

شناسایی نشانگرهای SNP مشترک مؤثر بر صفات وزن بدن و برخی قطعات لاشه در بلدرچین ژاپنی

Identification of Common Effective SNP Markers for Body Weight and Some Cut-Up Carcass Traits in Japanese Quail

مینا ظهراپی^{۱*}، حسین مهربان^۲، نصراله پیرانی^۳، احمد احمدی^۴، نرگس مداحی^۵، الهام رضوان نژاد^۶ و عباس پاکدل^۷

تاریخ دریافت: ۹۳/۰۵/۱۴ تاریخ پذیرش: ۹۵/۰۳/۳۰

چکیده

هدف از این مطالعه بررسی نشانگرهای چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) مشترک مؤثر بر صفات وزن بدن در دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه (کشتار شده در چهار هفتگی) بود. بدین منظور از داده‌های فنوتیپی ۱۰۵ قطعه بلدرچین و ۱۲۷۹۸ نشانگر SNP استفاده شد. همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد نظر با استفاده از مدل چهار صفتی برآورد شد به گونه‌ای که اثرات جنس و هج به‌عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شدند. همچنین روش تابعیت تک نشانگری برای برآورد اثر هر نشانگر برای صفات مورد نظر به کار گرفته شد. نتایج نشان داد که اثر جنس و هج بر چهار صفت مورد مطالعه معنی‌دار بود ($p < 0.0001$). بیشترین همبستگی بین وزن چهار هفتگی و وزن لاشه برآورد گردید (۰/۹۶). تعداد SNPهای مشترک مؤثر بر چهار صفت مذکور ۳ و ۳۶ عدد به ترتیب در سطوح معنی‌داری ۱ و ۵ درصد به دست آمدند. با توجه به همبستگی بالای بین صفات مورد بررسی، احتمالاً SNPهای مؤثر مشترک در بین چهار صفت بر روی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات و یا در نزدیکی آنها قرار گرفته‌اند.

واژه‌های کلیدی: وزن سینه، وزن لاشه، همبستگی فنوتیپی، مدل تک نشانگری

۱ و ۵. دانش‌آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد

۲ و ۳. به ترتیب استادیار و دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد

۴. استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا همدان، همدان

۶. استادیار گروه بیوتکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی و فناوری پیشرفته، کرمان

۷. دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان

* نویسنده مسوول Email: minazohrabi8@gmail.com

مقدمه

حدود چهار دهه پیش بلدرچین ژاپنی به دلیل داشتن جثه کوچک، سن بلوغ پایین، فاصله‌ی نسلی کوتاه و همچنین کارآیی بالا در تولید تخم و گوشت، به‌عنوان یک مدل حیوانی با ارزش مورد توجه بسیاری از محققان و پرورش‌دهندگان قرار گرفته است و پرورش بلدرچین را امروزه به صنعتی سودآور تبدیل نموده است منویلی و همکاران (Miniville et al., 2006).

در اکثر گونه‌های اهلی صفات وزن بدن به‌عنوان صفات مهم اقتصادی به‌شمار می‌روند. از نظر ژنتیکی این صفات به‌وسیله‌ی ژن‌های زیادی کنترل می‌شوند که هر یک از آنها در تظاهر فنوتیپ نهایی صفت به‌صورت مثبت یا منفی مؤثرند. با این حال درک عمیق نحوه کنترل ژنتیکی آنها به بهبود اقتصادی پرورش حیوانات کمک می‌کند. بنابراین جهت بهبود و تجزیه‌ی این صفات روش‌های قوی‌تر از جمله کاربرد نشانگرهای ژنتیکی توسعه پیدا کرده است یانگ و همکاران (Yang et al., 2014).

اولین نقشه ژنتیکی مبتنی بر نشانگرهای DNA در بلدرچین ژاپنی به‌وسیله‌ی نشانگرهای AFLP (Amplified fragment length polymorphism) ایجاد شد روسوت و همکاران (Roussot et al., 2003) و نقشه‌های مبتنی بر نشانگرهای ریزماهواره در سال ۲۰۰۴ منتشر گردید کیانگ و همکاران (Kayang et al., 2004). در حال حاضر بیشتر مطالعات انجام شده برای تشخیص جایگاه‌های کنترل‌کننده‌ی صفات در بلدرچین ژاپنی با استفاده از نشانگرهای ریز ماهورایی انجام شده است رضوان‌نژاد و همکاران؛ اسماعیلی‌زاده و همکاران؛ مرادیان و همکاران (Rezvannejad et al., 2011; Esmailizadeh et al., 2012; Moradian et al., 2014). منویلی و همکاران (2006) QTL های مؤثری برای وزن بدن، سن اولین تخمگذاری، عدم تحرک، وزن پوست تخم و دمای بدن بر روی کروموزوم شماره نه در بلدرچین ژاپنی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره و AFLP گزارش کردند. همچنین با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای، QTLهایی بر روی کروموزوم‌های شماره یک، دو و نه در ارتباط با صفات وزن سینه و وزن بدن در سن چهار هفتگی بلدرچین ژاپنی شناسایی گردید (منویلی و همکاران، 2006؛ رضوان‌نژاد و همکاران، 2011). یکی از مهم‌ترین نشانگرهایی که در حال حاضر در گونه‌هایی مانند مرغ استفاده می‌شود چندشکلی تک نوکلئوتیدی (Single nucleotide polymorphism (SNP)) است و مدتی است که وارد علم اصلاح نژاد دام شده است مویسن و همکاران (Meuwissen et al., 2001). نشانگرهای SNP نسبت به دیگر

نشانگرها از تراکم و پراکنش بهتری در سطح ژنوم برخوردارند. تراشه‌های SNP ابزاری ارزشمند برای تجزیه و تحلیل ژنومی انسان، گونه‌های جانوری و گیاهی هستند. در گونه‌ی مرغ اولین تراشه‌های SNP توسط وزارت کشاورزی آمریکا در سال ۲۰۰۸ منتشر شد فلتون (Fulton, 2012). مطالعات مختلفی با استفاده از این نشانگرها و ارتباط آنها با جایگاه کنترل‌کننده‌ی صفاتی مانند وزن بدن جو و همکاران (Gu et al., 2011)، سیستم ایمنی ون‌درپول و همکاران؛ سیفیدی و همکاران (van der Poel et al., 2011; Psifidi et al., 2016)، مصرف و بازدهی خوراک یوآن و همکاران (Yuan et al., 2015)، رفتارهای تهاجمی لی و همکاران (Li et al., 2016) و صفات ثانویه جنسی مانند ابعاد مختلف تاج شن و همکاران (Shen et al., 2016) در مرغ انجام گرفته است. در حال حاضر تراشه‌های SNP بلدرچین ژاپنی در دسترس نیست؛ اما با تعیین ژنوتیپ تعداد زیادی از جایگاه‌های SNP می‌توان اطلاعات کامل‌تری را در مورد ژن‌های کنترل‌کننده صفات مهم اقتصادی در این حیوان به دست آورد احمدی (Ahmadi, 2011).

هدف از این مطالعه شناسایی SNPهای مشترک مؤثر بر چهار صفت وزن در سنین دو و چهارهفتگی، وزن سینه و وزن لاشه بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از داده‌های فنوتیپی ۱۰۵ بلدرچین ژاپنی نسل F₂ استفاده شد. به‌طوری‌که پس از ۷ نسل انتخاب لاین سبک و سنگین وزن و تلاقی متقابل (تلاقی پدران سنگین وزن با مادران سبک وزن و پدران سبک وزن با مادران سنگین وزن) جهت تولید افراد نسل F₁ با یکدیگر آمیزش داده شدند. سپس افراد F₁ به وجود آمده باهم آمیزش داده شده و نسل F₂ را ایجاد کردند (رضوان‌نژاد و همکاران، 2011). جهت برآورد همبستگی بین صفات وزن دو هفتگی، چهار هفتگی، وزن لاشه و سینه در چهار هفتگی از بسته نرم‌افزاری MCMCglimm هادفیلد (Hadfield, 2010) در محیط R (نسخه 2, 0, 3) از مدل چهار صفتی زیر استفاده شد:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix} \quad (1)$$

در معادله بالا y_1 ، y_2 ، y_3 و y_4 به ترتیب بردارهای مشاهدات مربوط به وزن دو هفتگی، وزن چهار هفتگی و وزن سینه و وزن لاشه b_1 ، b_2 ، b_3 و b_4 به ترتیب بردارهای اثرات ثابت (اثرات میانگین، هج (در دو سطح) و جنس (نر و ماده))، برای صفت وزن دو هفتگی (b_1)، وزن چهار هفتگی (b_2)، وزن سینه (b_3) و

در معادله فوق y بردار فنوتیپی صفت موردنظر، b بردار اثرات میانگین، جنس (نر و ماده)، هج (در دو سطح) و نشانگر، e بردار باقیمانده و X ماتریس طرح که اثرات ثابت را به داده‌های فنوتیپی مرتبط می‌سازد.

نتایج و بحث

در این مطالعه میانگین وزن دو هفتگی، چهار هفتگی، سینه و لاشه به ترتیب $۶۶/۰۸$ ، $۱۴۹/۵۱$ ، $۲۸/۸۳$ و $۱۱۵/۸۹$ گرم به دست آمد (جدول ۱) که با نتایج رضوان‌نژاد و همکاران (2014) مطابقت زیادی دارد.

ولی و همکاران (Vali et al., 2005) وزن چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه را به ترتیب $۱۶۱/۲$ ، $۵۰/۸۱$ و $۱۲۵/۹$ گزارش کردند. همچنین ساتسی و همکاران (2006) میانگین وزن دو هفتگی را $۴۳/۱$ گرم و وزن چهارهفتگی را $۱۱۴/۵$ گرم به دست آوردند. در پژوهشی که توسط نارینک و همکاران (Narinc et al., 2010) صورت گرفت وزن دو و چهار هفتگی به ترتیب $۷۵/۵۹$ و $۱۵۵/۰۴$ گرم برآورد گردید. در مطالعه‌ای دیگر میانگین وزن سینه و لاشه بلدرچین ژاپنی در چهار هفتگی به ترتیب $۴۷/۱$ و $۱۲۰/۸$ گرم در لاین انتخاب شده (برای وزن سینه در چهار هفتگی) و ۴۰ و $۱۰۴/۶$ گرم در لاین کنترل به دست آمد. همچنین میانگین وزن چهار هفتگی در لاین انتخاب شده $۱۹۵/۲$ گرم و در لاین کنترل $۱۶۹/۵$ گرم مشاهده گردید (خالداری و همکاران، 2011).

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که اثرات جنس و هج بر وزن دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه معنی‌دار بود به گونه‌ای که پرندگان ماده وزن دو هفتگی، وزن چهار هفتگی، وزن سینه و وزن لاشه بیشتری نسبت به پرندگان نر داشتند (جدول ۲).

وزن لاشه (b_4) و e_1 ، e_2 ، e_3 و e_4 به ترتیب بردارهای اثرات تصادفی باقی‌مانده برای صفات وزن دوهفتگی، چهارهفتگی، وزن لاشه و سینه و در نهایت X_1 ، X_2 ، X_3 و X_4 ماتریس‌های طرح هستند که مشاهدات را به اثرات موردنظر مرتبط می‌سازند.

ماتریس واریانس - کوواریانس اثرات به صورت زیر است:

$$V \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 I & \sigma_{e_1, e_2} I & \sigma_{e_1, e_3} I & \sigma_{e_1, e_4} I \\ \sigma_{e_2, e_1} I & \sigma_{e_2}^2 I & \sigma_{e_2, e_3} I & \sigma_{e_2, e_4} I \\ \sigma_{e_3, e_1} I & \sigma_{e_3, e_2} I & \sigma_{e_3}^2 I & \sigma_{e_3, e_4} I \\ \sigma_{e_4, e_1} I & \sigma_{e_4, e_2} I & \sigma_{e_4, e_3} I & \sigma_{e_4}^2 I \end{bmatrix} \quad (2)$$

در ماتریس فوق I ماتریس قطری، σ_e^2 واریانس باقیمانده، σ_{e_i, e_j} کوواریانس بین اثرات باقیمانده صفت i ام و j ام هستند. جهت برآورد پارامترهای موجود در مدل، تعداد نمونه‌گیری گیبس ۱۱۰۰۰۰۰ ، تعداد دوره‌های سوخته ۱۰۰۰۰۰ و جهت کاهش خود همبستگی بین نمونه‌ها، فاصله بین آن‌ها ۱۰۰ نمونه در نظر گرفته شد و پارامترهای مدل براساس میانگین پسین آن‌ها تعیین شدند.

به دلیل در دسترس نبودن شجره امکان برآورد همبستگی ژنتیکی در این تحقیق فراهم نبود و اظهار نظر در مورد آن براساس مطالعات قبلی انجام شده در این زمینه صورت پذیرفت. در این مطالعه برای یافتن نشانگرهای SNP مشترک مؤثر بر چهار صفت وزن دوهفتگی، چهار هفتگی و وزن سینه از ۱۰۵ قطعه و برای وزن لاشه از داده‌های ۷۱ قطعه بلدرچین ژاپنی با ۱۲۷۹۸ نشانگر SNP (حمیدی، 2011) استفاده شد. داده‌های ژنوتیپی پس از ویرایش (حمیدی، 2011) با نرم‌افزار R و با روش رگرسیون تک نشانگری و تحت مدل زیر مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند:

$$y = Xb + e \quad (4)$$

جدول ۱: آمار توصیفی صفات وزن دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه (کشتر شده در سن ۲۸ روزگی)
Table 1: Descriptive statistics for two and four week body weight, breast and carcass weight (Slaughtered at 28 days of age)

خصوصیات آماری Statistical properties	وزن دو هفتگی Two week body weight	وزن چهارهفتگی Four week body weight	وزن سینه Breast weight	وزن لاشه Carcass weight
تعداد داده‌ها The number of data	105	105	105	71
میانگین Average	66.08	149.51	28.83	115.89
کمینه Minimum	40.85	76.80	11	63
بیشینه Maximum	101.50	200.00	41.80	166
انحراف استاندارد Standard deviation	12.40	22.29	6.30	18.44

جدول ۲: اثر جنس و هچ بر روی صفات وزن دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه

Table 2: The effect of sex and hatch on two and four week body weight, breast and carcass weight

صفات وزن بدن Body weight traits	تفاوت وزن دومین هچ با اولین هچ (گرم) The difference for body weight in the second hatch with the first hatch (gram)	تفاوت وزن جنس ماده با جنس نر (گرم) The difference for body weight in female with male (gram)	سطح احتمال p
وزن دو هفتگی Two week body weight	12.53	3.65	< 0.0001
وزن چهار هفتگی Four week body weight	8.61	7.70	< 0.0001
وزن سینه Breast weight	4.74	1.29	< 0.0001
وزن لاشه Carcass weight	2.16	4.74	< 0.0001

هستند. چون فاصله باور ۹۵ درصد عدد صفر را در بر نگرفته است (جدول ۳).

تجزیه و تحلیل مدل چهار صفتی نشان داد که بالاترین میزان همبستگی فنوتیپی برآورد شده مربوط به وزن چهار هفتگی با وزن لاشه (۰/۹۶) بود (جدول ۳) که این مقدار با نتایج رضوان-نژاد و همکاران (2014) و خالداری و همکاران (2011) نزدیک بوده (به ترتیب ۰/۹۷ و ۰/۹۳) اما بیشتر از مطالعه ولی و همکاران (2005) است (۰/۷۳). همبستگی ژنتیکی بالا بین وزن چهار هفتگی و وزن لاشه (۰/۸۷) (ولی و همکاران، 2005)، ۰/۹۰ (خالداری و همکاران، 2011) و ۰/۸۹ (رضوان-نژاد و همکاران، 2014)) نشان‌دهنده آن است که انتخاب برای وزن بدن در چهار هفتگی می‌تواند به‌عنوان معیاری برای بهبود صفت وزن لاشه باشد.

تحقیقات نشان داده است که در بلدرچین‌های انتخاب شده برای وزن چهار هفتگی میزان چربی حفره بطنی در جنس ماده به‌طور معنی‌داری بیشتر از نرها می‌باشد بیکی و همکاران (Beiki et al., 2008).

بلدرچین‌هایی که در هچ دوم متولد شده بودند در تمام صفات مورد بررسی وزن بیشتری داشتند (جدول ۲). می‌توان گفت که نوبت جوجه‌کشی با سن مادر ارتباط مستقیم دارد. بنابراین به نظر می‌رسد پرندگانی که مادران مسن‌تری داشته‌اند وزن بالاتری نسبت به پرندگان جوان‌تر داشتند که با نتایج خالداری و همکاران (2011) مطابقت دارد.

در مطالعه حاضر معنی‌داری همبستگی‌های فنوتیپی مورد بررسی قرار گرفت و مشاهده می‌شود که همبستگی‌های فنوتیپی به‌دست آمده در فاصله باور ۹۵ درصد معنی‌دار

جدول ۳: میانگین پسین، مرز پایین و بالای فاصله باور ۹۵٪ همبستگی فنوتیپی بین صفات وزن

Table 3: Posterior mean, lower and upper bound (95% credible interval of phenotypic correlation among weight traits)

صفات Traits	میانگین پسین Posterior mean	مرز پایینی (فاصله باور ۹۵٪) Lower bound (95% credible interval)	مرز بالایی (فاصله باور ۹۵٪) Upper bound (95% credible interval)
وزن دو و چهار هفتگی Two and four week body weight	0.61	0.48	0.72
وزن دو هفتگی و سینه Two week body weight and breast weight	0.52	0.38	0.66
وزن دو هفتگی و لاشه Two week body weight and carcass weight	0.61	0.48	0.73
وزن چهار هفتگی و سینه Four week body weight and breast weight	0.85	0.79	0.90
وزن چهار هفتگی و لاشه Four week body weight and carcass weight	0.96	0.94	0.97
وزن سینه و لاشه Breast and carcass weight	0.88	0.83	0.92

جدول ۴: تعداد (درصد) نشانگرهای معنی‌دار بر صفات وزن دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه به تفکیک سطح معنی‌دار

Table 4: Number (percentage) of significant markers on two and four week body weight, breast and carcass weight

سطح معنی‌دار Significant level	وزن دو هفتگی Two week body weight	وزن چهار هفتگی Four week body weight	وزن سینه Breast weight	وزن لاشه Carcass weight	نشانگرهای مشترک معنی‌دار (%) Significant common markers (%)
1	109 (0.85)	112 (0.87)	115 (0.89)	171 (1.33)	3 (0.02)
2	108 (1.70)	252 (1.82)	248 (1.93)	348 (2.70)	7 (0.54)
3	348 (2.70)	370 (2.89)	393 (3.07)	508 (3.96)	13 (0.10)
4	484 (3.78)	482 (3.76)	522 (4.07)	680 (5.31)	28 (0.22)
5	638 (4.98)	600 (4.68)	644 (5.03)	876 (6.84)	36 (0.28)

با تجزیه و تحلیل داده‌های ژنوتیپی با استفاده از روش تک نشانگری در سطوح معنی‌داری ۱، ۲، ۳، ۴ و ۵ درصد به ترتیب تعداد ۳، ۷، ۱۳، ۲۸ و ۳۶ نشانگر مشترک مؤثر بر هر چهار صفت مورد مطالعه شناسایی شد (جدول ۴) این نشانگرها در هر چهار وزن اثر هم‌علامت داشتند. بیشترین تعداد نشانگر معنی‌دار برای صفت وزن لاشه در سطح ۵ درصد مشاهده گردید و در این سطح کمترین نشانگر تأثیرگذار برای وزن بدن در چهار هفتگی مشاهده شد. با کاهش سطح معنی‌داری، تعداد SNPهای مؤثر بر صفات و همچنین تعداد SNPهای مشترک به دلیل افزایش قابلیت اطمینان از قضاوت آماری کاهش یافت (جدول ۴).

در بلدرچین ژاپنی نواحی کنترل‌کننده صفات وزن بدن از تولد تا چهار هفتگی با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره‌ای بر روی کروموزم‌های یک، دو و نه شناسایی گردید (رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۱؛ اسماعیلی‌زاده و همکاران، ۲۰۱۲). همچنین در مطالعه‌ای با هدف شناسایی جایگاه‌های مؤثر بر صفات وزن بدن و سرعت رشد با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره منجر به شناسایی QTLهای معنی‌داری شد (اوری *et al.*, ۲۰۱۴). برای شناسایی نواحی کنترل‌کننده صفات ترس و عدم تحرک در بلدرچین ژاپنی نشانگرهای SNP به کار برده شد که بیشترین تعداد SNP مؤثر این صفات روی کروموزم شماره یک قرار گرفته بود فریزاد (Frésard *et al.*, ۲۰۱۲). در جمعیتی از نسل F₂ حاصل از آمیزش مرغان نژاد ابریشمی و مرغ سفید پلیموت راک ۲۶ عدد SNP معنی‌دار بر روی صفات وزن بدن در دو، هفت، هشت، نه، ۱۰، ۱۱ و ۱۲ هفتگی شناسایی گردید که فقط یک SNP به صورت مشترک بر صفات وزن بدن در هفت، هشت، نه، ۱۰، ۱۱ و ۱۲ هفتگی مؤثر بود. همچنین دو SNP مشترک معنی‌داری نیز بر صفات وزن بدن در ۱۰، ۱۱ و ۱۲ هفتگی و پنج SNP مشترک معنی‌دار بر صفات وزن بدن در ۱۱ و ۱۲ هفتگی شناسایی گردید (جو و همکاران، ۲۰۱۱). بی و همکاران (Yi *et al.*, ۲۰۱۵) با استفاده از نشانگرهای متراکم (۵۳۲۲۹۹ نشانگر SNP) نشان دادند که چهار SNP به صورت

همبستگی فنوتیپی وزن بدن در چهار هفتگی با وزن سینه نیز بالا و به مقدار ۰/۸۵ بود (جدول ۳) که در مطالعات دیگر این همبستگی به مقدار ۰/۸۲ (خالداری و همکاران، ۲۰۱۱)، ۰/۹۳ (رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴) و حتی ۰/۶۸ (ولی و همکاران، ۲۰۰۵) گزارش شده است. به علاوه میزان همبستگی ژنتیکی بین این دو صفت در مطالعات مختلف دامنه‌ای از ۰/۶۹ تا ۰/۸۶ داشت (ولی و همکاران، ۲۰۰۵؛ خالداری و همکاران، ۲۰۱۱؛ رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴).

همبستگی فنوتیپی بین وزن دو هفتگی و وزن لاشه یا وزن چهار هفتگی ۰/۶۱ و وزن دو هفتگی و سینه ۰/۵۲ مشاهده شد (جدول ۳). در مطالعات دیگر همبستگی فنوتیپی وزن بدن بین دو و چهار هفتگی نیز متوسط تا بالا و در حدود ۰/۵۳ (نارینک و همکاران، ۲۰۱۰) تا ۰/۸۸ (رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴) گزارش گردید. اما همبستگی‌های ژنتیکی دارای مقادیر بیشتری بودند و دامنه‌ای از ۰/۷۹ تا ۰/۹۴ داشتند (ساتسی و همکاران، ۲۰۰۶؛ نارینک و همکاران، ۲۰۱۰؛ رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴). نشان داده شده است که میزان همبستگی فنوتیپی بین وزن دو هفتگی و لاشه (۰/۶۹) بیشتر از وزن دو هفتگی و سینه (۰/۶۴) است. به علاوه همبستگی ژنتیکی بین وزن دو هفتگی و لاشه ۰/۵۶ و وزن دو هفتگی و سینه ۰/۵۰ گزارش گردیده است (رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴).

همبستگی فنوتیپی وزن سینه و لاشه ۰/۸۸ به دست آمد که در مطالعات دیگر بین ۰/۸۶ تا ۰/۹۹ مشاهده گردید. به علاوه همبستگی ژنتیکی بین این دو صفت در دامنه‌ای بین ۰/۸۷ تا ۰/۹۴ گزارش شده است (ولی و همکاران، ۲۰۰۵؛ خالداری و همکاران، ۲۰۱۱؛ رضوان‌نژاد و همکاران، ۲۰۱۴).

با توجه با نتایج به دست آمده برای همبستگی‌های فنوتیپی و مطالعات دیگر ذکر شده در زمینه همبستگی‌های ژنتیکی می‌توان گفت که ژن‌های مشترکی زیادی هستند که به طور توأم چهار صفت وزن دو و چهار هفتگی، وزن سینه و لاشه را کنترل می‌کنند.

در نزدیکی آن‌ها قرار گرفته باشد لذا پیشنهاد می‌شود به دلیل اهمیتی که صفات وزن بدن، وزن سینه و لاشه در بلدرچین ژاپنی دارند نتایج حاصل با روش تجزیه و تحلیل کل ژنوم به صورت توأم نیز مورد ارزیابی قرار گیرد.

سیاسگزاری

بدینوسیله از گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران و حسن مهربانی‌یگانه به خاطر در اختیار گذاشتن اطلاعات اولیه این تحقیق تشکر و قدردانی می‌شود.

مشترک بر صفت وزن تخم مرغ در هفته‌های مختلف تخم‌گذاری تأثیر گذارند. در مطالعه‌ای که برای ارتباط نشانگرهای SNP با پارامترهای ایمنی بدن در مرغان تخم‌گذار انجام شد ۵۹ نشانگر معنی‌دار در ارتباط با این صفات گزارش گردید که برخی از آن‌ها به صورت مشترک این صفات را تحت تأثیر قرار دادند (وزدرپل و همکاران، ۲۰۱۱). در اردک نیز یک SNP معنی‌دار مشترک برای وزن تولد، وزن هشت هفتگی، وزن لاشه و سینه مشاهده شد وو و همکاران (2011, WU et al.).

براساس نتایج تحقیق حاضر می‌توان نتیجه گرفت با توجه به همبستگی بالای بین این صفات احتمالاً SNPهای مؤثر مشترک در بین چهار صفت بر روی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات و یا

منابع:

جهت مطالعه منابع به صفحه‌های ۳-۴ متن انگلیسی مراجعه شود.

Identification of Common Effective SNP Markers for Body Weight and Some Cut-Up Carcass Traits in Japanese Quail

Mina Zohrabi^{1*}, Hossein Mehrban², Nasrolah Pirani³, Ahmad Ahmadi⁴, Narges Madahi⁵, Elham Rezvannejad⁶ and Abbas Pakdel⁷

Abstract

The objective of this study was to investigate common effective single nucleotide polymorphism (SNP) on two and four week body weight, breast and carcass weights traits (slaughtered at 28 days of age) in Japanese quail. For this purpose, phenotypic data of 105 birds and 12798 SNPs were used. Phenotypic correlation among the interested traits were estimated using a multiple (four) trait model, such that the effects of sex and hatch were considered as a fixed effects. Also, a single marker regression method was applied to estimated marker (SNP) effect for each traits. The results showed that the effect of sex and hatch on the interested traits were significant ($p < 0.0001$). The highest correlation was estimated between four week body weight and carcass weight (0.96). The number of common effective SNPs were 3 and 36 for 1% and 5% significant levels, respectively. Due to the high correlation among these traits, probably common effective SNPs are located on or near the genes controlling these traits.

Keywords: Breast weight, Carcass weight, Phenotypic correlation, Single marker model

References

- Ahmadi, A. 2011. Mapping of loci affecting on some performance traits in Japanese quail. PhD Thesis, the College of Agriculture and Natural Resources, Tehran University. p. 99. (In Farsi).
- Beiki, H., Pakdel, E. and Moradi-Shahrehabak, M. 2008. Examine the composition and characteristics in Japanese quail. National Conference of Livestock and Poultry Industry, Iran. 1-4. (In Farsi)
- Esmailzadeh, K. A., Baghizadeh, A. and Ahmadzadeh, M. 2012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight on chromosome line commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science*, 52: 64-68.
- Frésard, L., Leroux, S., Dehais, P., Servin, B., Gilbert, H., Bouchez, O. and Pitel, F. 2012. Fine mapping of complex traits in non-model species using next generation sequencing and advanced intercross lines in Japanese quail. *BMC Genomics*, 13: 551.
- Fulton, J. E. 2012. Genomic selection for poultry breeding. *Animal Frontiers*, 2: 30-36.
- Gu, X., Feng, C., Ma, L., Song, C., Wang, Y., Da, Y. and Li, N. 2011. Genome wide association study of body weight in chicken F₂ resource population. *PLoS One*, 6: e21872.
- Hadfield, J. D. 2010. MCMC methods for multi-response generalized linear mixed models: The mixed models: the MCMCglmm R package. *Journal of Statistical Software*, 33: 1-22.
- Kayang, B. B., Vignal, A., Inoue, M., Miwa, M., Monvoisin, J. L., Ito, S. and Minvielle, F. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics*, 35: 195-200.
- Khaldari, M., Mehrbani Yeganeh, M., Pakdel, A., Nejati-Javaremi, A. and Berg, P. 2011. Response to family selection and genetic parameters in Japanese quail selected for four week breast weight. *Archive Tierzucht*, 54: 212-223.
- Li, Z., Zheng, M., Abdalla, B.A., Zhang, Z., Xu, Z., Ye, Q., Xu, H., Luo, W., Nie, Q. and Zhang, X. 2016. Genome-wide association study of aggressive behaviour in chicken. *Scientific reports*, 6.

^{1, 5} . Graduated M.Sc. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahrekord University, Shahrekord

^{2, 3} . Assistant and Associated Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahrekord University, Shahrekord

⁴ Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Buali University, Hamedan

⁶ Assistant Professor, Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman.

⁷ Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan.

- Meuwissen, T., Hayes, B. J. and Goddard, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense markers maps. *Genetics*, 157: 1819-1829.
- Minville, F., kayang, B., Mmarayama, M., Miwa, A., Gourichon, D., Neau, A., Monvoision, J. and Ichito, S. H. 2006. Microsatellite mapping of QTL affecting growth feed consumption egg production tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*, 7: 26-32.
- Moradian, H., Esmailzadeh, A. K., Sohrabi, S. S., Nasirifar, E., Askari, N., Mohammadabadi, M. R. and Baghizadeh, A. 2014. Genetic analysis of an F₂ intercross between two strains of Japanese quail provided evidence for quantitative trait loci affecting carcass composition and internal organs. *Molecular Biology Reports*, 41 (7): 4455-4462.
- Narinc, D., Aksoy, T. and Karaman, E. 2010. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quails. *Journal Animal Science*, 9: 501-507.
- Ori, R. J., Esmailzadeh, A. K., Charati, H., Mohammadabadi, M. R. and Sohrabi, S. S. 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.
- Psifidi, A., Banos, G., Matika, O., Desta, T.T., Bettridge, J., Hume, D.A., Dessie, T., Christley, R., Wigley, P., Hanotte, O. and Kaiser, P. 2016. Genome-wide association studies of immune, disease and production traits in indigenous chicken ecotypes. *Genetics Selection Evolution*, 48: 74.
- Rezvannejad, A., Pakdel, E., Mirae Ashtiany, S. R., Mehrabani Yeghane, H. and Yaghoby M. M. 2011. QTL mapping for body weight up to 28 days of age using candidate regions in Japanese quail. *Iranian Journal of Animal Science*, 34: 423-430. (In Farsi).
- Rezvannejad, A. Yaghoobi, M. and Rashki, M. 2014. Quantitative trait loci for body weight and carcass traits in Japanese quail. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 2 (1): 49-55.
- Roussot, O., Fève, K., Plisson-Petit, F., Pitel, F., Faure, J. M., Beaumont, C. and Vignal, A. 2003. AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. *Genetic Selection Evolution*, 35: 559-572.
- Saatci, M., Omed, H. and Dewi, I. 2006. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 85: 185-190.
- Shen, M., Qu, L., Ma, M., Dou, T., Lu, J., Guo, J., Hu, Y., Yi, G., Yuan, J., Sun, C. and Wang, K. 2016. Genome-Wide Association Studies for Comb Traits in Chickens. *PloS one*, 11: e0159081.
- Vali, N., Edriss, M. A. and Rahmani, H. R. 2005. Genetic parameter of body and some carcass traits in two quail strains. *Journal of Poultry Science*, 4: 296-300.
- van der Poel, J. J., Biscarini, F., Rodenburg, B. T., van Arendonk, J., Aparmentier, H. K., Jungerius, A. P. and Bovenhuis, H. 2011. Across-line SNP association study for immune and behavioral traits in laying hens. *BMC Proceedings*, 5: 18
- Wu, Y., Pan, A. L., Pi, J. S., Pu, Y. J., Du, J. P., Liang, Z. H. and Shen, J. 2012. One novel SNP of growth hormone gene and its associations with growth and carcass traits in ducks. *Molecular Biology Reports*, 39: 8027-8033.
- Yang, J., Zhu, W., Chen, J., Zhang, Q., and Wu, S. 2014. Genome-wide Two-marker linkage disequilibrium mapping of quantitative trait loci. *BMC Genetics*, 15: 20-49.
- Yi, G., Shen, M., Yuan, J., Sun, C., Duan, Z., Qu, L., Dou, T., Ma, M., Lu, J., Guo, J. and Chen, S. 2015. Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens. *BMC genomics*, 16: 1.
- Yuan, J., Wang, K., Yi, G., Ma, M., Dou, T., Sun, C., Qu, L.J., Shen, M., Qu, L. and Yang, N. 2015. Genome-wide association studies for feed intake and efficiency in two laying periods of chickens. *Genetics Selection Evolution*, 47: 1.