰۶	۲۹۵/۸۶	۳۵/۰۷
وزن ۴۰ روزگی	۷۰۷	۲۰۵/۸۷	۸۳/۷۱	۳۱۴/۱۲	۳۹/۳۶
وزن ۴۵ روزگی	۷۰۶	۲۳۰/۷۲	۱۱۰/۱۴	۴۶۷/۷۷	۴۰/۷۷

شامل مدل با و بدون اثر QTL در قالب مدل افزایشی جدول ۷ ارائه شده است. نتایج تجزیه مدل افزایشی بر صفات وزنی بیانگر وجود روابط افزایشی بین آلل‌ها با صفات مورد مطالعه می‌باشد و درصد واریانس به واسطه اثرات QTL در صفات مختلف در دامنه بین ۰ تا ۹/۴ درصد واریانس ژنتیکی کل متغیر بودند و برای صفات وزنی ۲۰ و ۴۰ روزگی وجود QTL با اثرات افزایشی تأیید نشد و در سایر صفات کمترین درصد واریانس ژنتیکی به واسطه QTL، مربوط به وزن ۱۵ روزگی و حدود ۰/۱۷ درصد و بیشترین مقدار مربوط به وزن ۱۰ روزگی برابر با ۹/۴ درصد واریانس ژنتیکی کل بودند. روند تغییرات

تجزیه مدل افزایشی
اثر افزایشی اثر مستقل تمام آلل‌های جایگاه‌های ژنی مؤثر بر یک صفت است. این اثر افزایشی تحت تأثیر آلل‌های موجود در جایگاه‌های جانبی قرار نگرفته و از نسلی به نسل دیگر منتقل می‌شود، یعنی تأثیر هر گامت با بقیه متفاوت است. اثر افزایشی QTL اثر جایگزینی یک آلل است، یعنی تفاوت بین فرزندان دریافت کننده آلل Q و q پدری. البته، در مورد این که تأثیر سایر ژن‌ها به طور متوسط بین دو گروه برابر باشد، تردید هست. نتایج تجزیه و تحلیل همبستگی بین آلل‌های نشانگر مورد مطالعه با صفات وزنی بلدرچین ژاپنی

واریانس افزایشی از زمان هج تا ۴۵ روزگی افزایشی بود، که کنترل صفات و نقش عوامل محیطی در تظاهر ژن‌ها باشد. می‌تواند به دلیل دخالت تعداد بیشتری از جایگاه‌های ژنی در

جدول ۷- نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل افزایشی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی
Table 7. The ratio of additive genetic variance due to the markers in the phenotypic expression of body weight traits in an additive model in the crossbred population of Japanese quail

صفت (گرم)	واریانس افزایشی	واریانس خطا	نسبت واریانس افزایشی در بروز صفت	درصد واریانس ژنتیکی
وزن هج	۰/۰۰۹۸	۱/۸۶	۰/۰۰۵۳	۰/۵۳
وزن ۵ روزگی	۱/۱	۱۱/۷۸	۰/۰۸۵	۸/۵
وزن ۱۰ روزگی	۵/۸۸	۵۶/۴	۰/۰۹۴	۹/۴
وزن ۱۵ روزگی	۰/۴۹۸	۳۹۲/۳۷	۰/۰۰۱۷	۰/۱۷
وزن ۲۰ روزگی	۰/۰۰	۵۳۹/۱۶	۰/۰۰	۰
وزن ۲۵ روزگی	۱/۷	۶۶۶/۹۴	۰/۰۰۲۵۵	۰/۲۵
وزن ۳۰ روزگی	۲۵/۵۹	۶۹۰/۵۵	۰/۰۴۱۱	۴/۱۱
وزن ۳۵ روزگی	۳/۲۸	۵۴۰/۶۸	۰/۰۰۶	۰/۶
وزن ۴۰ روزگی	۰/۰۰	۵۰۴/۴۲	۰/۰۰	۰
وزن ۴۵ روزگی	۳۲/۷۶	۸۲۰/۰۱	۰/۰۳۸	۳/۸

تجزیه مدل غالبیت

قرار دادن اثرات غیرافزایشی مانند غالبیت در مدل‌های پیش‌بینی ژنومی احتمالاً می‌تواند باعث افزایش صحت گردد. همانطور که انتظار می‌رود روند تغییرات واریانس غالبیت از زمان هج تا ۱۵ روزگی تقریباً کاهشی و از ۲۰ تا ۴۰ روزگی صفر پیش‌بینی شد، اما در زمان ۴۵ روزگی که نزدیک بلوغ جنسی و تولید تخم هست افزایش یافته هست. میزان اثرات ژنتیکی غیرافزایشی در صفات اوایل تولد و صفات باروری و تولیدمثلی بیشترین گزارش شده است (۳۵) و با نتایج مطالعه حاضر مطابقت دارد. نتایج مطالعه حاضر وجود حداقل یک جایگاه ژنی با اثرات غالبیت در صفات وزنی هج تا ۱۵ روزگی و ۴۵ روزگی بر روی کروموزوم یک را تأیید می‌نماید.

یکی از عوامل تأثیرگذار بر صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی مدل‌های آماری می‌باشد. در این مدل‌ها به طور گسترده فقط اثرات ژنتیکی افزایشی وارد شده و تلاش‌های کمی در راستای قراردادن اثرات ژنتیکی غیرافزایشی مثل اثر غالبیت یا اپیستازی در مدل صورت گرفته است. واریانس غالبیت به طور کلی خیلی کمتر از واریانس افزایشی می‌باشد (۸۶). از طرف دیگر تخمین اثرات غیرافزایشی مشکل بوده است و با اثرات مادری و محیطی ترکیب هستند (۳). به همین دلیل بیشتر سیستم‌های ارزیابی ژنتیکی از مدل افزایشی استفاده نموده و از قرار دادن اثرات غیرافزایشی در مدل چشم پوشی می‌کنند، اما با این وجود باید گفته شود که

جدول ۸- نسبت واریانس ژنتیکی غالبیت به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل غالبیت نشانگرها در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی
Table 8. The ratio of dominance genetic variance due to the markers in the phenotypic expression of body weight traits in a dominance model in the crossbred population of Japanese quail

صفت (گرم)	واریانس غالبیت	واریانس خطا	نسبت واریانس غالبیت در بروز صفت	درصد واریانس ژنتیکی
وزن هج	۰/۲۲	۱/۶۶	۰/۱۱	۱۱
وزن ۵ روزگی	۳/۲۳	۱۰/۵۹	۰/۲۳۳	۲۳/۳
وزن ۱۰ روزگی	۲/۰۱	۶۴/۲۸	۰/۰۳۳	۳/۳
وزن ۱۵ روزگی	۱۶/۳۷	۲۸۰/۱	۰/۰۵۵	۵/۵
وزن ۲۰ روزگی	۰/۰۰	۵۳۹/۱۶	۰/۰۰	۰
وزن ۲۵ روزگی	۰/۰۰	۶۶۹/۶۲	۰/۰۰	۰
وزن ۳۰ روزگی	۰/۰۰	۷۳۹/۷۶	۰/۰۰	۰
وزن ۳۵ روزگی	۰/۰۰	۵۴۵/۸۳	۰/۰۰	۰
وزن ۴۰ روزگی	۰/۰۰	۵۰۴/۴۲	۰/۰۰	۰
وزن ۴۵ روزگی	۱۵۳/۰۸	۷۷۷/۱۳	۰/۱۶۴	۱۶/۴

تجزیه مدل افزایشی-غالبیت

غالبیت بالاترین مقدار بود. مقایسه مقدار واریانس باقیمانده یا خطا نیز از تولد تا ۲۵ روزگی افزایشی، سپس کاهشی و در سن ۴۵ روزگی مجدد بیشترین بود. کنترل دقیق‌تر شرایط محیطی (دما، رطوبت) در ابتدای تولد، افزایش تعداد جایگاه‌های کنترل‌کننده یک صفت با افزایش سن و تغییراتی ممکنه در ساختار پرندگان و میزان تأثیری که جایگاه‌های مذکور از محیط می‌پذیرند و همچنین انواع اثرات تداخلی محیط مشترک و دائمی پرندگان می‌توانند دلایل احتمالی افزایش واریانس خطا با افزایش سن باشند. مقایسه واریانس خطا در سه مدل افزایشی، غالبیت و افزایشی-غالبیت نشانگرها بیانگر کمتر بودن خطا در مدل افزایشی-غالبیت

نتایج تجزیه QTL در قالب مدل افزایشی-غالبیت نشانگرها بر روی صفات وزنی از هج تا ۴۵ روزگی در جمعیت آمیخته چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی در جدول ۹ ارائه شده است. واریانس افزایشی با افزایش سن تا ۱۰ روزگی روند افزایشی داشت. برای سنین ۱۵ و ۲۰ روزگی هیچ QTL تشخیص داده نشد و مجدد از سن ۲۵ تا ۳۰ روزگی واریانس افزایشی زیاد شد و در ۴۵ روزگی در حدواسط بین هج تا ۴۵ روزگی بود. واریانس غالبیت نیز از تولد تا ۱۵ روزگی افزایشی، در سنین میانی هیچ نشانی از آثار غالبیت در جایگاه‌های کنترل‌کننده صفات وزن بدن مشاهده نشد تا ۴۵ روزگی که واریانس

هست. البته یکی از دلایل افزایش واریانس خطا با افزایش بالاتر به دلیل حذف یا تلفات باشند. سن می تواند مربوط به روند کاهشی تعداد رکوردها در سنین

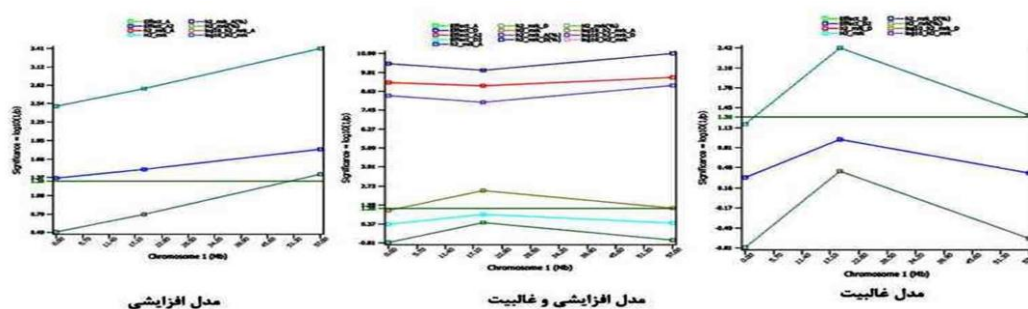
جدول ۹- نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت به واسطه نشانگرها در بروز فنوتیپی صفات وزن بدن در مدل افزایشی- غالبیت نشانگرها در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

Table 9. The ratio of additive and dominance genetic variance due to the markers in the phenotypic expression of body weight traits in an additive-dominance model in the crossbred population of Japanese quail

صفت	واریانس افزایشی	واریانس غالبیت	واریانس خطا	نسبت واریانس افزایشی در بروز صفت	نسبت واریانس غالبیت در بروز صفت	درصد واریانس ژنتیکی
وزن هج	۰/۳۱	۰/۲۲	۱/۶۶	۰/۰۰	۰/۱۱۵	۱۱/۵
وزن ۵ روزگی	۰/۵۹۴	۲/۷۹	۹/۸۴	۰/۰۴۵	۰/۲۱	۲۵/۵
وزن ۱۰ روزگی	۵/۸۸	۰/۰۰	۵۶/۴۱	۰/۰۹۴	۰/۰۰	۹/۴
وزن ۱۵ روزگی	۰/۰۰	۱۶/۳۷	۲۸۰/۱	۰/۰۰	۰/۰۵۵	۵/۵
وزن ۲۰ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۵۳۹/۱۶	۰/۰۰	۰/۰۰	.
وزن ۲۵ روزگی	۱/۷۱	۰/۰۰	۶۶۶/۹۴	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰	.
وزن ۳۰ روزگی	۲۹/۵۹	۰/۰۰	۶۹۰/۵۴	۰/۰۴۱	۰/۰۰	.
وزن ۳۵ روزگی	۳/۲۸	۰/۰۰	۵۴۰/۶۸	۰/۰۰۶	۰/۰۰	.
وزن ۴۰ روزگی	۰/۰۰	۰/۰۰	۵۰۴/۴۲	۰/۰۰	۰/۰۰	.
وزن ۴۵ روزگی	۱۴/۴	۱۳۰/۵۷	۷۶۴/۸۱	۰/۰۱۶	۰/۱۴	۱۵/۶

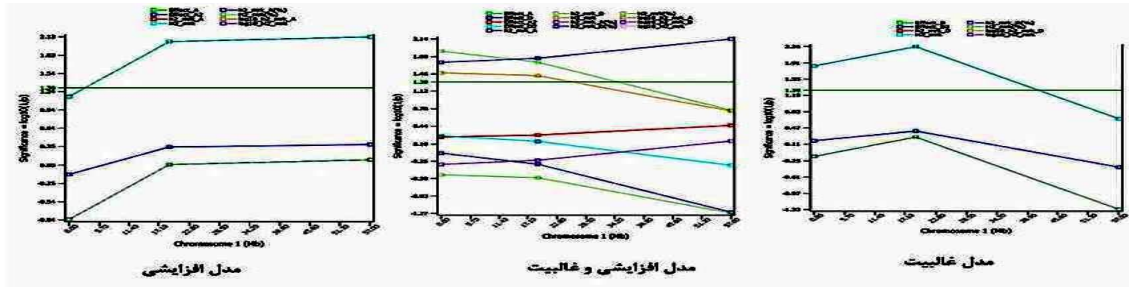
۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی در میانه کروموزوم و برای صفت وزن در ۳۵ روزگی در ابتدای کروموزوم یک قرار داشتند. در مدل غالبیت QTLهای مؤثر بر صفات رشد شامل زمان هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ در میانه کروموزوم یک و برای صفات وزن ۲۰، ۲۵ و ۳۰ در انتهای کروموزوم یک شناسایی شدند.

شکل های ۳ تا ۱۲ نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف افزایشی، غالبیت و مدل افزایشی- غالبیت را در یک جمعیت چهار نسلی بلدرچین ژاپنی را بر روی کروموزوم یک برای صفات وزن از هج تا ۴۵ روزگی به فاصله پنج روز را نشان می دهد. با توجه به نتیجه تجزیه QTL در مدل افزایشی برای صفات وزن هج، ۵ و ۳۰ روزگی QTL مؤثر بر صفت رشد در انتهای کروموزوم یک، QTLهای صفات وزنی



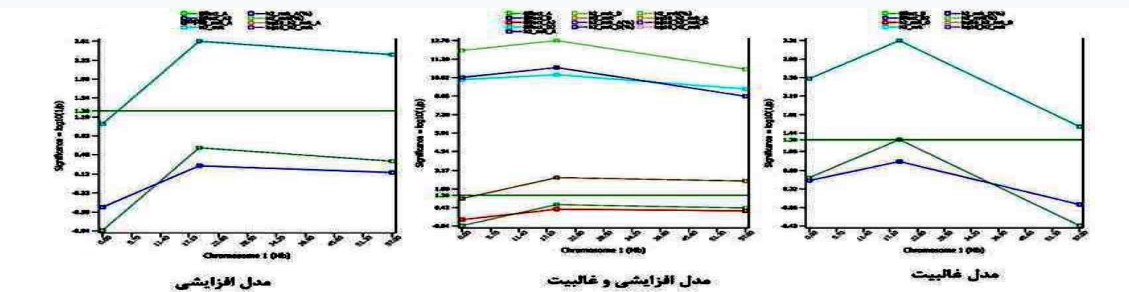
شکل ۳- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن هج در یک جمعیت چهار نسلی بلدرچین ژاپنی بر روی کروموزوم یک (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت پذیری عام، — درصد وراثت پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت پذیری عام)

Figure 3. QTL analysis results in three different models for hatch weight trait in a four-generation Japanese quail population on chromosome one (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability)



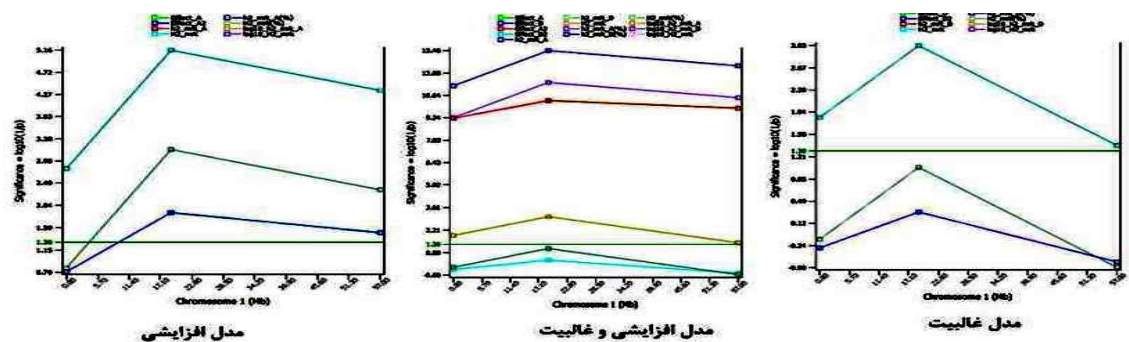
شکل ۴- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۵ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت‌پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، درصد وراثت‌پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 4. QTL analysis results in three different models for 5-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (Additive effect, Dominance effect, Absolute additive effect, Absolute dominance effect, Additive heritability, Dominance heritability, Broad sense heritability, Additive heritability%, Dominance heritability%, Broad sense heritability%, Log₁₀ of additive heritability, Log₁₀ of dominance heritability, Log₁₀ of broad sense heritability)



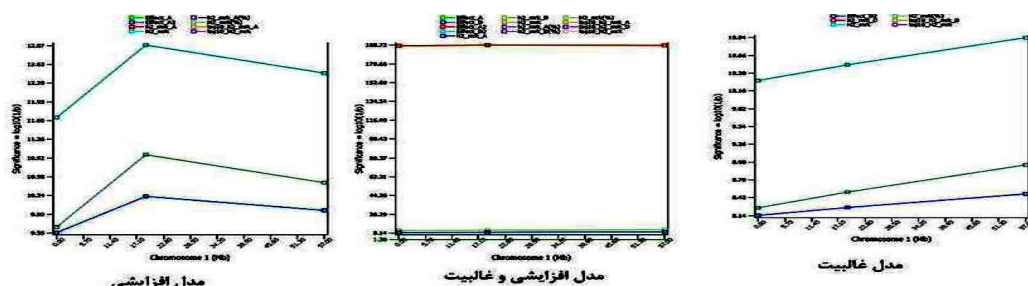
شکل ۵- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۱۰ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت‌پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، درصد وراثت‌پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 5. QTL analysis results in three different models for 10-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (Additive effect, Dominance effect, Absolute additive effect, Absolute dominance effect, Additive heritability, Dominance heritability, Broad sense heritability, Additive heritability%, Dominance heritability%, Broad sense heritability%, Log₁₀ of additive heritability, Log₁₀ of dominance heritability, Log₁₀ of broad sense heritability)



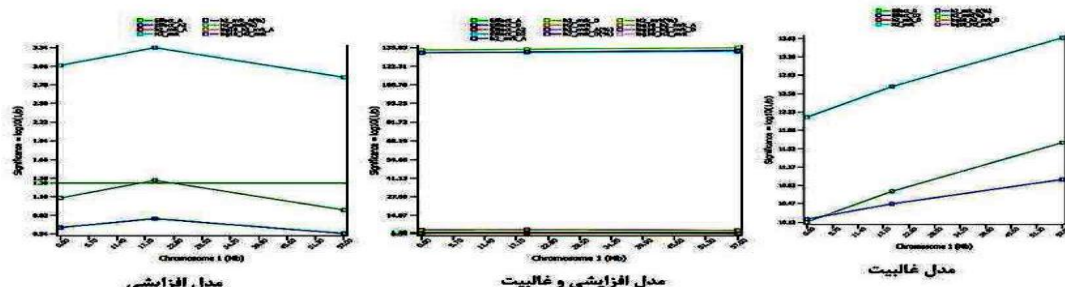
شکل ۶- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۱۵ در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (اثر افزایشی نشانگرها، اثرات غالبیت نشانگرها، قدرمطلق اثرات افزایشی، قدرمطلق اثرات غالبیت، وراثت‌پذیری خاص، نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، درصد وراثت‌پذیری خاص، درصد نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، وراثت‌پذیری عام، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 6. QTL analysis results in three different models for 15-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (Additive effect, Dominance effect, Absolute additive effect, Absolute dominance effect, Additive heritability, Dominance heritability, Broad sense heritability, Additive heritability%, Dominance heritability%, Broad sense heritability%, Log₁₀ of additive heritability, Log₁₀ of dominance heritability, Log₁₀ of broad sense heritability)



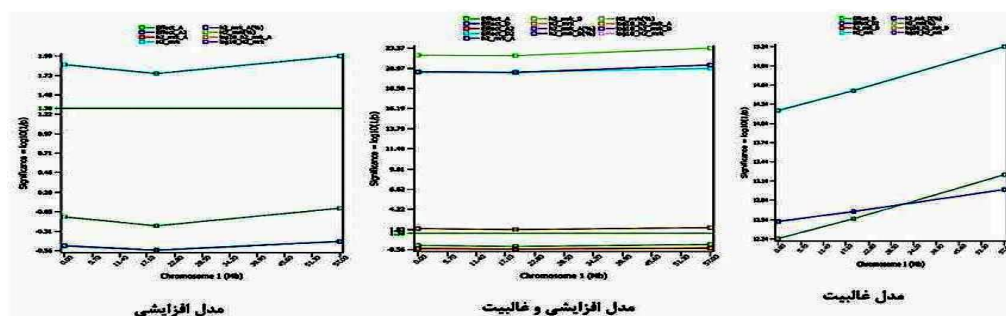
شکل ۷- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۲۰ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت‌پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام).

Figure 7. QTL analysis results in three different models for 20-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability).



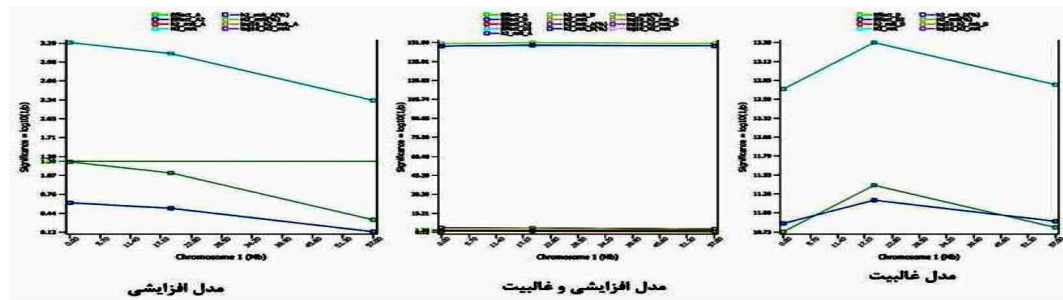
شکل ۸- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۲۵ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت‌پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام).

Figure 8. QTL analysis results in three different models for 25-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability).



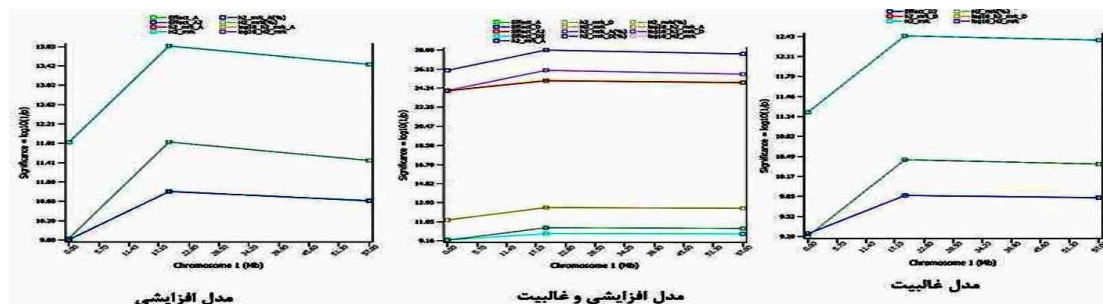
شکل ۹- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۳۰ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت‌پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام).

Figure 9. QTL analysis results in three different models for 30-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability).



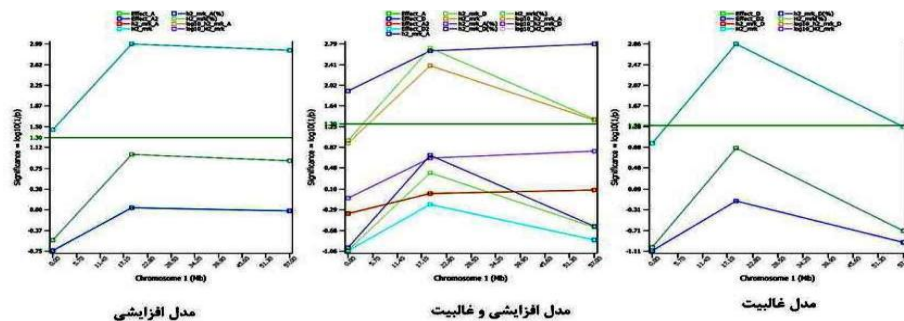
شکل ۱۰- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۳۵ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 10. QTL analysis results in three different models for 35-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability)



شکل ۱۱- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۴۰ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی روی کروموزوم یک در بلدرچین ژاپنی بر روی کروموزوم یک (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت‌پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 11. QTL analysis results in three different models for 40-day-old weight traits in a four-generation population on chromosome one in *Japanese quail* (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability)



شکل ۱۲- نتایج تجزیه QTL در قالب سه مدل مختلف برای صفت وزن ۴۵ روزگی در یک جمعیت چهار نسلی بلدرچین ژاپنی بر روی کروموزوم یک (— اثر افزایشی نشانگرها، — اثرات غالبیت نشانگرها، — قدرمطلق اثرات افزایشی، — قدرمطلق اثرات غالبیت، — وراثت‌پذیری خاص، — نسبت غالبیت، — وراثت‌پذیری عام، — درصد وراثت‌پذیری خاص، — درصد نسبت غالبیت، — درصد وراثت‌پذیری عام، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری افزایشی، — لگاریتم پایه ۱۰ نسبت غالبیت، — لگاریتم پایه ۱۰ وراثت‌پذیری عام)

Figure 12. QTL analysis results in three different models for 45-day-old weight traits in a four-generation *Japanese quail* population on chromosome one (— Additive effect — Dominance effect — Absolute additive effect — Absolute dominance effect — Additive heritability — Dominance heritability — Broad sense heritability — Additive heritability% — Dominance heritability% — Broad sense heritability% — Log₁₀ of additive heritability — Log₁₀ of dominance heritability — Log₁₀ of broad sense heritability)

نتیجه‌گیری کلی

طبق نتایج به دست آمده سه نشانگر نسبتاً چندشکلی متوسطی داشتند. بیشترین هتروزیگوسیتی مربوط به نشانگر GUJ0055 با عدد ۰/۹۶۵۵ بود و بیشترین اطلاعات چندشکلی نیز مربوط به همین نشانگر با مقدار عددی ۰/۶۹ به دست آمد. واریانس ژنتیکی ناشی از جایگاه‌های ژنی بر روی کروموزوم شماره یک در دامنه ۰/۵۳ تا ۳/۸ بودند. نتایج تجزیه QTL وجود جایگاه‌های ژنی با اثرات افزایشی و غالبیت در میانه و انتهای کروموزوم یک را تأیید می‌نماید. لذا استفاده از

اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای مجاور QTL‌های مذکور می‌توان دقت و صحت برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی دام‌ها را بهبود بخشید.

تشکر و قدردانی

از تمامی همکاران و کارمندان آزمایشگاه زیست فناوری دانشگاه زابل جهت فراهم کردن بستر انجام آزمایشات مولکولی تقدیر و قدردانی می‌نمائیم.

منابع

1. Atzmon, G., Y.I. Ronin, A. Korol, N. Yonash, H. Cheng and J. Hillel. 2006. QTLs associated with growth traits and abdominal fat weight and their interactions with gender and hatch in commercial meat-type chickens. *Animal Genetics*, 37(4): 352-358.
2. Baron, E.E., A.S.A.M.T. Moura, M.C. Ledur, L.F.B. Pinto, C. Boschiero, D.C. Ruy and L.L. Coutinho. 2011. QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, 42(2): 117-124.
3. Bolormaa, S., J.E. Pryce, Y. Zhang, A. Reverter, W. Barendse, B.J. Hayes and M.E. Goddard. 2015. Non-additive genetic variation in growth, carcass and fertility traits of beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, 47(1): 26.
4. Borevitz, J.O., J.N. Maloof, J. Lutes, T. Dabi and J.L. Redfern. 2002. Quantitative trait loci controlling light and hormone response in two accessions of *Arabidopsis thaliana*. *Genetics*, 160: 683-696.
5. Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick and R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetic*, 32: 314-331.
6. Boysen. T.J., C. Heuer, J. Tetens, F. Reinhardt and G. Thaller. 2013. Novel use of derived genotype probabilities to discover significant dominance effects for milk production traits in dairy cattle. *Genetics*, 193(2): 431-442.
7. Buchanan, F.C. and T.D. Thue. 1998. Intra-breed polymorphic information content of microsatellites in cattle and sheep. *Canadian Journal of Animal Science*, 78: 425-428.
8. Christensen, O.F., P. Madsen, B. Nielsen, T. Ostensen and G. Su. 2012. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. *Animal*, 6: 1565-1571.
9. Doerge, R.W. 2002. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations. *Nature Reviews Genetic*, 3: 43-52.
10. Esmailzadeh, A.K., A. Baghizadeh and M. Ahmadzadeh. 2012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science*, 52(1): 64-68.
11. Flint, J. and R. Mott. 2001. Finding the molecular basis of quantitative traits: successes and pitfalls. *Nature Reviews Genetics*, 2: 437-445.
12. Iranmanesh, M., A. Esmailzadeh and M.R. Mohammadabadi. 2018. Mapping Quantitative trait affecting live weight on chromosome 5 in Japanese quail. *Animal Production Research*, 9(22): 111-118 (In Persian).
13. Iranmanesh, M., A. Esmailzadeh, M.R. Mohammadabadi and S. Sohrabi. 2017. Identification of quantitative trait loci affecting average daily gain and Kleiber ratio on chromosome 5 in an F2 population of Japanese quail. *Animal Production Research*, 5(4): 12-22 (In Persian).
14. Jabbari, R., A.K. Esmailzadeh, H. Charati, M.R. Mohammadabadi and S.S. Sohrabi. 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.
15. Jennen, D.G., A.L. Vereijken, H. Bovenhuis, R.M. Crooijmans, J.J. van Der Poel and M.A. Groenen. 2005. Confirmation of quantitative trait loci affecting fatness in chickens. *Genetics Selection Evolution*, 37(3): 215.
16. Kayang, B.B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J.L. Monvoisin, S. Ito and F. Minvielle. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics*, 35(3): 195-200.
17. Lie, Z., L. Cheng, D. Fang-Yin and F. Shou-min. 2010. Mapping of major quantitative trait loci for economic traits of silkworm cocoon. *Genetics and Molecular Research*, 9(1): 78-88.
18. Liu, K. and S.V. Muse. 2005. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128-2129.
19. Lu, D., E.C. Akanno, J.J. Crowley, F. Schenkel, H. Li, M. De Pauw and G. Plastow. 2016. Accuracy of genomic predictions for feed efficiency traits of beef cattle using 50K and imputed HD genotypes. *Journal of Animal Science*, 94(4): 1342-1353.
20. Lynch, M. and B. Walsh. 1998. *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sinauer Assocs., Inc., Sunderland, MA.

21. McElroy, J.P., J.J. Kim, D.E. Harry, J.C.M. Dekkers and S.J. Lamont. 2006. Identification of trait loci affecting white meat percentage and other growth and carcass traits in commercial broiler chickens. *Poultry Science*, 85(4): 593-605.
22. Minvielle, F., B.B. Kayang, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, A. Vignal, D. Gourichon, and S.I. Ito. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*, 6(1): 87.
23. Moores, S.L., M.D. Schaber, S.D. Mosser, E. Rands, M.B. O'Hara, V.M. Garsky and J. Gibbs. 1991. Sequence dependence of protein isoprenylation. *Journal of Biological Chemistry*, 266(22): 14603-14610.
24. Moradian, H., A. Esmailizadeh, S. Sohrabi and M. Mohammadabadi. 2014. Identification of quantitative trait loci associated with weight and percentage of internal organs on chromosome 1 in Japanese quail. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 6(4): 143-158 (In Persian).
25. Moradian, H., A. Esmailizadeh and Mohammadabadi. 2012. Microsatellite mapping of quantitative trait loci associated with carcass traits on chromosome 1 in Japanese quail. *Journal of Animal Productions*, 15(2): 89-99 (In Persian).
26. Nadaf, J., F. Pitel, H. Gilbert, M.J. Duclos, F. Vignoles, C. Beaumont and J. Simon. 2009. QTL for several metabolic traits map to loci controlling growth and body composition in an F2 intercross between high-and low-growth chicken lines. *Physiological Genomics*, 38(3): 241-249.
27. Nassar, F.S., R.E.A. Moghaieb, A.M. Abdou and F.K.E. Stino. 2012. Microsatellite markers associated with body and carcass weights in broiler breeders. *African Journal of Biotechnology*, 11 (15): 3514-3521.
28. Navani, N., P.K. Jain, S. Gupta, B.S. Sisodia and S. Kumar. 2002. A set of cattle microsatellite DNA markers for genome analysis of riverine buffalo (*Bubalus bubalis*). *Animal Genetics*, 33(2): 149-154.
29. Sadeghi, M., H. Mohammadi, M. Moradi Shahrabak and H. Moradi Shahrabak, 2011. Comparison of the efficiency of the buffer-detergent extraction and standard salting-out methods for DNA extraction from blood and semen samples. *Genetics in the 3RD Millennium*, 8(4): 2155-2161 (In Persian).
30. Sohrabi, S., A. Esmailizadeh, M. Mohammadabadi, H. Moradian and E. Nasirifar. 2017. Mapping quantitative trait loci affecting skeletal asymmetry in Japanese quail (*Coturnix japonica*). *Journal of Agricultural Biotechnology*, 8(4): 69-84 (In Persian).
31. Sohrabi, S., A. Esmailizadeh, M.R. Mohammadabadi and H. Moradian. 2014. Mapping quantitative trait loci underlying Kleiber ratio and identification of their mode of action in an F2 population of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Journal of Agricultural Biotechnology*, 6(1): 111-121 (In Persian).
32. Sohrabi, S.S., A.K. Esmailizadeh, A. Baghizadeh, H. Moradian, M.R. Mohammadabadi, N. Askari and E. Nasirifar. 2012. Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. *Animal Production Science*, 52(1): 1012-1018 (In Persian).
33. Tautz, D. 1989. Hyper-variability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic acids Research*, 17 (16): 6463-6471.
34. Wang, S., D. Dvorkin and Y. Da. 2012. SNPEVG: a graphical tool for GWAS graphing with mouse clicks. *BMC bioinformatics*, 13(1): 319.
35. Weller, J.I. 2001. *Quantitative Trait Loci Analysis in Animals*. CABI Publication, London, UK.
36. Yeh, F.C., R. Yang and T. Boyle 1999. POPEGENE. Version 1.31. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis, University of Alberta. Edmonton.
37. Zane, L., L. Bargelloni and T. Patarnello. 2002. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular ecology*, 11(1): 1-16.

QTL Mapping of Body Weight Traits on the Chromosome 1 in *Japanese Quail*

Mansoreh Bazgir Moghadam¹, Gholam Reza Dashab², Ali Maghsoudi³, Mohammad Rokouei⁴
and Raheleh Khanegir⁵

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

2- Associate Professor of Animal Breeding and Genetic, Department on Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol, (Corresponding Author: dashab@uoz.ac.ir)

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

4- Associate Professor of Animal Breeding and Genetic, Department on Animal Science and Bioinformatics, College of Agriculture, University of Zabol

5- M.Sc. of Animal Breeding and Genetic, Department on Animal Science, College of Agriculture, University of Zabol

Received: July 17, 2021

Accepted: August 10, 2021

Abstract

The aim of this study was to QTL mapping of body weight traits from hatch to 45 days on chromosome one in *Japanese quail*. For this purpose, a crossbred population from a four-generation crossbreeding pattern was used. The four strains *A and M Texas*, *Wild*, *Italian Speckled* and *Tuxedo Japanese quail* were crossed in diallel-cross, creating the first generation. Then, from the crossbreed of first generation, a mapping population including second, third and fourth generations was created. Blood samples were collected for DNA extraction and amplification of microsatellite markers on the chromosome 1 of the subcutaneous veins in tubes containing 0.5% EDTA. Observations included body weight traits from birth to 45 days with an interval of 5 days. The effects of markers and components of variance were performed with three models of additive, dominance and additive-dominance with AI-REML procedure of GVCBLUP software. Based on the estimated effects of markers, the point with the highest value of F statistic was reported as the QTL location. The results of QTL analysis in the additive model for body weight traits, at hatch, 5 and 30 days indicate the presence of QTLs affecting these traits at the (hatch, 5 and 30 days), (10, 15, 20, 25, 40 and 45 days) and 35 days on the end, middle and the beginning of chromosome one, respectively. In dominance model, QTLs affecting body weight traits at (hatch, 5, 10, 15, 35, 40 and 45 days), (20, 25, and 30 days) were identified in the middle and at the end of chromosome one. The percentage of additive and dominance genetic variance due to markers in different models ranged from 0.17 to 9.4% and 3.3 to 23.3% of the total phenotypic variance, respectively. Therefore, the results of this study confirm the existence of at least two distinct gene loci with additive and dominance function effective on body weight traits on chromosome one in *Japanese quail*.

Keywords: Body weight traits, Diallel, Genome scan, *Japanese quail*