دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

نقشه‌یابی جایگاه‌های ژنی مرتبط با وزن بدن روی کروموزوم شماره ۵ در یک جمعیت F_2 بلدرچین ژاپنی

محبوبه ایرانمنش[۱]، علی اسمعیلی‌زاده[۲] و محمدرضا محمدآبادی[۳]

۱ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استاد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان
۲- استاد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، (نویسنده مسوول: aliesmaili@uk.ac.ir)
تاریخ دریافت: ۹۳/۱۱/۲۷ تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۰/۵

چکیده

هدف از انجام این پژوهش، پویش کروموزم شماره ۵ بلدرچین ژاپنی و شناسایی QTLهای مؤثر بر رشد در یک جمعیت F_2 بود. به منظور شناسایی QTLهای مؤثر بر صفات رشد از یک طرح سه نسلی، F_2 حاصل از تلاقی متقابل دو سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی و تشکیل نسل دوم استفاده گردید. با تلاقی ۳۴ پرنده از نسل دوم با یکدیگر، ۴۲۲ پرنده نسل سوم ایجاد شد. تمامی پرندگان هر سه نسل برای ۳ نشانگر ریزماهواره تعیین ژنوتیپ شدند. صفات مورد مطالعه، وزن بدن در زمان تولد و وزن زنده پرنده در سنین یک تا پنج هفتگی بود. آنالیز 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. اگرچه 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 تا۳/۶ قرار داشت.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی، وزن بدن، نشانگرریزماهواره، مکان‌یابی QTL

مقدمه

امروزه، بشر با وجود استفاده نسبتاً کامل از امکانات موجود، برای افزایش تولیدات کشاورزی با محدودیت منابع روبرو است. بنابراین، رشد سریع جمعیت و محدودیت بیشتر منابع، نسل بشر را با خطر گرسنگی مواجه خواهد نمود. در این میان تأمین مواد غذایی پروتئینی حیوانی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. از آنجا که میزان پاسخ به انتخاب و سرعت روند تغییرات ژنتیکی به طور مستقیم متأثر از فاصله نسل می‌باشد، لذا برای انجام تحقیقات اصلاح نژادی و بررسی فراسنجه‌های ژنتیکی، استفاده از حیوانات دارای فاصله نسل کوتاه به دلیل فراهم نمودن زمینه اصلاح نژاد در طولانی مدت، بسیار کارآمدتر از حیوانات با فاصله نسل طولانی است (۵). در صورت شناسایی QTL می‌توان از روش‌های نوین انتخاب ژنتیکی بر مبنای تفاوت‌های افراد در سطح DNA آنها استفاده نمود. در واقع با شناسایی حیواناتی که دارای بهترین ترکیب ژنی هستند به آنها اجازه تولیدمثل داده شده و به این ترتیب نسل بعد به طور میانگین ژن‌های مفید بیشتری نسبت به نسل قبل خواهد داشت. تاکنون تحقیقات زیادی به منظور مکان‌یابی جایگاه‌های ژنی مؤثر بر صفات کمی در حیوانات مختلف انجام گرفته که بخشی از این موارد مربوط به صفات کمی پرندگان می‌باشد (۱۲،۱،۳). در بین پرندگان مورد مطالعه، بیشترین تحقیقات بر روی مرغ انجام گرفته و تاکنون تحقیقات اندکی به منظور تعیین QTLهای بلدرچین انجام شده است. نقشه ژنتیکی بلدرچین با ریزماهواره و AFLP راهی را برای مطالعه مقایسه‌ای و کشف QTL برای صفات مختلف فراهم آورده است. کایانگ و همکاران اولین نسل از نقشه‌های پیوسته ریزماهواره را در یک جمعیت F_2 در بلدرچین‌های ژاپنی معرفی کردند که آغاز یک پیشرفت برای دستیابی به نقشه‌های ژنتیکی بیشتر و شناسایی جایگاه‌های صفات کمی در بلدرچین ژاپنی می‌باشد (۵). مینویل و همکاران نقشه‌یابی ریزماهواره‌ای QTLهای مؤثر بر رشد، مصرف غذا، تولید تخم، عدم تحرک ناشی از ترس و دمای بدن را در یک جمعیت F_2 در بلدرچین‌های ژاپنی انجام دادند (۸). اسمعیلی‌زاده و همکاران مطالعه‌ای را در زمینه‌ی شناسایی QTLهای مؤثر بر وزن بدن در سنین مختلف روی کروموزوم ۱ در خانواده‌های ناتنی حاصل از نژاد تجاری بلدرچین ژاپنی انجام دادند (۲). هدف از انجام این پژوهش، کاووش کروموزوم شماره ۵ بلدرچین ژاپنی برای شناسایی QTLهای مؤثر بر وزن بدن و مدل‌سازی اثرات افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL بود.

مواد و روش‌ها

برای اجرای پژوهش حاضر از DNA بلدرچین ژاپنی مربوط به یک طرح سه نسلی F_2 ذخیره شده در آزمایشگاه دانشگاه شهید باهنرکرمان استفاده شد. طرح آزمایشی مورد استفاده شامل یک طرح سه نسلی F_2 بود. تعداد ۸ پرنده نر و ۸ پرنده ماده به عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و تلاقی دوطرفه بین آنها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) انجام شد. تعداد ۳۴ پرنده از بین پرندگان نسل اول (F_1) شامل ۱۷ نتاج (SW) حاصل از تلاقی نر سفید × ماده وحشی و ۱۷ نتاج (WS) حاصل از تلاقی نر وحشی × ماده سفید برای تولید نسل دوم (F_2) انتخاب شدند. از تلاقی نرهای SW با ماده‌های WS و عکس این تلاقی، ۴۲۲ پرنده مربوط به نسل (F_2) تولید شد. جمعیت نقشه‌یابی شامل ۴۷۲ پرنده بود که نمونه خون مربوط به تمام این پرندگان جهت استخراج

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]
[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

DNA و رکوردهای فنوتیپی مربوط به وزن ۴۲۲ پرنده F_2 جمع آوری شد. مطالعات قبلی روی این دو سویه نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین این دو سویه از لحاظ صفات مختلف وجود دارد (۴). داده‌های فنوتیپی شامل اندازه‌گیری‌های وزن تولد تا ۵ هفتگی می‌باشد. با توجه به نقشه پیوستگی نشانگرهای ریزماهواره بلدرچین، ۳ نشانگر (GUJ0059 در فاصله صفر سانتی مورگانی، GUJ0049 در فاصله ۱۲ سانتی‌مورگانی و GUJ0100 در فاصله ۲۱ سانتی‌مورگانی) موجود روی کروموزوم شماره ۵ انتخاب و تعیین ژنوتیپ پرندگان برای ۳ نشانگرانجام شد. توالی پرایمرهای مربوط به نشانگرهای ریزماهواره در جدول ۱ آمده است.

جدول ۱ – توالی پرایمرهای مربوط به نشانگرهای ریزماهواره کروموزوم ۵ بلدرچین ژاپنی
Table 1. Primers sequence for the microsatellite markers on Japanese quail chromosome 5

نشانگر Marker	توالی آغازگر پیشرو Oligo sequence forward	توالی آغازگر پیرو Oligo sequence reverse
GUJ0049	5′-GAAGCAGTGACAGCAGAATG–3′	5′-CGGTAGCATTTCTGACTCCA-3′
GUJ0059	5′-GACAAAGTTACAGCTAGGAG-3′	5′-TAGGTGCGAAAATCTCTGAC-3′
GUJ0100	5′-GCATTTCCATCAGTACAACC-3′	5′-CAGAATATAAGGTCACAGCC-3′

با بهینه‌سازی دمای PCR، واکنش PCR برای نشانگر GUJ0049 در دمای ثابت ۶۰/۴ و برای نشانگر GUJ0059 در دمای ثابت ۵۶/۳ و برای نشانگر GUJ0100 در دمای ۵۸/۷ انجام شد. برای تفکیک محصولات PCR، که در واقع قطعات DNA تکثیر شده مربوط به نشانگرهای ریزماهواره هستند از الکتروفورز به وسیله ژل پلی‌اکریل آمید استفاده شد. برای شناسایی جایگاه‌های ژنی مرتبط با رشد، فایل‌های فنوتیپی و ژنوتیپی و همچنین فایل نقشه نشانگرها روی کروموزوم شماره ۵ و فواصل بین آنها به وسیله نرم‌افزار آنلاین GridQTL مورد آنالیز قرار گرفت (۱۱). به منظور برآورد اثرات افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ از مدل‌های آماری ذیل استفاده شد.

مدل ۱ (اثرات افزایشی QTL)

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

مدل ۲ (اثرات توام افزایشی و غلبه)

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

مدل ۳ (اثرات توام افزایشی، غلبه و اثر منشا والدی)

$$Y_{ijk}=\mu+H_i+S_j+aP_{ak}+dP_{dk}+iPik+e_{ijk}$$

که در این مدل‌ها، Y_{ijk}، مشاهده مربوط به iامین هچ، jامین جنسیت و kامین پرنده، μ، میانگین جمعیت، H_i، اثر هچ که دارای ۵ سطح می‌باشد، S_j، اثر جنس پرنده که دارای ۲ سطح (نر و ماده) می‌باشد، a، اثر افزایشی QTL، P_{ak}، احتمال شرطی دریافت آلل سویه وحشی توسط پرنده k، d، اثر غلبه ژنی QTL، P_{dk}، احتمال شرطی هتروزیگوت بودن پرنده k، i، اثر منشا والدی آلل Q (ایمپرینتینگ)، P_{ik}، احتمال شرطی اینکه هم پرنده k هتروزیگوت باشد و هم آلل سویه وحشی را از والد پدری دریافت نماید. همچنین، اثرات متقابل هچ و جنس با اثر افزایشی QTL نیز در دو مدل دیگر برآورد شد. آنالیز داده‌ها با استفاده از ۵ مدل مختلف صورت گرفت که در تمام این مدل ها اثرات ثابت، جنس و هچ بودند. روشی که برای آنالیز QTL از آن استفاده شد، روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون بود. بر اساس مدل‌های آماری فوق، یک QTL در فواصل یک سانتی مورگان در طول کروموزوم ۵ برازش گردید. نقطه‌ای که دارای حداکثر آماره F بود به عنوان محتمل ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن QTL نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح ۵ و ۱ درصد بود که با استفاده از روش تبدیل محاسبه شد. مقادیر بدست آمده از آنالیز تعداد ده هزار سری داده برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم وجود QTL، رتبه بندی شدند. همچنین، برای برآورد دقت نقشه‌ی QTL (فاصله‌ی اطمینان برای موقعیت QTL)، از روش بوت استراپ استفاده گردید که هر نمونه بوت استراپ مورد آنالیز قرار گرفت و بهترین برآورد موقعیت QTL ثبت گردید. آنالیزها با استفاده از نرم‌افزار آنلاین GridQTL انجام شد. ۵ آنالیز که در نوع اثر برازش داده شده با هم متفاوت بودند شامل اثر افزایشی، اثر غلبه، اثر منشا والدی (ایمپرینتینگ)، اثر متقابل هچ و اثر افزایشی QTL (مدل ۴) و اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL (مدل ۵) می باشند.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه آماری داده‌های فنوتیپی

داده‌های جمع‌آوری شده، حاصل رکورد برداری صفات مرتبط با رشد ۴۲۲ پرنده نسل دوم بلدرچین ژاپنی بود. این صفات شامل وزن تولد تا پنج هفتگی بود. آمار توصیفی صفات مورد بررسی شامل تعداد مشاهدات برای هر صفت، میانگین تصحیح شده هر صفت برای اثرات ثابت، مقدار حداقل و حداکثر برای هر صفت، انحراف معیار باقی مانده و ضریب تغییرات (CV) صفات بود که در جدول ۲ آورده شده است. میانگین حداقل مربعات (LSM) و اشتباه معیار (S.E) صفات مورد بررسی به تفکیک جنس و هچ در جدول ۳ آمده است.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

نتایج حاصل از آنالیز QTL

در آنالیز مدل اثر افزایشی QTL، جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفت وزن تولد در موقعیت ۱۹ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱)، وزن یک هفتگی در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱)، وزن دو هفتگی در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۵) شناسایی شدند (جدول ۴).

جدول ۲ – آمار توصیفی صفات وزنی در جمعیت مورد مطالعه بلدرچین ژاپنی

Table 2. Descriptive statistics of the body weights for the studied Japanese quail population

صفت	تعداد	میانگین تصحیح شده	حداقل	حداکثر	انحراف معیار	ضریب تغییرات
وزن تولد	۴۲۲	۶/۸±۰/۰۳	۴/۸	۹/۵	۰/۷	۱۰/۱
وزن ۱ هفتگی	۴۱۹	۲۳/۱±۰/۲۴	۱۱/۳	۴۱/۴	۴/۸	۲۰/۶
وزن ۲ هفتگی	۴۲۰	۴۷/۶±۰/۴۷	۲۱/۰	۷۴/۸	۹/۳	۱۹/۸
وزن ۳ هفتگی	۴۲۰	۸۲/۱±۰/۶۸	۱۵/۹	۱۲۴/۱	۱۳/۶	۱۶/۶
وزن ۴ هفتگی	۴۱۷	۱۲۰/۹±۰/۹۰	۶۳/۱	۱۶۸/۳	۱۸/۰	۱۵/۱
وزن ۵ هفتگی	۳۵۳	۱۵۳/۱±۰/۹۳	۸۲/۵	۲۰۲/۷	۱۸/۲	۱۲/۰

جدول ۳– میانگین حداقل مربعات (LSM) و اشتباه معیار (S.E.) صفات مورد بررسی به تفکیک جنس و هچ

Table 3. Least squares mean (LSM) and standard error (S.E.) of the investigated traits by sex and hatch

صفت	وزن تولد	وزن ۱هفتگی	وزن۲ هفتگی	وزن ۳هفتگی	وزن ۴هفتگی	وزن ۵ هفتگی
اثرات ثابت	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.	LSM±S.E.
اثر هچ	***	***	***	***	***	***
۱	۶/۴±۰/۰۸	۲۴/۰±۰/۵۵	۵۳/۱±۱/۰۸	۹۶/۲±۱/۵۷	۱۳۱/۸±۲/۱۰	۱۶۳/۰±۲/۱۰
۲	۶/۵±۰/۰۸	۲۶/۴±۰/۵۷	۵۲/۱±۱/۱۲	۸۸/۴±۱/۶۳	۱۲۵/۸±۲/۱۶	–
۳	۶/۸±۰/۰۸	۱۹/۹±۰/۵۶	۴۴/۹±۱/۱۰	۸۰/۷±۱/۶۱	۱۲۰/۴±۲/۱۳	۱۴۵/۸±۲/۱۵
۴	۶/۱±۰/۰۷	۲۵/۳±۰/۴۶	۴۵/۵±۰/۹۰	۷۲/۳±۱/۳۰	۱۰۹/۸±۱/۷۴	۱۴۳/۱±۱/۷۴
۵	۷/۴±۰/۰۷	۱۹/۹±۰/۴۹	۴۱/۶±۰/۹۷	۷۷/۳±۱/۴۱	۱۱۶/۸±۱/۸۵	۱۵۰/۴±۱/۸۷
اثر جنس	NS	NS	NS	**	***	***
نر	۶/۸±۰/۰۴	۲۲/۱±۰/۳۱	۶۴/۱±۰/۶۰	۸۰/۹±۰/۸۸	۱۱۱/۵±۱/۱۷	۱۴۸/۵±۱/۱۹
ماده	۶/۹±۰/۰۵	۲۳/۲±۰/۳۶	۴۸/۲±۰/۷۱	۸۵/۰±۱/۰۴	۱۲۴/۳±۱/۳۷	۱۵۷/۷±۱/۴۱

*، ** و ***: به ترتیب: اثر معنی‌دار در سطح احتمال (p< ۰/۰۵) ، (p<۰/۰۱) و (p< ۰/۰۰۱).

جدول ۴– موقعیت و اثر QTLهای مکان‌یابی شده در آنالیز مدل اثر افزایشی QTL

Table 4. Estimated QTL location and effect using additive QTL model

صفت	موقعیت (CM)	F	LOD	اثر افزایشی a±S.E	نزدیکترین نشانگر
وزن تولد	۱۹	۱۶/۶۹**	۳/۵۵	-۰/۲۸±۰/۰۷	GUJ0100
وزن یک هفتگی	۲۱	۱۳/۴۰**	۲/۸۶	-۱/۶۶±۰/۴۵	GUJ0100
وزن دو هفتگی	۲۱	۶/۰۰*	۱/۲۹	-۲/۲۰±۰/۹۰	GUJ0100

نتایج آنالیز مدل توام اثر افزایشی و غلبه QTL

در این آنالیز جایگاه ژنی مرتبط با صفت وزن تولد در موقعیت ۲۰ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) و جایگاه ژنی مرتبط با صفت وزن یک هفتگی در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) شناسایی شد که مشابه با آنالیز مدل شماره یک می‌باشد (جدول ۵).

جدول ۵– موقعیت و اثر QTLهای مکان‌یابی شده در آنالیز مدل توام اثر افزایشی و غلبه QTL

Table 5. Estimated QTL location and effect using joint additive and dominance QTL model

صفت	موقعیت (CM)	F	LOD	اثر افزایشی	اثر غلبه	نزدیکترین نشانگر
				a±S.E	d±SE	
وزن تولد	۲۰	۱۰/۰۶**	۴/۲۶	-۰/۲۹±۰/۰۶	۰/۱۸±۰/۰۹	GUJ0100
وزن یک هفتگی	۲۱	۶/۷۳*	۲/۸۸	-۱/۶۷±۰/۴۶	۰/۱۸±۰/۶۳	GUJ0100

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

نتایج آنالیز مدل اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL

در این آنالیز، علاوه بر اثر افزایشی و اثر غلبه QTL، اثر منشاء والدی (ایمپرینتینگ) نیز در نظر گرفته شده که نتایج حاصل از برازش این مدل، در جدول ۵ آمده است. جایگاه ژنی مرتبط با وزن تولد در موقعیت ۲۰ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) شناسایی شد که مشابه با آنالیز مدل شماره دو می‌باشد. جایگاه ژنی مؤثر بر صفت وزن یک هفتگی نیز مشابه با آنالیز شماره یک و دو در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) مکان‌یابی شد (جدول ۶).

نتایج آنالیز مدل اثر متقابل QTL و هچ

در این آنالیز، اثر متقابل QTL و هچ در نظر گرفته شد. جدول ۷ نتایج این آنالیز را نشان می‌دهد. بر اساس نتایج، جایگاه ژنی مرتبط با وزن تولد در موقعیت ۱۹ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) شناسایی شد، که مشابه با آنالیز مدل شماره یک می‌باشد. جایگاه ژنی مؤثر بر صفت وزن یک هفتگی در موقعیت ۲۱ سانتی مورگانی (p<۰/۰۵) مکان‌یابی شد.

جدول ۶- نتایج حاصل از مدل‌سازی اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL

Table 6. Results from joint modeling of QTL additive, dominance and imprinting effects

صفت	موقعیت (CM)	F	LOD	اثر افزایشی	اثر غلبه	اثر منشاء والدی	نزدیکترین نشانگر
				a±S.E	d±SE	i±SE	
وزن تولد	۲۰	۷/۷۶**	۴/۹۲	-۰/۳۰±۰/۰۷	۰/۱۳±۰/۱۰	۰/۱۱±۰/۰۶	GUJ0100
وزن یک هفتگی	۲۱	۴/۷۸**	۳/۰۷	-۱/۷۵±۰/۴۶	۰/۰۲±۰/۶۵	۰/۴۲±۰/۴۵	GUJ0100

جدول ۷- نتایج حاصل از مدل‌سازی اثر متقابل QTL و هچ

Table 7. Results from modeling of QTL additive and hatch interaction

صفت	موقعیت	هچ۱	هچ۲	هچ۳	هچ۴	هچ۵	F	LOD
		a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.	a±S.E.		
وزن تولد	۱۹	-۰/۲۱±۰/۱۵	-۰/۲۳±۰/۱۷	-۰/۲۲±۰/۱۶	-۰/۲۶±۰/۱۳	-۰/۴۶±۰/۱۵	۳/۶۸**	۳/۹۲
وزن یک هفتگی	۲۱	-۲/۷۵±۱/۰۱	-۱/۹۱±۱/۰۹	-۱/۷۹±۱/۰۷	-۱/۴۶±۰/۹۱	-۰/۴۵±۱/۰۲	۳/۲۱*	۳/۴۳

نتایج آنالیز مدل اثر متقابل QTL و جنس

در این آنالیز اثر متقابل QTL با جنس در نظر گرفته شده است. جدول ۸ نتایج حاصل از آنالیز شماره ۵ را نشان می‌دهد. در این آنالیز، جایگاه ژنی معنی‌داری برای صفت وزن تولد در موقعیت ۱۹ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱)، صفت وزن یک هفتگی در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی (p<۰/۰۱) مکان‌یابی شد. در این تحقیق برای صفات مختلف مرتبط با رشدQTLهای معنی‌دار با اثرات مختلف شناسایی شد که درصد واریانس ناشی از اثر QTLهای شناسایی شده برای صفات مورد بررسی در جداول ۹ و ۱۰ ارائه شده است.

جدول ۸- موقعیت و اثرQTLهای مکان‌یابی شده در آنالیز مدل اثر متقابل QTL و جنس

Table 8. Estimated location and effect of the mapped QTL using additive QTL and sex interaction model

صفت	موقعیت (CM)	اثر متقابل جنس و اثر افزایشی QTL		F	LOD
		نر	ماده		
		a±S.E.	a±S.E.		
وزن تولد	۱۹	-۰/۱۳±۰/۰۹	-۰/۴۶±۰/۱۰	۱۱/۳۱**	۴/۷۸
وزن یک هفتگی	۲۱	-۱/۶۶±۰/۶۰	-۱/۶۶±۰/۶۹	۶/۶۹**	۲/۸۵

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

جدول ۹- واریانس ناشی ازQTL و میزان اثر QTL برای صفات معنی‌دار حاصل از آنالیز مدل‌های ۱، ۲ و ۳

Table 9. QTL variance (percentage of the F2 phenotypic variance due to the QTL) and effect estimated for the significat traits using models 1, 2 and 3

صفت	موقعیت (CM)	درصد واریانس QTL	اثر QTL به واحد انحراف معیار	آمارهF
			a±S.E.	
وزن تولد	۱۹	۳/۶۵	-۰/۴۰±۰/۱۰	۱۶/۶۹**
وزن یک هفتگی	۲۱	۲/۹۱	-۰/۳۵±۰/۰۹	۱۳/۴۰*
وزن دوهفتگی	۲۱	۱/۱۹	-۰/۲۴±۰/۰۹	۶/۰۰*

صفت	موقعیت (CM)	درصد واریانس QTL		اثر QTL به واحد انحراف معیار		آمارهF
		A	D	a±S.E	d±SE	
وزن تولد	۲۰	۳/۶۵	۰ /۵۶۰	-۰/۴۲±۰/۰۹	۰/۲۶±۰/۱۴	۱۰/۰۶**
وزن یک هفتگی	۲۱	۲/۹۱	-۰/۰۰۲	-۰/۵ ۳±۰/۰۹	۰/۰۴±۰/۱۳	۶/۷۳**

صفت	موقعیت (CM)	درصد واریانس QTL			اثر QTL به واحد انحراف معیار			آمارهF
		A	D	I	a±S.E	d±SE	i±S.E	
وزن تولد	۲۰	۳/۶۵	۰/۵۶	۰/۴۸	۰/۴۴±۰/۰۹	۰/۱۹±۰/۱۴	۰/۱۶±۰/۰۹	۷/۷۶**
وزن یک هفتگی	۲۱	۲/۹۱	-۰/۰۰۲	-۰/۰۲	-۰/۳۷±۰/۰۹	۰/۰۰۴±۰/۱۳	۰/۰۹±۰/۰۹	۴/۷۸**

جدول ۱۰- واریانس ناشی از QTL و میزان اثر QTL برای صفات معنی‌دار حاصل از آنالیز مدل‌های ۴ و ۵

Table 10. QTL variance (percentage of the F2 phenotypic variance due to the QTL) and effect estimated for the significat traits using models 4 and 5

صفت	موقعیت (CM)	درصد واریانس QTL	اثر QTL به واحد انحراف معیار					آمارهF
			هچ۱	هچ۲	هچ۳	هچ۴	هچ۵	
وزن تولد	۱۹	۳/۱۳	-۰/۳۱±۰/۲۲	-۰/۳۳±۰/۲۴	-۰/۳۳±۰/۲۳	-۰/۳۸±۰/۱۹	-۰/۶۷±۰/۲۲	۳/۶۸**
وزن یک هفتگی	۲۱	۲/۶۰	-۰/۵۸±۰/۲۱	-۰/۴۰±۰/۲۳	-۰/۳۸±۰/۲۲	-۰/۳۱±۰/۱۹	-۰/۰۹±۰/۲۱	۳/۲۱*

صفت	موقعیت (CM)	درصد واریانس QTL	اثر QTL به واحد انحراف معیار		آمارهF
			نر	ماده	
			a±S.E	a±S.E	
وزن تولد	۱۹	۴/۷۳	-۰/۱۹±۰/۱۳	-۰/۶۷±۰/۱۵	۱۱/۳۱**
وزن یک هفتگی	۲۱	۲/۶۸	-۰/۳۵±۰/۱۳	-۰/۳۵±۰/۱۵	۶/۶۹**

در مجموع ۵ آنالیز مختلف، QTL مؤثر بر صفات وزن تولد، وزن یک هفتگی و وزن دو هفتگی شناسایی شد. در همه آنالیزهای مربوط به ۵ مدل مختلف، QTL مؤثر بر وزن تولد، در موقعیت ۱۹-۲۰ سانتی مورگانی شناسایی شد. صفات مرتبط با رشد مورد بررسی توسط مینویل و همکاران، شامل وزن پنج هفتگی و وزن هفت هفتگی پرندگان بود، اما این محققین برای هیچکدام از این صفات روی کروموزوم ۵، QTL معنی‌داری شناسایی نکردند (۸). اسمعیلی‌زاده و همکاران مطالعه‌ای را در زمینه شناسایی QTLهای مؤثر بر وزن بدن در سنین مختلف روی کروموزوم ۱ در خانواده‌های ناتنی حاصل از سویه وحشی بلدرچین ژاپنی انجام دادند و برای صفات وزن سه هفتگی، وزن چهار هفتگی، وزن پنج هفتگی و وزن شش هفتگی QTL معنی‌داری را شناسایی کردند (۲). نصیری و همکاران (۹) نیز QTLهای مرتبط با رشد را روی کروموزوم شماره ۲ بلدرچین ژاپنی گزارش کردند. در خصوص جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات رشد روی کروموزوم ۵ در بلدرچین ژاپنی گزارشی در دسترس نیست. در مطالعه حاضر جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات وزن تولد تا پنج هفتگی طی پنج آنالیز مختلف مورد بررسی قرار گرفتند. برای برخی صفات QTLهایی با اثرات مختلف معنی‌دار در موقعیت‌های مختلف شناسایی شد. برای صفت وزن تولد در آنالیز مدل اثر افزایشی QTL، QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۱۹سانتی‌مورگانی، در آنالیز مدل‌سازی اثر افزایشی و غلبه QTL، QTL با اثر افزایشی و غلبه معنی‌دار در

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

موقعیت ۲۰ سانتی‌مورگانی و در آنالیز مدل شامل اثر افزایشی، غلبه و ایمپرینتینگ QTL، QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۲۰ سانتی‌مورگانی شناسایی شد. در آنالیز اثر متقابل QTL و هچ، QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۱۹ سانتی‌مورگانی در هچ ۴ و ۵ شناسایی شد. در آنالیز اثر متقابل QTL و جنس، QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۱۹ سانتی مورگانی برای جنس ماده شناسایی شد. برای صفت وزن یک هفتگی در تمامی آنالیزها QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی شناسایی شد که QTL شناسایی شده در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگان با موقعیت نشانگرGUJ0100 در ناحیه ۲۱ سانتی‌مورگانی هم پوشانی دارد. جایگاه ژنی مؤثر برای این صفت در آنالیز اثر متقابل QTL و هچ، در هچ ۱ و در آنالیز اثر متقابل QTL و جنس در هر دو جنس معنی‌دار بود. وانگ و همکاران (۱۳) QTL مؤثر بر وزن یک هفتگی روی کروموزوم ۵ مرغ را در موقعیت ۱۲/۴سانتی مورگانی شناسایی کردند که با موقعیت‌های شناسایی شده برای این صفت در تحقیق حاضر هم خوانی ندارد. برای صفت وزن دو هفتگی فقط در آنالیز مدل اثر افزایشی QTL، QTL با اثر افزایشی معنی‌دار در موقعیت ۲۱ سانتی‌مورگانی شناسایی شد که با موقعیت نشانگرGUJ0100 در ناحیه ۲۱ سانتی‌مورگانی هم‌پوشانی دارد. جایگاه ژنی مرتبط با وزن دو هفتگی روی کروموزوم ۵ مرغ در موقعیت‌های ۱۱۰، ۸۴/۹، ۲۳/۱ و ۵۵ سانتی مورگانی به ترتیب توسط لی و همکاران (۶)، زو و همکاران (۱۴)، وانگ و همکاران (۱۳) و نی و همکاران (۱۰) گزارش شده است. البته فقط موقعیت گزارش شده در پژوهش وانگ تقریبا نزدیک به موقعیت گزارش شده در پژوهش حاضر می‌باشد. بقیه موقعیت‌ها، در فاصله دورتری نسبت به QTLهای شناسایی شده در پژوهش حاضر می‌باشند. در این پژوهش برای صفت وزن سه هفتگی روی کروموزوم ۵ بلدرچین QTL معنی‌داری شناسایی نشد. نی و همکاران (۱۰) در موقعیت ۵۵ و وانگ و همکاران (۱۳) در موقعیت ۱۷/۷سانتی‌مورگانی روی کروموزوم ۵ مرغ QTLهای معنی‌داری را برای این صفت شناسایی کردند. برای صفت وزن چهار هفتگی روی کروموزوم ۵ بلدرچین در این پژوهش QTL معنی‌داری شناسایی نشد. وانگ و همکاران (۱۳)، لی و همکاران (۶) و زو و همکاران (۱۴) به ترتیب در موقعیت‌های ۲۰/۲، ۱۱۰ و ۹۶/۵ سانتی‌مورگانی روی کروموزوم ۵ مرغ QTLهای معنی‌داری را برای این صفت شناسایی کردند. برای صفت وزن پنج هفتگی روی کروموزوم ۵ بلدرچین در این پژوهش QTL معنی‌داری شناسایی نشد. نی و همکاران (۱۰) در موقعیت ۵۵ وانگ و همکاران (۱۳) در موقعیت ۱۱۰ سانتی‌مورگانی روی کروموزوم ۵ مرغ QTLهای معنی‌داری را برای این صفت شناسایی کردند. با توجه به معنی‌دار شدن بالای برخی صفات روی کروموزوم شماره پنج از جمله وزن تولد، پیشنهاد می‌شود که در جمعیت نقشه‌یابی حاضر، با بررسی دقیق‌تر بر روی ژن‌های احتمالی موجود بر روی نواحی مرتبط با این صفات یا با به کار بردن ژن‌های کاندیدای موجود در این نواحی و بررسی ارتباط این ژن‌ها با فنوتیپ مشاهده شده در جمعیت، نقشه ژنتیکی مربوط به این صفات به طور دقیق‌تری مورد بررسی قرار گیرد. در صورتی نتایج این تحقیق می‌توانند به طور مستقیم در برنامه‌های اصلاح نژادی انتخاب به کمک نشانگر در بلدرچین ژاپنی به‌کار گرفته شوند که تفرقQTLهای شناسایی شده در سویه‌های تجاری نیز مورد تایید قرار گیرند. البته پیشنهاد می‌شود در مطالعات آتی، علاوه بر نشانگرهای مورد استفاده در این پژوهش، نشانگرهای ریزماهواره موجود بر نواحی مشابه ژنومی مرغ نیز تعیین ژنوتیپ شوند، تا نقشه دقیق‌تری از QTLهای مؤثر بر صفات مورد بررسی در این جمعیت حاصل شود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

منابع

1. Aslam, M.L., J.W.M. Bastiaansen, R.P.M.A. Crooijmans, A. Vereijken, H.J. Megens and M.A.M. Groenen. 2011. Whole genome QTL mapping for growth, meat quality and breast meat yield traits in Turkey, BMC Genetics, 12: 61.
2. Eamailizadeh, A.K., A. Baghizadeh and M. Ahmadizadeh. 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.
3. Honkatukia, M., M. Tuiskula-Haavisto and J. Vilkki. 2007. Chromosome region affecting body weight in egg layer. Agricultural and Food Science, 16: 177-187.
4. Jabbari Ori, R., A. EsmailZadeh, M. Ahmadizade and H. Charati. 2015. Study of the genetic group effects on behavioral and production traits and estimation of heterosis effect for carcass weight in Japanese quail (*Coturnix Coturnix Japonica*). Research on Animal Production, 6: 173-181.
5. Kayang, B.B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J.L. Monvosin, S. Ito and F. Minvieele. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. Animal Genetics, 35: 195-200.
6. Li, H., N. Deeb, H. Zhou, A.D. Mitchell, C.M. Ashwell and S.J. Lamont. 2003. Chicken quantitative trait loci for growth and body composition associated with transforming growth factor-beta genes. Poultry Science, 82: 347-56.
7. Marks, H.L. 1993. Carcass composition feed intake and feed efficiency following long-term selection for four-week body weight in Japanese quail. Poultry Science, 72: 1005-1011.
8. Minvielle, F., B. Kayang, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, A. Vignal, D. Gourichon, A. Neau, J. Monvoisin and S. Ito. 2005. Microsatellite mapping of qTL affecting growth, feed consumption egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. Genomics, 6: 87.
9. Nasirifar, E., A. Esmailizadeh Koshkoiyeh, H. Moradian, S. Sohrabi and M. Talebi. 2017. Study of quantitative trait loci affecting growth traits in Japanese quail usinga paternal half-sib design. Research on Animal Production, 8: 122-129.
10. Nie, Q.H., M.X. Fang, L. Xie, X. Shen, J. Liu, Z.P. Luo, J.J. Shi and X.Q. Zhang. 2010. Associations of ATGL gene polymorphisms with chicken growth and fat traits. Genetics, 51: 185-191.
11. Seaton, G., J. Hernandez, J.A. Grunchec, I. White, J. Allen, D.J. De Koning, W. Wei, D. Berry, C. Haley and S. Knott. 2006. GridQTL: A Grid Portal for QTL Mapping of Compute Intensive Datasets. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
12. Uemoto, Y., S. Sato, S. Odawara, H. Nokata, Y. Oyamada, Y. Taguchi, S. Yanai, O. Sasaki, H. Takahashi, K. Nirasawa and E. Kobayashi. 2011. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting growth and carcass trait in F_2 Intercross chickens. Poultry Science, 88: 477-482.
13. Wang, S.Z., X.X. Hu, Z.P. Wang, X.C. Li, Q.G. Wang, Y.X. Wang, Z.Q. Tang and H. Li. 2012. Quantitative trait loci associated with body weight and abdominal fat traits on chicken chromosomes 3, 5 and 7. Genetics and Molecular Research, 11: 956-65.
14. Zhou, H., N. Deeb, C.M. Evock-Clover, C.M. Ashwell and S.J. Lamont. 2006. Genome-Wide linkage analysis to identify chromosomal regions affecting phenotypic traits in the chicken: Growth and average daily gain. Poultry Science, 85: 1700-1711.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]

Mapping Quantitative Trait Affecting Live Weight on Chromosome 5 in Japanese Quail

Mahboubeh Iranmanesh[1], Ali Esmailizadeh[2] and Mohammadreza Mohammadabadi[3]

1 and 3- Graduated M.Sc. and Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
2- Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran(Corresponding author: aliesmaili@uk.ac.ir)
Received: February 16, 2015 Accepted: December 25, 2016

Abstract

The purpose of this work was to scan chromosome 5 for mapping QTL affecting live weight in an F_2 population. A three generation resource population was developed by using two distinct Japanese quail strains, wild and white to map quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits. Eight pairs of white (S) and wild (W) birds were crossed reciprocally and 34 F_1 birds were produced. The F_1 birds were intercrossed to generate 422 F_2 offspring. All of the birds from three generations (472 birds) were genotyped for three microsatellite markers on chromosome 5. Studied traits in this research were live weight from hatch to 5 weeks of age. QTL analysis was conducted applying the line-cross model and the least-squares interval mapping approach. In different situation QTL were live weight at hatch, live detected for weight at 1 week and 2 week. Although was theadditive effect for detected QTL significant but the dominant and tmprinting effects on these traits was not significant and the variance explained by the detected additive QTL effects ranged from 1.1 to 3.6 for different tariats.

Keywords: Japanese Quail, Live Weight, Mapping QTL, Microsatellite Marker

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.29252/rap.9.22.111]