

## شناسایی جایگاه صفات کمی تأثیرگذار بر صفات اسکلتی بر روی کروموزوم دوم بلدرچین ژاپنی

### Identification of QTL (Quantitative Trait Loci) Affecting Skeletal Traits on Second Chromosome of Japanese Quail

احسان نصیری فر<sup>۱\*</sup>، علی اسمعیلی زاده کشکوئی<sup>۲</sup> و مرجان احمدی<sup>۳</sup>

تاریخ دریافت: ۹۴/۰۹/۰۹

تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۰/۲۶

#### چکیده

هدف از انجام این تحقیق شناسایی جایگاه‌های صفات کمی مرتبط با صفات اسکلتی روی کروموزوم شماره دو بلدرچین ژاپنی بود. تعداد هشت پرندۀ نر و هشت پرندۀ ماده از دو سویه وحشی (W) و سفید (S) به عنوان نسل والد (F<sub>0</sub>) انتخاب و بین آن‌ها تلاقی دوطرفه صورت گرفت. تعداد ۴۲۲ پرندۀ نسل F<sub>2</sub> حاصل از تلاقی تصادفی پرندگان نسل F<sub>1</sub> (۱۷ نتاج (SW) حاصل از تلاقی نر سفید × ماده وحشی (۱۴ پرندۀ ماده و سه پرندۀ نر) و ۱۷ نتاج (WS) حاصل از تلاقی نر وحشی × ماده سفید (۱۱ پرندۀ ماده و شش پرندۀ نر)) در پایان دوره ۳۵ روزه پرورش کشتار شده و مورد رکورد برداری فنوتیپی صفات مربوط به استخوان قرار گرفته و نمونه‌های خون آن‌ها برای تعیین ژنوتیپ چهار نشانگر ریزماهواره روی کروموزوم دو جمع‌آوری شدند. آنالیز QTL به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون انجام گردید و اثر عوامل QTL با استفاده از سه مدل آماری متفاوت (مدل افزایشی، مدل افزایشی و غلبه، مدل افزایشی، غلبه و نقش‌پذیری) برآورد و ۱۹ QTL مرتبط با نه صفت شناسایی شد. صفات وزن پای چپ، وزن ران و قطر پای چپ و راست تقریباً در بیشتر مدل‌ها دارای QTL معنی‌دار بودند. نتایج این مطالعه نشان داد که جایگاه‌های ژنی مؤثری روی کروموزوم شماره دو وجود دارد که با داشتن اثر عوامل پلیوتروپی و وراثت غیرمندی (نقش‌پذیری ژنومی) بر روی برخی از صفات استخوانی با سطح معنی‌داری ( $P < 0.05$  و  $P < 0.01$ ) تأثیر می‌گذارند.

واژه‌های کلیدی: آنالیز QTL، پلیوتروپی، مارکر میکروساتلایت، نقش‌پذیری، نقشه‌یابی

۱. دانش‌آموخته دکتری گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی و صنایع غذایی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات تهران، تهران، ایران

۲ و ۳. به ترتیب استاد و دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان

Email: ehsan.nasirifar@gmail.com

\*: نویسنده مسوول

## مقدمه

ساختار اسکلت اطلاعات پایه در زمینه روند تکامل، رشد و بیماری‌های استخوان در اختیار ما قرار می‌دهد. کنی هانت و همکاران (Kenney-Hunt *et al.*, 2006) معتقدند که اسکلت سیستم پیچیده‌ای است که اجزای آن به صورت وابسته به همدیگر عمل می‌کنند. متابولیسم این سیستم تحت تأثیر چندین فاکتور شامل ژنتیک، محیط و شیوه زندگی قرار می‌گیرد. کنی هانت و همکاران (Kenney-Hunt *et al.*, 2008) و نیز رابین و همکاران (Rubin *et al.*, 2007a) بر این باورند که جنبه‌های ژنتیکی شامل تعداد و اندازه اثر ژن، اثر غالبیت در جایگاه‌های ژنی، اثر اپیستازی و الگوهای پلیوتروپی است. ثابت شده است که عوامل ژنتیکی نقش مهمی در توسعه فنوتیپ‌های اسکلتی مختلف دارند. آردن و همکاران (Arden *et al.*, 1996) معتقدند که حدود ۷۰ تا ۸۰ درصد واریانس ژنتیکی تراکم مواد معدنی استخوان مربوط به فاکتورهای ژنتیکی است، در حالی که دنگ و همکاران (Deng *et al.*, 2000) معتقدند که ۲۵ تا ۳۵ درصد شکنندگی استخوان را به فاکتور ژنتیک مرتبط می‌دانند. برای متابولیسم استخوان و تفاوت‌های فردی در صفاتی از قبیل طول استخوان مجموعه‌ای از ژن‌ها توسط رابین و همکاران (2007) روی مرغ شناسایی شده است.

ارتباط تعدادی از جایگاه‌های صفات کمی با صفات اسکلت از قبیل مشخصات مکانیکی استخوان روی مرغ توسط رابین و همکاران (Rubin *et al.*, 2007b) با موفقیت شناسایی شده است. شورود و همکاران (Cheverud *et al.*, 1996) بر این باورند که نقشه‌یابی جایگاه‌های صفات کمی اجازه می‌دهد که ارزیابی پارامترهای کلی‌تر مؤثر بر خصوصیات فیزیکی شامل تعداد جایگاه‌های تحت تأثیر واریانس صفات، میزان تأثیر و خصوصیات غالبیت و اپیستازی بین جایگاه‌ها مانند پلیوتروپیک و جنس، تخمین زده شوند.

اختلالات اسکلتی ذکر شده در گله‌های طیور علل مختلفی دارند و مرثر و هیل (Mercer and Hill, 1984) نشان دادند که بعضی از تغییرات پاتولوژی اسکلت ارثی هستند. سولیوان (Sullivan, 1994) معتقد است که تلفات طیور ناشی از اختلالات اسکلتی باعث افزایش مرگ‌ومیر و کاهش ارزش لاشه آن‌ها می‌شود. مشکلات استخوانی پا یکی از چهار فاکتور اصلی شناخته شده و محدودکننده عملکرد جوجه‌های گوشتی است. دی (Day, 1990) و جولیان (Julian, 1998) معتقدند به دلیل رشد سریع جوجه‌های گوشتی، رسیدن به وزن مناسب بازار در سن پایین باعث مشکلات پا شده و باعث تلفات بیشتر نسبت به طیور با رشد کمتر می‌شود. براساس تحقیقات کوک (Cook, 2000)، ساختار ژنتیکی نقش قابل ملاحظه‌ای در توسعه سیستم اسکلتی

دارد، بنابراین ژانگ و همکاران (Zhang *et al.*, 2010) شناسایی جایگاه ژنی مرتبط با صفات اسکلتی به منظور انتخاب به کمک نشانگر را روشی برای کاهش این مشکلات می‌دانند.

بلدرچین ژاپنی متعلق به راسته گالیفرم و خانواده فازیانیده می‌باشد واکاسوگی (Wakasugi, 1984) که دارای تعداد  $2n=78$  کروموزوم است. شیوساوا و همکاران (Shibusawa *et al.*, 2001) طول ژنوم این پرنده را مشابه با مرغ بیان نمودند. این پرنده دارای خصوصیات منحصر به فرد است که سبب شده طی سال‌های اخیر به عنوان یک حیوان آزمایشگاهی مناسب مورد توجه قرار گیرد. در چندین مطالعه که روی کروموزوم‌های دو، پنج، شش، هفت، هشت و نه یک جمعیت  $F_2$  مرغ (تلاقی گوشتی و تخم‌گذار) برای صفات اسکلت و وزن بدن توسط شارمن و همکاران (Sharman *et al.*, 2007) صورت گرفته است محققان جایگاه‌های صفات کمی معنی‌داری را برای این صفات شناسایی کردند. در تحقیقی دیگر با استفاده از یک جمعیت  $F_2$  روی کروموزوم‌های سه، چهار، شش، هفت، هشت، ده، ۱۱، ۱۳، ۱۸ و ۲۷ مرغ برای صفات اسکلتی جایگاه ژنی مؤثر شناسایی شد شروئیس و همکاران (Schreiweis *et al.*, 2003). در مطالعه‌ای دیگر با استفاده از یک جمعیت  $F_2$  در جوجه‌های گوشتی، روی کروموزوم‌های یک، چهار، پنج، شش، هشت، ۱۴ و Z چندین جایگاه ژنی مؤثر شناسایی شد ژو و همکاران (Zhou *et al.*, 2007). ضرورت انجام تحقیق از آنجا مشخص می‌شود که شناسایی QTL‌های مرتبط با صفات استخوان به درک کلی از ساختار ژنتیکی، شناسایی ژن‌هایی که به تنوع فنوتیپی رشد استخوان منجر می‌شوند، بهبود رشد بدنی و جلوگیری از ناهنجاری‌های اسکلتی بلدرچین و هم‌چنین برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر کمک خواهد کرد. هم‌چنین ژن‌های مکان‌یابی شده، ژن‌های کاندید مرتبط با صفات استخوان در بلدرچین خواهند بود. هدف از این مطالعه شناسایی جایگاه‌های صفات کمی مرتبط با صفات اسکلتی است.

## مواد و روش‌ها

## جمعیت نقشه‌یابی

از دو سویه وحشی (W) و سفید (S) تعداد هشت پرنده نر و هشت پرنده ماده به‌عنوان نسل والد ( $F_0$ ) انتخاب و بین آن‌ها تلاقی دوطرفه (نر سفید  $\times$  ماده وحشی و نر وحشی  $\times$  ماده سفید) صورت گرفت. برای تولید نسل دوم ( $F_2$ )، ۳۴ پرنده از بین پرندگان نسل اول ( $F_1$ )، (۱۷ نتاج (SW) حاصل از تلاقی نر سفید  $\times$  ماده وحشی (۱۴ پرنده ماده و سه پرنده نر) و ۱۷ نتاج (WS) حاصل از تلاقی نر وحشی  $\times$  ماده سفید (۱۱ پرنده ماده و شش پرنده نر) انتخاب شدند. از تلاقی نرهای SW با ماده‌های WS

کار برده شد. شرایط دمایی لازم برای انجام PCR شامل واسرشت‌سازی اولیه ۹۵ درجه سانتی‌گراد برای ۴ دقیقه، انجام ۳۰ سیکل با مرحله‌ی واسرشت‌سازی ۹۴ درجه برای ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها با شیوه کایانگ و همکاران ( Kayang *et al.*, 2004) (برای هر نشانگر در جدول ۱ ذکر شده است) برای ۹۰ ثانیه، سنتز ۶۳ درجه برای ۹۰ ثانیه و سنتز نهایی ۷۲ درجه برای ۹۰ ثانیه بود.

### نقشه‌یابی جایگاه صفات کمی

نقشه‌یابی و آزمون معنی‌داری برای تلاقی F<sub>2</sub>، با استفاده از روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون ارائه شده توسط نات و همکاران (Knott *et al.*, 1998) انجام شد. براساس این مدل آماری یک جایگاه صفات کمی در فواصل یک سانتی‌مورگان در طول کروموزوم دو، نقطه‌ای که دارای بیش‌ترین آماره F بود به‌عنوان محتمل‌ترین موقعیت جایگاه صفات کمی در نظر گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن جایگاه صفات کمی نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی در سطوح یک و پنج درصد بود که با استفاده از روش تبدیل چرچیل و درگ (Churchill and Doerge, 1994) محاسبه شد. مقادیر به‌دست آمده از آنالیز تعداد ده هزار سری داده، برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم‌وجود جایگاه صفات کمی، رتبه‌بندی شدند. آنالیزها با استفاده از نرم‌افزار آنالیز GridQTL سیتان و همکاران (Seaton *et al.*, 2006) انجام شد.

### آنالیز آماری

برای آنالیز داده‌ها از چند مدل استفاده شد که برای کاهش آثار باقی‌مانده و افزایش قدرت تشخیص اثر عوامل ژنتیکی، جنس و هج به‌عنوان اثر عوامل ثابت در نظر گرفته شدند.

مدل (۱)

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

مدل (۲)

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

مدل (۳)

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

که در این مدل‌ها،  $Y_{ijk}$ ، مشاهده مربوط به  $i$  امین هج (در پنج سطح)،  $Z$  امین جنسیت (در دو سطح) و  $k$  امین پرده،  $\mu$  میانگین جمعیت،  $H_i$  و  $S_j$  به ترتیب اثر عوامل ثابت هج و جنس،  $a$  و  $d$  و  $i$  اثر عوامل افزایشی (اختلاف ژنوتیپ‌های هموزیگوت qq با QQ)، غلبه (انحراف میانگین Qq از میانگین دو ژنوتیپ هموزیگوت qq و QQ) و نقش‌پذیری (تفاوت دو ژنوتیپ هتروزیگوت Qq و qq).  $P_{ak}$  احتمال شرطی حیوان  $k$  برای حمل آلل سویه وحشی،

تعداد ۱۵۳ پرده (SWWS) F<sub>2</sub> (۶۴ ماده و ۸۹ نر) و از تلاقی نرهای WS با ماده‌های SW تعداد ۲۳۰ پرده (WSSW) F<sub>2</sub> (۹۶ ماده و ۱۳۴ نر) تولید شدند. تلاقی بین ماده‌های WS و نرهای WS نیز انجام شد و تعداد ۳۹ (۱۶ ماده و ۲۳ نر) پرده (WSWS) نسل F<sub>2</sub> (در مجموع ۴۲۲ پرده نسل F<sub>2</sub>) تولید شد. در نسل F<sub>2</sub> برای تولید نتاج بیشتر، هر نر با سه ماده آمیزش داشت. جمعیت نقشه‌یابی شامل ۴۷۲ پرده بود که طی پنج هج متوالی ایجاد گردید.

### نمونه DNA

نمونه خون افراد F<sub>2</sub>، پرندگان نسل F<sub>1</sub> و والدین آن‌ها (F<sub>0</sub>) در حین کشتار در سن ۳۵ روزگی جمع‌آوری شد. برای این کار، به محض کشتار ۲/۵ میلی‌لیتر از خون پرده، درون لوله‌های آزمایش پلاستیکی در دار که حاوی EDTA (به‌منظور جلوگیری از لخته شدن خون) بود، ریخته شد. DNA به روش نمکی - کلر میلر و همکاران (Miller *et al.*, 1988) استخراج شد.

### صفات فنوتیپی

صفات فنوتیپی مربوط به تعداد ۴۲۲ پرده F<sub>2</sub> شامل وزن سینه، وزن استخوان سینه، وزن گوشت سینه، وزن ران، وزن گوشت ران، وزن استخوان ران، طول استخوان ران، قطر استخوان ران، وزن استخوان درشت نی، وزن استخوان بازو، طول استخوان بازو، قطر استخوان بازو، وزن پای راست، طول پای راست، قطر پای راست، وزن پای چپ، طول پای چپ و قطر پای چپ اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری طول و وزن استخوان‌ها، ابتدا تمامی قسمت‌های عضله از استخوان جدا و به کمک ترازویی با دقت ۰/۰۱ وزن استخوان و طول استخوان با استفاده از کولیس (بر حسب میلی‌متر) اندازه‌گیری و ثبت گردید.

### نشانگرهای ریزماهواره و تعیین ژنوتیپ

برای یافتن جایگاه‌های مرتبط با صفات اسکلت در بلدرچین از چهار نشانگر ریزماهواره در کروموزوم شماره دو (جدول ۱) استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز برای نشانگرها در تمام نمونه‌ها انجام شد. قطعه تکثیر شده با ولتاژ ۲۲۰ الکتروفورز و با استفاده از ژل پلی‌اکریل‌امید تفکیک گردید. رنگ‌آمیزی ژل‌ها به کمک نیترات نقره صورت گرفت و تمام افراد تعیین ژنوتیپ شدند.

برای انجام واکنش PCR، یک میکرولیتر DNA، ۰/۵ میکرولیتر dNTP، یک میکرولیتر MgCl<sub>2</sub>، ۲/۵ میکرولیتر بافر 10x، ۱۶/۵ میکرولیتر آب، ۰/۳ میکرولیتر آنزیم Taq پلی‌مرز و یک میکرولیتر از هر کدام از پرایمرها به ازای هر نمونه‌ی PCR به

احتمال شرطی حیوان  $k$  که هتروزیگوس باشد و  $P_{ik}$  احتمال شرطی حیوان  $k$  که هتروزیگوس است و آلل سویه وحشی را از پدرش به ارث برده است،  $e_{ijk}$  اثر تصادفی باقی مانده است. علاوه بر مدل های ذکر شده، اثر متقابل عوامل هج و جنس با اثر افزایشی، غلبه و نقش پذیری جایگاه صفات کمی (هر کدام از مدل ها با عوامل هج و جنس اثر متقابل داشتند) نیز مورد بررسی قرار گرفت.

## نتایج و بحث

تعداد مشاهدات  $F_2$  برای هر صفت، میانگین تصحیح شده هر صفت برای اثر عوامل ثابت، مقدار حداقل و حداکثر برای هر صفت، انحراف معیار باقی مانده و ضریب تغییرات صفات محاسبه و در جدول ۲ آورده شده است. بیشترین تغییرات مربوط به وزن لاشه سرد (۱۲/۶۵) و کمترین مربوط به طول پای چپ (۰/۳۵) بود.

نتایج حاصل از آنالیز اثر افزایشی جایگاه صفات کمی تنها برای وزن پای چپ ( $P < 0/05$ ) در ۶۰ سانتی مورگانی کروموزوم دو، جایگاه صفات کمی معنی دار پیشنهاد کرد که نزدیکترین نشانگر به این جایگاه GUJ0093 بود (جدول ۳).

بررسی همزمان اثر عوامل افزایشی و غلبه برای وزن پای چپ در موقعیت ۱۴ سانتی مورگانی ( $P < 0/01$ )، وزن سینه ۳۵ سانتی مورگانی ( $P < 0/01$ )، وزن گوشت سینه ۳۸ سانتی مورگانی ( $P < 0/05$ ) و وزن لاشه سرد در صفر سانتی مورگانی ( $P < 0/05$ ) برای اثر عوامل غلبه جایگاه ژنی مؤثر شناسایی کرد. این صفات با اثر غلبه منفی معنی دار شدند. نزدیکترین نشانگر به جایگاه

شناسایی شده برای وزن پای چپ GUJ0069، برای صفات وزن سینه و وزن گوشت سینه نشانگر GUJ0084 و برای صفت وزن لاشه سرد GUJ0073 است (جدول ۴).

با آنالیز اثر متقابل افزایشی و غلبه جایگاه صفات کمی با هج برای صفات وزن گوشت سینه، قطر پای چپ، وزن لاشه سرد، وزن پای چپ، وزن ران و طول استخوان درشت نی جایگاه ژنی مؤثر ( $P < 0/05$ ) شناسایی شدند. نزدیکترین نشانگر به جایگاه های شناسایی شده برای صفات وزن گوشت سینه، وزن سینه و طول استخوان درشت نی GUJ0084، قطر پای چپ، وزن ران و وزن لاشه سرد GUJ0073 و نشانگر نزدیک به صفت وزن پای چپ GUJ0069 می باشد (جدول ۵).

هنگام بررسی اثر متقابل افزایشی و غلبه جایگاه صفات کمی با اثر جنس برای صفات طول پای راست در موقعیت ۴۵ سانتی مورگانی ( $P < 0/05$ )، وزن پای چپ در موقعیت ۱۴ سانتی مورگانی ( $P < 0/01$ )، وزن سینه در ۳۹ سانتی مورگانی ( $P < 0/05$ ) و برای وزن گوشت سینه در موقعیت ۴۲ سانتی مورگانی ( $P < 0/05$ ) جایگاه معنی دار شناسایی شد. این صفات با اثر غلبه منفی، معنی دار شدند. نشانگر نزدیک برای جایگاه صفات طول پای راست، وزن سینه و وزن گوشت سینه GUJ0084 و برای صفت وزن پای چپ GUJ0069 است (جدول ۶).

در مدل شماره ۳ برای صفت وزن پای چپ در موقعیت ۱۴ سانتی مورگانی، وزن سینه ۳۶ سانتی مورگانی و برای وزن گوشت سینه در موقعیت ۳۹ سانتی مورگانی روی کروموزوم دو جایگاه ژنی مؤثر ( $P < 0/05$ ) شناسایی شد (جدول ۷ و شکل ۱).

جدول ۱: مشخصات کلی نشانگرهای ریزماهواره مورد مطالعه در این تحقیق

Table 1: General characteristics of the microsatellite markers

دما Temperature (°C) <sup>۳</sup>	دامنه اندازه آلی (باز جفت) <sup>۲</sup> Allele size range (bp) <sup>۲</sup>	توالی آغازگر Oligo sequence		موقعیت <sup>۱</sup> (سانتی مورگان) Position <sup>۱</sup> (cM)	نشانگر Marker
		رفت (5'-3') Forward (5'-3')	برگشت (5'-3') Reverse (5'-3')		
52	144-160	GCTGCTATTCTGTGATGTG	CAACTGCAAAGACAACATCC	0	GUJ0073
54	201-211	TTCAGGGTAGCAGTCATCTC	CACCAACCACCTTCATCTTC	13	GUJ0069
55	159-165	ACTCCTCCTTTCTCCCTC	TCCCCTCCTCCGATGTGTTT	44	GUJ0084
60	213-231	CTCTGTATTGTAAGTGGC	AGCCATAGAGGGCTATTAAG	60	GUJ0093

۱. موقعیت نشانگرها روی کروموزوم دو بلدرچین ژاپنی براساس نقشه پیوستگی، ۲. جفت باز، ۳. دمای بهینه اتصال آغازگر به رشته الگو

1. Marker position on chromosome 2 of Japanese quail based on linkage map, 2. Base pair, 3. Annealing temperature

جدول ۲: خلاصه آمار توصیفی داده‌های فنوتیپی بلدرچین‌های نسل F<sub>2</sub>  
Table 2: Summary descriptive statistics for phenotypic data of F<sub>2</sub> generation quails

درصد ضریب تغییرات CV (%)	انحراف معیار باقی‌مانده <sup>۳</sup> (r.s.d) <sup>3</sup>	حداکثر Max	حداقل Min	میانگین <sup>۲</sup> Mean <sup>2</sup>	تعداد <sup>۱</sup> Number <sup>1</sup>	صفت Trait
12.65	13.22	141.00	46.30	104.50	421	وزن لاشه سرد (گرم) Cold carcass weight (gr)
0.21	0.72	6.87	1.75	3.52	399	وزن استخوان سینه (گرم) Breast bone weight (gr)
0.13	0.07	0.90	0.32	0.55	394	وزن استخوان ران (گرم) Thigh bone weight (gr)
0.04	1.71	42.50	29.60	39.03	394	طول استخوان ران (میلی‌متر) Thigh bone length (mm)
0.08	0.23	3.61	1.97	2.80	398	قطر استخوان ران (میلی‌متر) Thigh bone diameter (mm)
0.13	0.08	0.99	0.33	0.60	400	وزن استخوان درشت نی (گرم) Tibia weight (gr)
0.16	0.09	0.99	0.36	0.62	399	وزن استخوان بازو (گرم) Forearm bone weight (gr)
0.05	1.91	45.20	23.10	37.87	398	طول استخوان بازو (میلی‌متر) Forearm bone length (mm)
0.11	0.32	4.70	1.50	2.92	396	قطر استخوان بازو (میلی‌متر) Forearm bone diameter (mm)
0.15	0.04	0.61	0.13	0.30	400	وزن پای راست (گرم) Right leg weight (gr)
0.04	1.30	39.21	25.13	31.40	400	طول پای راست (میلی‌متر) Right leg length (mm)
0.07	0.19	3.06	1.64	2.48	400	قطر پای راست (میلی‌متر) Right leg diameter (mm)
0.13	0.04	0.50	0.19	0.30	398	وزن پای چپ (گرم) Left leg weight (gr)
0.04	1.10	34.00	26.40	31.17	398	طول پای چپ (میلی‌متر) Left leg length (mm)
0.07	0.18	2.94	1.52	2.47	400	قطر پای چپ (میلی‌متر) Left leg diameter (mm)

۱. تعداد مشاهدات برای هر صفت، ۲. میانگین تصحیح شده برای اثر عوامل ثابت جنس و هج، ۳. انحراف معیار باقی‌مانده

1. Number of observations for each trait, 2. Mean adjusted for fixed effects included in the model. 3. Residual standard deviation (r.s.d) after fitting the basic fixed effects

جدول ۳: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر افزایشی QTL  
Table 3: Summary results of analysis of the additive QTL effect

نشانهگر <sup>۵</sup> Marker <sup>5</sup>	V <sub>QTL</sub> <sup>۴</sup> QTL Variance <sup>4</sup>	اثر QTL QTL effect A (SE) <sup>3</sup>	آماره F <sup>۲</sup> F-Statistics <sup>2</sup>	موقعیت (سانتی‌مورگان) <sup>۱</sup> Position (cM) <sup>1</sup>	صفت Trait
GUJ0093	0.01	-0.01 (0.00)	6.86*	60	وزن پای چپ Left leg weight

۱. موقعیت QTL برحسب سانتی‌مورگان، ۲. \*، P < 0.05، اثر معنی‌دار QTL در احتمال خطای در سطح ۵ درصد در سطح کروموزوم، ۳. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۴. واریانس QTL، ۵. نزدیک‌ترین نشانگر به موقعیت QTL

1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \*, P < 0.05, 3. Additive effect of QTL (Standard error), 4. QTL variance, 5. Closest marker to QTL position

جدول ۴: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر افزایشی و غلبه QTL

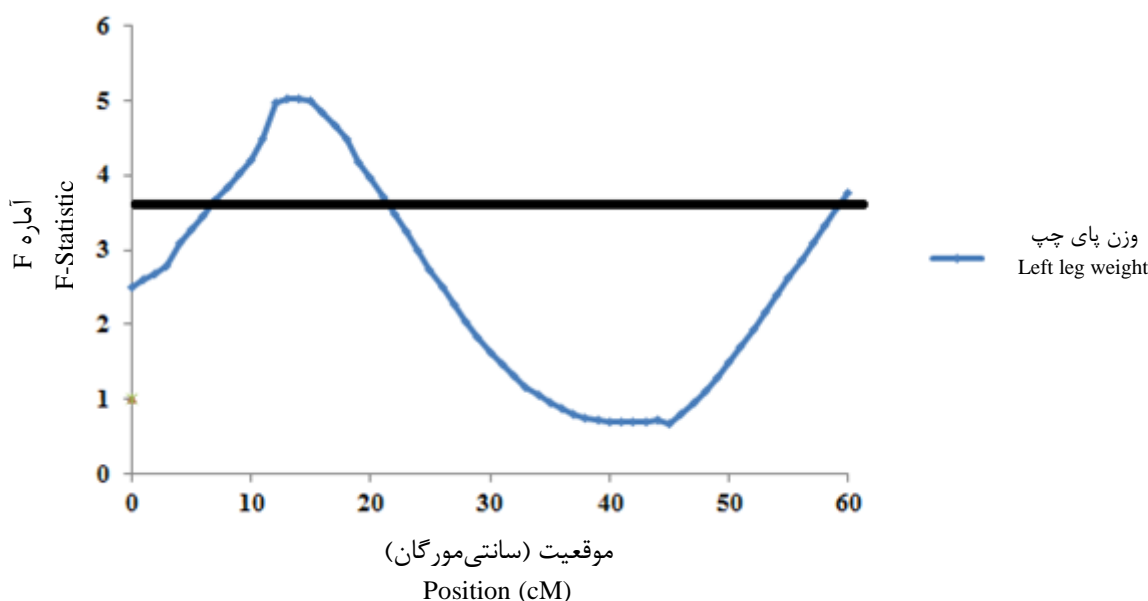
Table 4: Summary results of analysis of the additive and dominance QTL effects

نشانهگر <sup>۶</sup> Marker <sup>۶</sup>	V <sub>QTL</sub> <sup>۵</sup> QTL Variance <sup>۵</sup>	اثر QTL QTL effect		آماره F <sup>۲</sup> F-Statistics <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup> Position (cM) <sup>۱</sup>	صفت Trait
		A (SE) <sup>۴</sup>	D (SE) <sup>۳</sup>			
GUJ0069	4.34	-	-0.02 (0.01)	7.48**	14	وزن پای چپ Left leg weight
GUJ0073	1.66	-	-7.18 (2.39)	4.55*	0	وزن لاشه سرد Cold carcass weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. \* و \*\*. به ترتیب اثر معنی دار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم، ۳. اثر غلبه QTL

(اشتباه استاندارد)، ۴. اثر افزایشی QTL، ۵. واریانس QTL، ۶. نزدیک ترین نشانگر به موقعیت QTL

1. Position of QTL based on Centimorgan, 2. \* and \*\*. P < 0.05; P < 0.01, respectively, 3. Dominance effect of QTL (Standard error), 4. Additive effect of QTL (Standard error), 5. QTL variance, 6. Closest marker to QTL position



شکل ۱: پروفیل آماره F حاصل از برازش مدل با اثرات افزایشی، غلبه و نقش پذیری QTL. خط افقی آستانه معنی داری در سطح خطای ۵ درصد را نشان می دهد

Fig. 1: The test statistic profile resulted from the fitting model with additive, dominance and imprinting QTL effects. The horizontal line represents significant threshold in 5% level

در آنالیز اثر متقابل افزایشی، غلبه و نقش پذیری جایگاه صفات کمی با جنس برای صفت وزن پای چپ، وزن سینه و وزن گوشت سینه جایگاه ژنی مؤثر شناسایی گردید. این صفات در سطح پنج درصد و با اثر غلبه منفی (صفت وزن پای چپ در جنس ماده و وزن پای راست و وزن گوشت سینه در جنس نر) معنی دار شدند. نشانگر نزدیک به جایگاه شناسایی شده برای صفت وزن پای چپ GUJ0069 و برای صفات وزن سینه و وزن گوشت سینه GUJ0084 می باشد (جدول ۹).

در بررسی اثر متقابل افزایشی، غلبه و نقش پذیری جایگاه صفات کمی با هیچ برای صفات قطر پای چپ، قطر پای راست و وزن لاشه سرد در موقعیت صفر سانتی مورگان (نزدیک ترین نشانگر GUJ0073)، وزن ران در موقعیت یک سانتی مورگان (نزدیک ترین نشانگر GUJ0073)، وزن پای چپ در موقعیت ده سانتی مورگان (نزدیک ترین نشانگر GUJ0069)، وزن سینه در موقعیت ۳۴ سانتی مورگان و وزن گوشت سینه در موقعیت ۳۵ سانتی مورگان (نزدیک ترین نشانگر GUJ0084) جایگاه ژنی مؤثر شناسایی شد. سطح معنی داری برای این صفات به غیر از وزن ران، سطح پنج درصد بود (جدول ۸).

جدول ۵: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با هج

Table 5: Summary results of analysis of the additive and dominance QTL effects by hatch interaction

اثر متقابل QTL و هج QTL effects by hatch interaction		هج	نشانهگر <sup>۴</sup>	V <sub>QTL</sub> <sup>۳</sup>	آماره F <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup>	صفت
D (SE) <sup>۶</sup>	A (SE) <sup>۵</sup>	Hatch	Marker <sup>۴</sup>	QTL Variance <sup>۳</sup>	F-Statistic <sup>۲</sup>	Position (cM) <sup>۱</sup>	Trait
-	0.22(0.07)	5	GUJ0073	2.87	2.20*	0	قطر پای چپ Left leg diameter
-0.03(0.01)	-	5	GUJ0069	6.25	2.11*	13	وزن پای چپ Left leg weight
-	-2.38(0.67)	4	GUJ0084	2.59	2.05*	44	طول استخوان درشت نی Tibia length
-15.05(4.76)	-	5	GUJ0073	3.34	2.44*	0	وزن لاشه سرد Cold carcass weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. \* اثر معنی دار QTL در سطح ۵ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیکترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL (اشتباه استاندارد)

1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \*. P < 0.05, 3. QTL variance, 4. Closest marker to QTL position, 5. Additive effect of QTL (Standard error), 6. Dominance effect of QTL (Standard error)

جدول ۶: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر متقابل افزایشی و غلبه QTL با جنس

Table 6: Summary results of analysis of the additive and dominance QTL effects by sex interaction

اثر متقابل QTL و جنس QTL effects by sex interaction		جنس	نشانهگر <sup>۴</sup>	V <sub>QTL</sub> <sup>۳</sup>	آماره F <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup>	صفت
D (SE) <sup>۶</sup>	A (SE) <sup>۵</sup>	Sex	Marker <sup>۴</sup>	QTL Variance <sup>۳</sup>	F-Statistic <sup>۲</sup>	Position (cM) <sup>۱</sup>	Trait
-0.90 (0.26)	-	2	GUJ0084	2.19	3.25*	45	طول پای راست Right leg length
-0.04 (0.01)	-	2	GUJ0069	4.54	4.46**	14	وزن پای چپ Left leg weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. \* و \*\* به ترتیب اثر معنی دار QTL در سطح ۵ و ۱ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیکترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL

1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \* and \*\*. P < 0.05, P < 0.01, respectively, 3. QTL variance, 4. Closest marker to QTL position, 5. Additive effect of QTL (Standard error), 6. Dominance effect of QTL (Standard error)

جدول ۷: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر افزایشی، غلبه و نقش پذیری QTL

Table 7: Summary results of analysis of the additive, dominance and imprinting QTL effects

نشانهگر <sup>۷</sup> Marker <sup>۷</sup>	V <sub>QTL</sub> <sup>۶</sup> QTL Variance <sup>۶</sup>	اثر QTL QTL effect			آماره F <sup>۲</sup> F-Statistic <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup> Position (cM) <sup>۱</sup>	صفت Trait
		A (SE) <sup>۵</sup>	D (SE) <sup>۴</sup>	I (SE) <sup>۳</sup>			
GUJ0069	4.34	-0.01 (0.00)	-0.02 (0.01)	0.01 (0.01)	5.02*	14	وزن پای چپ Left leg weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲. \* اثر معنی دار QTL در سطح ۵ درصد در سطح کروموزوم، ۳. اثر نقش پذیری QTL، ۴. اثر غلبه QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. واریانس QTL، ۷. نزدیکترین نشانگر به موقعیت QTL

1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \*. P < 0.05, 3. Imprinting effect of QTL (Standard error), 4. Dominance effect of QTL (Standard error), 5. Additive effect of QTL (Standard error), 6. QTL variance, 7. Closest marker to QTL position

جدول ۸: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر متقابل افزایشی، غلبه و نقش پذیری QTL با هج

Table 8: Summary results of analysis of the additive, dominance and imprinting QTL effects by hatch interaction

اثر متقابل QTL و هج QTL effects by hatch interaction			هج	نشانهگر <sup>۴</sup>	<sup>۳</sup> V <sub>QTL</sub>	آماره F <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup>	صفت Trait
I (SE) <sup>۷</sup>	D (SE) <sup>۶</sup>	A (SE) <sup>۵</sup>	Hatch	Marker <sup>۴</sup>	QTL Variance <sup>۳</sup>	F-Statistic <sup>۲</sup>	Position (cM) <sup>۱</sup>	
0.17 (0.05)	-	-	1	GUJ0073	3.25	1.09*	0	قطر پای راست
-	-	0.18 (0.07)	3					Right leg diameter
-	-	-0.02 (0.01)	4	GUJ0069	6.25	1.93*	10	وزن پای چپ
-	-0.02 (0.01)	-	5					Left leg weight
0.12 (0.05)	-	-	1	GUJ0073	3.73	2.03*	0	قطر پای چپ
-	-	0.22(0.07)	3					Left leg diameter
-	-12.41 (4.65)	-	4	GUJ0073	3.74	2.08*	0	وزن لاشه سرد
-	-14.39 (4.84)	-	5					Cold carcass weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲، \*، اثر معنی دار QTL در سطح ۵ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیک ترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL، ۷ اثر نقش پذیری QTL  
1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \*, P < 0.05, 3. QTL variance, 4. Closest marker to QTL position, 5. Additive effect of QTL (Standard error), 6. Dominance effect of QTL (Standard error), 7. Imprinting effect of QTL (Standard error)

جدول ۹: خلاصه نتایج حاصل از آنالیز اثر متقابل افزایشی، غلبه و نقش پذیری QTL با جنس

Table 9: Summary results of analysis of the additive, dominance and imprinting QTL effects by sex interaction

اثر متقابل QTL و جنس QTL effects by sex interaction			جنس	نشانهگر <sup>۴</sup>	<sup>۳</sup> V <sub>QTL</sub>	آماره F <sup>۲</sup>	موقعیت (سانتی مورگان) <sup>۱</sup>	صفت Trait
I (SE) <sup>۷</sup>	D (SE) <sup>۶</sup>	A (SE) <sup>۵</sup>	Sex	Marker <sup>۳</sup>	QTL Variance <sup>۳</sup>	F-Statistic <sup>۲</sup>	Position (cM) <sup>۱</sup>	
-	-0.04(0.01)	-	2	GUJ0069	4.54	3.00*	14	وزن پای چپ
								Left leg weight

۱. موقعیت QTL بر حسب سانتی مورگان، ۲، \*، اثر معنی دار QTL در سطح ۵ درصد در سطح کروموزوم، ۳. واریانس QTL، ۴. نزدیک ترین نشانگر به موقعیت QTL، ۵. اثر افزایشی QTL (اشتباه استاندارد)، ۶. اثر غلبه QTL، ۷ اثر نقش پذیری QTL  
1. Position of QTL based on Centimorgan, 2, \*, P < 0.05, 3. QTL variance, 4. Closest marker to QTL position, 5. Additive effect of QTL (Standard error), 6. Dominance effect of QTL (Standard error), 7. Imprinting effect of QTL (Standard error)

ارتباط هستند. با توجه مطالعات بررسی شده، در حال حاضر جایگاه‌های صفات کمی شناسایی شده مرتبط با صفات استخوان در طیور کم است.

آنالیز نقشه‌یابی جایگاه صفات کمی کروموزوم دو در بلدرچین ۱۹ جایگاه صفات کمی مرتبط با نه صفت را نشان داد. در مجموع ۱۹ نقطه از کروموزوم که دارای بالاترین آماره آزمون بودند به‌عنوان QTL شناسایی شدند که در مقایسه کلی بین این جایگاه‌ها، با توجه به نزدیک بودن برخی از جایگاه‌ها به یکدیگر، این جایگاه‌ها به‌صورت یک جایگاه در نظر گرفته شد. برای صفت وزن پای چپ (۱۰، ۱۳، ۱۴، ۶۰ سانتی مورگان)، وزن سینه (۳۴، ۳۵، ۳۶، ۳۹، ۴۰ سانتی مورگانی)، وزن گوشت سینه (۳۳، ۳۵، ۳۸، ۳۹، ۴۲ سانتی مورگانی)، وزن ران (یک و دو سانتی مورگانی) و قطر پای چپ و راست (صفر سانتی مورگان) چندین جایگاه شناسایی شد. با توجه به مجاور بودن جایگاه‌های مختلف شناسایی شده برای برخی صفات (از جمله وزن پای چپ، وزن سینه، وزن گوشت سینه و وزن ران)، می‌توان این جایگاه‌ها را به‌صورت یک QTL در نظر گرفت که بر صفت مورد نظر تأثیر دارد. بعضی از صفات نیز جایگاه مشترکی با هم دارند (وزن پای

ایجاد نقشه‌های ژنتیکی گرون و همکاران (Groenen *et al.*, 2000) با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی با پلی مورفیسم بالا ارائه شده توسط کروویجمانس و همکاران (Crooijmans *et al.*, 1997) و مدل‌های آماری مناسب هالی و همکاران (Haley *et al.*, 1994) ، ابزاری را فراهم می‌کند که برای نقشه‌یابی صفات پیچیده در طیور ضروری هستند. تعدادی از مطالعات نقشه‌یابی در لاین‌های متفاوت طیور از لحاظ فنوتیپی و ژنوتیپی، انجام شده است. مطالعات ساساکی و همکاران (Sasaki *et al.*, 2004) و نیز سیوک و همکاران (Siwek *et al.*, 2004) روی شناسایی جایگاه‌های مرتبط با وزن بدن، مطالعه وان کام و همکاران (Van Kaam *et al.*, 1999) روی بازده غذایی، مطالعه کارلبورگ و همکاران (Carlborg *et al.*, 2003) روی رشد، بررسی جنین و همکاران (Jennen *et al.*, 2004) روی خصوصیات لاشه و تحقیق کرج و همکاران (Kerje *et al.*, 2003) و توئیسکولا و همکاران (Tuiskula *et al.*, 2002) روی صفات تولیدی متمرکز شده است. دیگر محققان نظیر لی و همکاران (Li *et al.*, 2003) و ژو و همکاران (2007) ژن‌های کاندیدایی را شناسایی کرده‌اند که به‌طور بالقوه با واریانس صفات مرتبط با سالم بودن استخوان در



سانتی‌مورگان و کروموزوم یک در ۴۰۹ سانتی‌مورگان، قطر درشت نی (کروموزوم یک در ۱۸۰ سانتی‌مورگان) شناسایی کردند. در مطالعه‌ای دیگر با استفاده از یک جمعیت  $F_2$  بر روی مرغ برای طول استخوان درشت نی بر روی کروموزوم‌های سه (۱۶۳ و ۲۹۲ سانتی‌مورگانی)، چهار (۲۳۰ سانتی‌مورگانی)، ۱۳ (۳۲ سانتی‌مورگانی) و ۲۷ (۳۳ و ۳۹ سانتی‌مورگانی)، قطر استخوان درشت نی بر روی کروموزوم‌های چهار (۲۲۰-۲۰۰ سانتی‌مورگانی)، شش (۱۰۴ سانتی‌مورگانی)، هشت (۷۶ سانتی‌مورگانی)، ۱۱ (۱۲ سانتی‌مورگانی)، ۱۳ (۳۶ سانتی‌مورگانی)، جایگاه ژنی مؤثر شناسایی کرد (شروئیس و همکاران، ۲۰۰۳). افرادی با قطر بیشتر و طول بلندتر استخوان درشت نی می‌توانند برای رشد سریع مناسب تر باشند و می‌توان گفت که ظرفیت بدنی بهتری برای افزایش وزن دارند. اما لازم به ذکر است که همان‌گونه که رابین و همکاران (۲۰۰۷) بررسی کردند استخوان‌های بزرگ استرس‌های بیومکانیکی بیشتری را تحمل می‌کنند. بنابراین داده‌های ژنتیکی حاصل از این تحقیق و تحقیقات مشابه می‌تواند در شناسایی ژن یا ژن‌های تأثیرگذار بر درشت نی و انتخاب مناسب افراد از لحاظ نسبت وزن قسمت‌های مختلف بدن به اندازه، شکل و فرم استخوان برای جلوگیری از این اختلالات مورد استفاده قرار گیرد.

یکی از نگرانی عمده پرورش جوجه‌های گوشتی با سرعت رشد بالا، بروز مشکلات پا محسوب می‌شود که عواقب آن زیان‌های اقتصادی و کاهش رفاه حیوانات است. مشکلات پا شامل اختلالاتی است که توسط چندین عامل کنترل می‌شود که پیکوستو و همکاران (۲۰۱۴) (Peixoto et al., 2014) عامل تعیین‌کننده اصلی آن را انتخاب شدید برای تسریع رشد می‌دانند که بر بازده خوراک، عملکرد رشد، افزایش رشد لاشه و مرگ‌ومیر در مراحل پایانی رشد جوجه‌های گوشتی و رفاه تأثیر منفی دارد. در یک تحقیق ژو و همکاران (۲۰۰۷) با استفاده از جمعیت  $F_2$  حاصل از تلاقی نرهای گوشتی با ماده‌های خالص لگهورن و فایومی برای وزن پا بر روی کروموزوم‌های یک و چهار در جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با لگهورن و بر روی کروموزوم یک، هشت، ۱۴ و Z جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با فایومی، برای صفت طول پا بر روی کروموزوم‌های یک، چهار، شش و ۱۴ در جوجه‌های گوشتی حاصل از تلاقی با لگهورن و بر روی کروموزوم یک و هشت جوجه‌های حاصل از تلاقی با فایومی جایگاه ژنی مؤثر شناسایی کرد. در این مطالعه برای وزن پای چپ (۱۰، ۱۳، ۱۴، ۶۰ سانتی‌مورگان) و قطر پای چپ و راست (صفر سانتی‌مورگان) روی کروموزوم دو، جایگاه ژنی مؤثر شناسایی شد. شناسایی این جایگاه‌ها می‌تواند بر مدیریت صحیح این اختلالات مؤثر باشد.

چپ، وزن پای راست و قطر پای راست صفر سانتی‌مورگان، وزن سینه و وزن گوشت سینه ۳۵ سانتی‌مورگانی). واریانس فنوتیپی ناشی از جایگاه صفات کمی محدوده‌ای بین ۰/۰۱ تا ۶/۲۵ داشت. تفاوت زیاد بین سویه‌های والدی باعث شناسایی جایگاه‌های صفات کمی معنی‌دار برای صفات مربوط به اسکلت شده است. در این مطالعه برای شناسایی تفاوت‌های تصادفی در مدیریت، از هیچ‌های مختلف استفاده شد و هیچ به‌عنوان یک اثر ثابت در آنالیز مدل استفاده شده است.

از جمله صفاتی که به‌طور غیرمستقیم با صفات استخوانی در ارتباط هستند می‌توان به صفات وزن گوشت ران و سینه اشاره کرد. گوشت ران ۲۶ تا ۲۸ درصد لاشه را در بلدرچین به خود اختصاص داده و از لحاظ وزنی بعد از گوشت سینه مهم‌ترین قسمت لاشه است. ژن‌های کنترل‌کننده وزن بدن، در بیشتر مواقع اثر عوامل پلیوتروپی روی اسکلت دارند. افراد بزرگ‌تر اغلب استخوان‌های بزرگ‌تری دارند و این استخوان‌ها استرس‌های بیومکانیکی بیشتری را نسبت به افراد کوچک‌تر تحمل می‌کنند. رابین و همکاران (۲۰۰۷) ژن‌های مؤثر بر اندازه و وزن بدن را به‌طور غیرمستقیم بر اسکلت تأثیرگذار می‌دانند. در یک تحقیق توسط شارمن و همکاران (۲۰۰۷) روی کروموزوم‌های دو، پنج، شش، هفت، هشت، نه در یک جمعیت  $F_2$  مرغ (تلاقی گوشتی و تخم‌گذار)، برای صفات اسکلت و وزن بدن جایگاه صفات کمی معنی‌دار شناسایی شد. هم‌چنین یک رابطه فنوتیپی مثبت معنی‌دار بین وزن بدن و استحکام استخوان در یک جمعیت مرغ توسط بیشاپ و همکاران (۲۰۰۰) (Bishop et al., 2000) و نیز شروئیس و همکاران (۲۰۰۳) گزارش شده است. در این مطالعه برای وزن ران و سینه به‌ترتیب در موقعیت (یک و دو سانتی‌مورگان) و (۳۴، ۳۵، ۳۶، ۳۹، ۴۰ سانتی‌مورگان) روی کروموزوم دو، جایگاه معنی‌دار شناسایی شد.

دیسکوندروپلازیای درشت نی یکی از اختلالات اسکلتی شایع است که باعث تغییر شکل استخوان و لنگش می‌شود. ضررهای اقتصادی که بر اثر این نقص روی می‌دهد ناشی از شیوع بیماری و مرگ‌ومیر است که می‌تواند در هنگام شیوع بیش از ۳۰ درصد پرندگان را درگیر کند. پاینز (۲۰۰۷) (Pines, 2007) معتقد است انتخاب ژنتیکی برای سرعت رشد بالا باعث افزایش شیوع این بیماری اسکلتی می‌شود. یکی از استخوان‌های مهم ران نیز درشت نی می‌باشد و برای آن در ۴۴ سانتی‌مورگان روی کروموزوم دو، جایگاه صفت کمی معنی‌دار شناسایی شد. در مطالعات مشابه توسط شارمن و همکاران (۲۰۰۷) در نتاج حاصل از تلاقی بین طیور گوشتی و تخم‌گذار، جایگاه‌های مختلفی برای وزن درشت نی (کروموزوم پنج، ۴۸ سانتی‌مورگان و کروموزوم یک، ۱۲۲ سانتی‌مورگان)، طول درشت نی (کروموزوم چهار در ۲۳۸

فراهم می‌شود. برای این منظور از سه مدل استفاده شد که مدل شماره (۱) فقط اثرات ژنتیکی افزایشی هریک از جایگاه‌ها را برآورد می‌کند، مدل شماره (۲) اثرات افزایشی به همراه اثرات غلبه ژنی جایگاه موردنظر و مدل شماره (۳) اثرات افزایشی، غلبه و نقش‌پذیری ژنومی را برآورد می‌کند. برای برآورد واریانس اثرات شماره (۲) با مدل شماره (۱) مقایسه شده و مدل شماره (۳) با مدل شماره (۲) مورد مقایسه قرار گرفت. از میانگین مربعات باقی‌مانده حاصل از برازش هرکدام از مدل‌ها برای مقایسه مدل‌ها استفاده شد.

### نتیجه‌گیری کلی

در این مطالعه چندین جایگاه صفات کمی شناسایی شد که با قطر و طول و وزن استخوان‌های محوری و برخی اجزای لاشه مرتبط بود. تحقیقات بیشتر برای شناسایی ارتباط این صفات با وزن بلدرچین مورد نیاز است. نتایج حاصل از پژوهش حاضر وجود اثرات نقش‌پذیری ژنومی معنی‌دار در جایگاه‌های شناسایی شده مربوط به صفات مرتبط با اسکلت بدن بلدرچین ژاپنی را نشان داد. انتظار می‌رود داده‌های ژنتیکی حاصل از این مطالعه، اطلاعاتی فراهم نماید که در تحقیقات شناسایی ژن مؤثر بر اسکلت، مورد استفاده قرار گیرد.

هم‌چنین ژنو و همکاران (2007) برای بال بر روی کروموزوم یک و برای طول استخوان بازو بر روی کروموزوم‌های چهار (۲۲۵ سانتی‌مورگانی)، شش (۶۴ سانتی‌مورگانی)، ۲۷ (۳۸ و ۴۷ سانتی‌مورگانی)، برای قطر استخوان بازو بر روی کروموزوم هفت (۱۰۰ سانتی‌مورگانی)، ده (۴۴ سانتی‌مورگانی)، ۱۳ (۵۵ سانتی‌مورگانی)، ۱۸ (۳۶ سانتی‌مورگانی)، ۲۷ (۱۸ سانتی‌مورگانی) جایگاه ژنی مؤثر شناسایی کردند ولی در مطالعه شروئیس و همکاران (2003) برای استخوان بازو جایگاه صفات کمی ژنی مؤثر یافت نشد.

از طرف دیگر در این مطالعه برای اثر نقش‌پذیری ژنومی که بیان تنها یکی از دو کپی ژن در نتاج براساس منشأ والدی ال‌هاست برای صفات قطر پای راست (صفر سانتی‌مورگانی)، وزن پای چپ (۱۴ سانتی‌مورگان)، قطر پای چپ (صفر سانتی‌مورگانی)، وزن ران (یک سانتی‌مورگانی)، وزن سینه (۳۶ سانتی‌مورگان) و وزن گوشت سینه (۳۹ سانتی‌مورگان) جایگاه ژنی مؤثر شناسایی شد که اثر نقش‌پذیری ژنومی برای همه صفات مثبت است.

در این پژوهش برای شناسایی جایگاه‌های مؤثر بر صفات کمی و برآورد اثرات این جایگاه‌ها از مدل‌های آماری مختلفی استفاده شد. در طرح‌های نقشه‌یابی  $F_2$  به دلیل ماهیت آزمایش و دخالت دادن ژنوتیپ‌های پدر و مادر در تحلیل موقعیت و اثرات QTL‌ها، امکان برآورد اثرات ژنتیکی بیشتری نسبت به طرح‌های ناتنی

### منابع

جهت مطالعه منابع به صفحه‌های ۵-۶ متن انگلیسی مراجعه شود.