

آنالیز QTL موثر بر خصوصیات لاشه روی کروموزوم ۱ در یک جمعیت F2 بلدرچین ژاپنی (۲)

محبوبه ایرانمنش^{۱*}، علی اسماعیلی زاده^۲، حسن مرادیان^۳، سعید سهرابی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- دانشیار دانشگاه شهید باهنر کرمان ۳- کارشناس

ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان

*محبوبه ایرانمنش : Mahboob.Iranmanesh@yahoo.com

چکیده

در یک طرح سه نسلی، آزمایشی برای شناسایی جایگاه های ژنی مرتبط با خصوصیات لاشه بلدرچین ژاپنی، از دوسویه سفید و وحشی (در مجموع ۱۶ پرند) استفاده شد. از میان پرندگان نسل دوم ۳۴ پرند انتخاب و با تلاقی بین آنها ۴۲۲ پرند نسل سوم ایجاد شدند. رکوردهای مربوط به وزن اجزای مختلف لاشه و ارگان های داخلی پرندگان نسل سوم ثبت شدند. تمامی ۴۷۲ پرند مربوط به هر سه نسل برای ۸ نشانگر ریزماهواره موجود بر روی کروموزوم شماره یک تعیین ژنوتیپ شدند. اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی به روش مکان یابی درون فاصله ای مبتنی بر رگرسیون و یک مدل تک QTL با استفاده از نرم افزار آنالیز GridQTL در ۵ مدل مختلف آماری انجام گردید. در نهایت و پس از آنالیز ۵ مدل مختلف، QTL های معنی داری برای صفات وزن سینه، لاشه سرد، چربی لاشه، پیش معده، سر، غده یورویپیجیال، بورس فابریسیوس، روده، بال، لاشه سرد و درصد سینه، پیش معده، چربی لاشه و افت لاشه شناسایی شد.

واژه های کلیدی: بلدرچین ژاپنی - صفات لاشه - طرح F2 - نشان گر ریز ماهواره - مکان یابی QTL

مقدمه

بلدرچین ژاپنی متعلق به راسته گالیفرم و خانواده فازیانیده می باشد. این پرند از حدود سال ۱۹۱۰ میلادی به عنوان یک منبع غذایی ارزشمند برای مصرف انسان مورد توجه قرار گرفت (۲). تاکنون مطالعات بسیاری به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی برای بهبود صفات مختلف در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (۳، ۴ و ۵). با توجه به اهمیت انتخاب برای بهبود وزن و بازده اجزای مختلف لاشه در حیوانات مختلف، تاکنون چندین مطالعه برای بررسی پارامترهای ژنتیکی این صفات انجام شده است. در بلدر چین نیز در یک پژوهش توسط سهرابی و همکاران (۱۳۹۰) پارامترهای مرتبط با خصوصیات لاشه مورد بررسی قرار گرفت (۱). در زمینه نقشه یابی QTL برای این صفات نیز در مرغ چندین پژوهش انجام شده. برای مثال دکونینگ و همکاران (۲۰۰۴) با تلاقی دو لاین تجاری مرغ و با استفاده از یک طرح جفت-ناتنی و آنالیز آن برای صفات رشد و لاشه با استفاده از مدل رگرسیونی در نهایت QTL هایی را برای وزن لاشه، وزن ران و وزن بدن در سن ۴۰ روزگی روی کروموزوم ۱ گزارش کردند (۶). و یا لیو و همکاران (۲۰۰۷) در مطالعه ای روی مرغ با استفاده از روش نقشه یابی فاصله ای برای مکان یابی جایگاه های مؤثر بر وزن بدن و وزن چربی شکمی روی کروموزوم ۱، QTL های مؤثری را برای وزن لاشه، وزن بدن، درصد چربی شکمی و همچنین وزن چربی شکمی گزارش کردند (۷). ازلام و همکاران در سال ۲۰۱۱ دو لاین تجاری بوقلمون را تلاقی داده و یک جمعیت نقشه یابی F2 ایجاد کردند و با رکوردگیری افراد برای صفات وزن بدن، بازده سینه (طول و عرض ماهیچه سینه، درصد گوشت سینه) و کیفیت گوشت (درصد افت لاشه، رنگ گوشت سینه و PH نهایی گوشت) QTL های معنی داری را برای