ژنتیک نوین
دوره دهم، شماره ٤، زمستان ١٣٩٤
صفحه ٤٧٦-٤٦٩

تجزیه جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات رشد بر روی کروموزوم‌های ۱، ۳ و ۶ در گوسفند نژاد کرمانی

Analysis of quantitative trait loci affecting growth traits of Kermani sheep on chromosomes 1, 3 and 6

محیا حمیدی راوری*[۱]، علی اسماعیلی‌زاده‌کشکوئیه[۱]، محمدرضا محمدآبادی[۱]، احمد آیت‌اللهی‌مهرجردی[۱]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیاران، استادیار، دانشگاه شهید باهنر کرمان

Hamidi Ravari M*[1], Esmailizadeh Koshkoiyeh A[1], Mohammad Abadi MR[1], Ayatollahi Mehrgardi A[1]

1. MSc Student, Associate Professors, Assistant Professor, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: hamidi_mahya@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۱/۹/۲۶- تاریخ پذیرش: ۹۲/٦/٥)

چکیده

این تحقیق برای شناسایی جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات رشد در گوسفند کرمانی انجام شد. جمعیت مورد مطالعه شامل ۲۷٦ بره از ٦ خانواده ناتنی پدری بود. هر خانواده شامل ٤٠ تا ٥٠ راس بره بود. ٦ والد نر و نتاج آن‌ها برای تعداد ١٦ نشانگر ریزماهواره روی کروموزم‌های ۱، ۳ و ٦ تعیین ژنوتیپ شدند. صفات مرتبط با رشد (وزن تولد، وزن سه ماهگی، وزن ٦ ماهگی و وزن ۹ ماهگی) روی تمامی نتاج رکوردبرداری شدند. از روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون حداقل مربعات برای تجزیه جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات کمی (QTL) استفاده شد. QTL مرتبط با صفات وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و وزن ٦ ماهگی روی کروموزوم یک به ترتیب در نواحی ٣٤-٣٠، ۹۱-۹۰ و ۷۱-٦٨ سانتی مورگان نسبت به سانترومر مکان‌یابی شدند و نزدیکترین نشانگرها به QTL به این ترتیب MCM13، MAF4 و DIK5034 بودند. موقعیت ژنومی QTL موثر بر وزن تولد روی کروموزوم ۳ در مکان ۲٦ سانتی مورگان قرار داشت و نزدیکترین نشانگر OARVH130 بود. QTL مرتبط با وزن شش ماهگی روی این کروموزوم در ٦۹ سانتی مورگانی نسبت به سانترومر و در مجاور MNS37A بود. نتایج بیانگر QTL کنترل‌کننده وزن تولد روی کروموزم ٦ در موقعیت ٦۲-٥٨ سانتی‌مورگان نسبت به سانترومر بود. کروموزوم شماره یک بیشترین و کروموزوم شش کمترین تعداد QTL را برای صفات مورد بررسی داشتند و هر سه کروموزوم دارای جایگاه ژنومی کنترل‌کننده وزن تولد بودند اما QTL معنی‌دار برای وزن ۹ ماهگی روی هیچ‌کدام از کروموزم‌های مورد بررسی شناسایی نشد. درصد واریانس ناشی از QTL برای صفات مختلف بین ٦/٦٦ تا ٤٠/٠٠ درصد بود.

واژه‌های کلیدی

تجزیه QTL
جایگاه صفات کمی
گوسفند کرمانی
نشانگر ریزماهواره

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

مقدمه

در کشور ایران مصرف گوشت گوسفند به عنوان یکی از منابع رایج تامین پروتئین بیشتر از گوشت گاو و بز می‌باشد. در حال حاضر مقدار گوشت تولید شده توسط گوسفندان کشور در قالب ۲۷ نژاد متفاوت پاسخگوی نیاز روز افزون کشور نمی‌باشند لذا افزایش بازدهی در تولید گوشت گوسفند از اهمیت خاصی برخوردار است. صفات تولید مثلی و رشد از اجزای بیولوژیکی تولید گوشت هستند که هر یک از این دو شامل مجموعه‌ای از صفات می‌شوند. صفات رشد تحت تاثیر عوامل ژنتیکی و محیطی قرار دارند که عوامل ژنتیکی مستقیم (اثرخود حیوان) و اثر ژنتیکی مادری حیوان از جمله عوامل ژنتیکی موثر بر این صفات هستند (Moradi Shahrbabak 2001; Van Wyk et al. 2002). از مهمترین عوامل ثابت محیطی موثر بر رشد در گوسفند می‌توان سال تولد، سن مادر، نوع تولد و جنسیت را نام برد.

جنس بره و سال بر روی صفات رشد تاثیر معنی‌داری دارد (Notter et al. 1975; Tahmorspoor 1994; Kargar et al. 2004). در بیشتر مطالعات تاثیر نوع تولد بر صفات رشد معنی‌دار بیان شده‌است (Eskandari Nasab 1980; Jafarian Dolatabadi 1999; Eftekhare Shahroodi et al. 2002.). در زمینه تاثیر سن مادر بر صفات رشد نتایج متفاوتی در دسترس بوده به طوری‌که Moradi Shahrbabak (2001) اثر این عامل را فقط در مورد صفات وزن تولد و وزن سه ماهگی معنی‌دار نشان داد. Rashidi (1992) اثر سن مادر بر هیچ یک از صفات مطالعه شده در گوسفند مغانی را معنی‌دار گزارش نکرد. در گزارش Vaez Tarshizi (1980) نیز اثر سن میش بر وزن از شیرگیری بره‌های بلوچی معنی‌دار نبوده‌است.

تقریبا تمام مطالعات انجام شده در خصوص عوامل ژنتیکی مرتبط با رشد در گوسفندان بومی کشور مبتنی بر مدل بی‌نهایت ژن بوده و به برآورد پارامترهای ژنتیکی در جمعیت‌ها محدود شده‌است (Eftekhare Shahroodi et al. 2002). به هر حال، نتایج این مطالعات بیانگر متوسط بودن قابلیت توارث صفات رشد در گوسفندان بومی است. به طور مثال وراثت پذیری وزن تولد، وزن سه ماهگی، وزن ٦ ماهگی و وزن ۹ ماهگی در گوسفند نژاد کرمانی ۰/۰۳، ۰/۱، ۰/۸ و ۰/۰۰۰٦ گزارش شده‌است (Moradi Shahrbabak et al. 2005).

روش‌های مبتنی بر ژنتیک مولکولی و فناوری نشانگرهای DNA امکان شناسایی جایگاه‌های ژنی (QTL) و در نهایت ژن‌های کنترل کننده صفات کمی را فراهم کرده‌است. روش مطالعه ژن کاندید و روش پویش ژنومی دو روش اساسی برای این منظور می‌باشند.

ژن میوستاتین یک ژن کاندیدا برای صفات تولید گوشت شناخته شده‌است (Masoodi et al. 2004) و این ژن در ایجاد ماهیچه مضاعف نقش به سزایی داشت (Esmailizadeh et al. 2008a) و هورمون رشد تنظیم کننده اصلی رشد خطی بدن در دوران پس از تولد بوده و ژن‌های *GH*، *GHRH*، *PIT-I*، *IGF-I* ، *GHR* که کنترل‌کننده عوامل تولید و انتقال سیگنال‌های هورمون رشد می‌باشند (Vafayi 1998; Tahmorspoor et al. 2008b; Tahmorspoor et al. 2008a). از نمونه ژن‌هایی هستند که در زمینه صفات رشد مورد توجه محققین قرار گرفته‌اند.

در زمینه شناسایی جایگاه‌های صفات کمی موثر بر رشد در مورد برخی از نژادهای خارجی مطالعاتی صورت گرفته‌است. برای مثال Walling et al. (2004) با استفاده از یک جمعیت گوسفند شامل دو نژاد سافولک و تکسل، ارتباط بخش‌هایی از ژنوم گوسفند را با صفات رشد و لاشه مورد مطالعه و بررسی قرار دادند. همچنین، نقشه QTL برای میزان رشد و وزن بدن در گوسفندان حاصل از تلاقی برگشتی قوچ نژاد آواسی و میش‌های مرینوس گزارش شده‌است (Raadsma et al. 2009a).

در مورد نژادهای موجود در کشور Iranpur (2010)، QTL موثر بر رشد بر روی کرموزوم ۱۸ در گوسفند نژاد لری-بختیاری و Dashab (2012) نقشه‌یابی نواحی ژنومی کنترل‌کننده صفات کمی و کیفی پشم در گوسفند نژاد بلوچی گزارش کردند. هم‌چنین Esmailizadeh (2010) مکان ژنومی صفت وزن تولد را روی کرموزوم‌های ۱، ۳، ٦، ۱۱ و ١٤ گوسفند نژاد کرمانی شناسایی کرد.

پرورش گوسفند در اقتصاد ملی نقش قابل ملاحظه‌ای دارد به طوری که بخش عظیمی از تولید گوشت قرمز از این بخش تامین می‌شود. لذا بهبود صفات اقتصادی در گوسفندان بومی در افزایش

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

سودمندی اقتصادی آنان نقش حائز اهمیتی خواهد داشت. در طول دهه اخیر به کارگیری روش‌های مبتنی بر ژنتیک کمی و آمار منجر به ایجاد حیواناتی با بازده بالاتر شده ولی نیاز به پیشرفت بیشتر در این زمینه، ضرورت استفاده از مطالعات مولکولی به همراه مطالعات کمی کاملا ضروری به نظر می‌رسد. در همین راستا این تحقیق برای شناسایی جایگاه‌های تاثیرگذار بر روی صفات رشد (QTL) که شامل وزن تولد، وزن شیرگیری (وزن سه ماهگی)، وزن شش ماهگی و وزن ۹ ماهگی در گوسفند کرمانی انجام شد.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در ایستگاه تحقیقاتی بخش علوم دامی دانشگاه شهید باهنر کرمان در سال‌های ۲۰۱۰ تا ۲۰۱۲ انجام شد. جمعیت مورد مطالعه برای نقشه‌یابی QTL شامل ۲۷٦ راس بره کرمانی مربوط به ٦ خانواده ناتنی بود که هر خانواده ٤٠ تا ٥٠ راس نتاج را دارا بود. بره‌ها بلافاصله بعد از تولد شماره‌گذاری شده و تاریخ تولد، جنست، نوع تولد (تک قلو یا دو قلو)، سن مادر و وزن تولد با دقت ۱۰۰ گرم حدود ۱۲ ساعت بعد از تولد ثبت و اندازه‌گیری شد.

میش‌ها و بره‌ها برای ٥ تا ۱۰ روز پس از تولد در کنار هم نگهداری شدند و بعد از آن فقط میش‌ها به چراگاه برده می‌شدند. نمونه‌های خونی ٦ نر و نتاج آن‌ها در لوله آزمایش دارای ماده ضد انعقاد EDTA در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد تا زمان استخراج DNA نگهداری شد. خلوص نمونه‌های DNA استخراج شده در دستگاه اسپکتروفتومتری و از طریق نسبت ۲٦۰/۲۸۰ نانومتر محاسبه شد. بر پایه نتایج حاصل از تحقیقات گذشته کروموزوم یک (حامل ژن کدکننده عامل یک هورمون رشد و ژن ترانسفرین)، کروموزوم ۳ (حامل ژن رشد شبیه انسولین) و کروموزوم ٦ (حامل ژن رشد اپیدرمی) به عنوان نواحی ژن کاندید برای وزن تولد، وزن ۳ ماهگی، وزن ٦ ماهگی و وزن ۹ ماهگی انتخاب شدند. نقشه پیوستگی مورد استفاده، نقشه نشانگرهای ریزماهواره‌ای گوسفند بود (http://rubens.its.unimelb.edu.au/~jillm,jill. htm). در ابتدا نشانگرها بر اساس وضعیت و استفاده آسان از آن‌ها انتخاب شدند. هر والد نر برای همه ریزماهواره‌های در ناحیه ژنوم کاندیدا تعیین ژنوتیپ اولیه شدند و در اولین قدم پلان مارکرها برای هر والد نر به طور جداگانه طراحی شد. سپس نشانگرهای هتروزیگوت در فاصله تقریبی ۱۵ تا ۲۰ سانتی مورگان تا جایی که امکان داشت، انتخاب شدند.

درمرحله بعد نتاج برای نشانگرهای انتخابی که پدرشان در آن نشانگرها هتروزیگوت بودند، تعیین ژنوتیپ شدند. آغازگرها،(PCR) و بقیه اطلاعات نشانگرها از سامانه نقشه‌یابی ژن در گوسفند گرفته شد. ریز ماهواره‌های انتخابی با استفاده از صد نانوگرم DNA در حجم نهایی ۲۵ میلی‌لیتر و با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز PCR تکثیر شدند. محصولات PCR به وسیله- ی پلی اکریل آمید ۸ درصد جدا و با نیترات نقره رنگ آمیزی شدند. برای اندازه‌گیری آلل‌ها از لدر[1] با اندازه ۵۰ جفت باز استفاده شد. پس از تعیین آلل‌های به ارث رسیده از والد نر از روش نقشه‌یابی درون فاصله‌ای[2] مبتنی بر رگرسیون حداقل مربعات برای تجزیه QTL استفاده شد (Knott et al. 1996). با توجه به اینکه اثرات ثابت متفاوتی صفات مختلف را تحت‌تاثیر قرار می‌دادند برای صفات مختلف مدل‌های متفاوتی از لحاظ نوع اثرات ثابت منظور شد. مدل آماری زیر (رابطه ۱) برای تحلیل داده‌های وزن تولد استفاده شد:

$$Y_{ijhmn}=\mu_i+G_j+BY_k+DA_l+BT_m+a_ix_{in}+e_{ijklmn}$$

در این مدل آماری Y_{ijhmn} رکورد وزن تولد حیوان مربوط به والد نر i، μ_i میانگین وزن تولد در خانواده i، G_j اثر جنس بره، BY_K اثر سال تولد، DA_l اثر سن مادر، BT_m اثر تیپ تولد (دوقلو یا تک قلو)، a_i (ضریب رگرسیون) اثر جاگزینی آللی QTL در داخل خانواده i، x_{in} احتمال اینکه حیوان n آلل ۱ را از والد نر *i* دریافت کرده‌است.

مدل مورد استفاده برای تحلیل داده‌های وزن شیرگیری، وزن ٦ ماهگی و وزن ۹ ماهگی شبیه مدل فوق بود اما سن بره در زمان وزن‌کشی به عنوان کواریت[3] برای این صفات در نظر گرفته شد. برای برازش مدل آماری از نرم‌افزار آنلاین Grid QTL استفاده شد (Seaton et al. 2006). تجزیه برای تک تک خانواده‌ها به طور

[1] Base pair
[2] Interval mapping
[3] Covariate

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

جداگانه و هر ٦ خانواده همزمان انجام شد. درون هر خانواده ناتنی یک QTL در فواصل یک سانتی مورگان (cM) در طول ناحیه کروموزومی مورد بررسی برازش شد نقطه‌ای از ناحیه مورد بررسی، که دارای حداکثر آماره F بود به عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. برای تعیین معنی‌دار بودن QTL نیاز به تعیین آستانه‌های معنی‌دار کروموزومی[1] در سطوح پنج و یک درصد بود که با استفاده از روش تبدیل (Permutation test) محاسبه شدند (Doerge and Churchill 1996). مقادیر به دست آمده از تجزیه تعداد ده‌هزار سری داده، برای ایجاد یک توزیع تجربی از آماره آزمون تحت فرض صفر مبنی بر عدم وجود QTL، رتبه‌بندی شدند.

نتایج و بحث

تجزیه جایگاه‌های مرتبط با صفات رشد روی هر کروموزوم در سه مرحله انجام شد. در ابتدا هر خانواده به صورت مجزا تجزیه و سپس تجزیه توام خانواده‌های دارای QTL معنی‌دار برای صفت یکسان انجام شد. در مرحله آخر تجزیه نهایی بر روی کلیه خانواده‌ها به منظور تخمین دقیق مکان صفات کمی صورت گرفت.

خانواده دوم و ششم برای سه صفت وزن تولد، وزن زمان شیرگیری و وزن شش ماهگی روی کروموزوم یک QTL معنی‌دار داشتند. این سه صفت در تجزیه توام خانواده‌های دوم و ششم و تجزیه توام تمام خانواده‌ها QTL معنی‌دار را دارا بودند. در کروموزوم اول، QTL مکان کنترل‌کننده صفات BWT، WWT و W6 به ترتیب در فاصله ٣٤-٣٠، ٩١-٩٠، ٧١-٦٨ سانتی مورگان قرار داشتند و نزدیکترین نشانگرها بدین ترتیب نشانگرهای MCM130، DIK5034 و MAF4 بودند (جدول ١).

موقعیت ژنومی صفت وزن تولد روی کروموزوم ٣ با توجه به تجزیه خانواده‌های اول و سوم که دارای QTL معنی‌دار بودند و تجزیه توام این دو خانواده و همه فامیل‌ها در مکان ١١ تا ١٧ سانتی مورگانی موجود بوده و نزدیکترین نشانگر به این جایگاه OARVH130 بود. وزن از شیرگیری در خانواده سوم و تجزیه تمامی خانواده‌ها به ترتیب در موقعیت ٢٦ و ٣٣ سانتی مورگان نشان داد و نزدیکترین نشانگر به این جایگاه LS11 بود (جدول ١). برای وزن شش ماهگی فقط در خانواده‌های پنجم QTL با اثر معنی‌دار در موقعیت ٦٩ سانتی مورگانی و نزدیک نشانگر MNS37A شناسایی شد.

در مورد کروموزوم ٦ خانواده‌ها دوم و پنجم دارای QTL معنی‌داری برای صفت وزن تولد بودند. این امر در مورد تجزیه QTL این دو خانواده به صورت توام و تجزیه توام کلیه خانواده‌ها صادق بوده به طوری که QTL در فاصله ٥٨ تا ٦٢ سانتی‌مورگان برای این صفت قرار داشت، نشانگر نزدیک به این ناحیه BM4621 بود (جدول ١).

صفت W6 دارای بالاترین اثر معنی‌دار با اثر جایگزینی آللی برابر با ٥/٦٧ کیلوگرم روی کروموزوم یک و تجزیه خانواده ششم بود. کروموزوم یک بیشترین و کروموزوم ٦ کمترین طول فاصله اطمینان در صفات مورد بررسی را داشتند و هر سه کروموزوم دارای جایگاه ژنومی وزن تولد می‌بودند اما هیچ‌کدام حامل QTL برای وزن ٩ ماهگی نبودند.

Raadsma et al. (2009b) در گوسفندان استرالیایی QTL موجود بر روی کروموزوم‌های یکسان با تحقیق حاضر برای وزن‌های ٤٣، ٥٦ و ٨٣ هفتگی پیدا کرده که محل ژنومی این وزن‌ها بر روی کروموزوم‌های یک و ٣ بسیار دورتر از فاصله اطمینان به دست آمده‌بود اما QTL وزن‌های ٤٣، ٥٦ و ٨٣ هفتگی روی کروموزوم ٦ به ترتیب ٦٣، ٦٢ و ٦٠ سانتی مورگان بودند که به مکان ژن‌های موثر بر وزن تولد در این کروموزوم بسیار نزدیک بود. همچنین در گزارش دیگری توسط این نویسنده بر روی کروموزوم ٦، QTL وزن ٤٣ و ٣٧ هفتگی و میزان رشد دو تا ٤٢ هفتگی در نزدیکی موقعیت ژنومی وزن تولد قرار داشتند. اما برای جایگاه‌های تاثیرگذار بر وزن‌ها و سرعت رشد هفته‌های متفاوت در کروموزوم‌های یک و ٣ در فاصله بسیار دورتری نسبت QTL به دست آمده در این تحقیق بود (Raadsma et al. 2009b).

در تحقیقی دیگر جایگاه وزن تولد بر روی کروموزوم اول در موقعیت ٢٣ و بر روی کروموزوم ٣ در ٢١٧ سانتی‌مورگان جا داشت (Esmailizadeh 2010) ولی در تحقیق حاضر این صفت بسیار دورتر بود. در مطالعه‌ی یک جایگاه ژنومی مرتبط با وزن را گزارش نکردند. در مورد نژادهای گوسفند ایرانی فقط بر روی

[1] Chromosome wide threshold

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

جدول۱- مشخصات QTL های شناسایی شده برای صفات مختلف

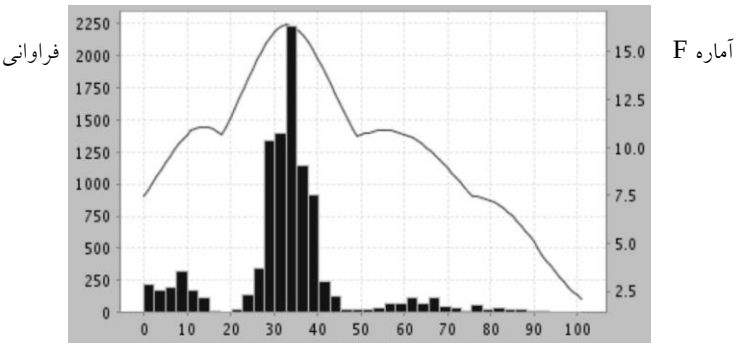
کروموزوم	خانواده‌ها	صفت	موقعیت (cM)	آماره	L R	اثر جایگزینی آللی QTL (SE) (kg)	موقعیت متوسط QTL (cM)	ضریب تبیین
۱	۲	BWT	۳۰	۱۰/۱	۸/۵۱	-۰/۹۱٤ (۰/۲۸)	۳٤/۷۱	۲۵/۰۰
۱	۲	WWT	٤۱	۹/۵	۸/۰۲	-۳/۷٤ (۱/۲۱)	۵۲/۸۹	۲۵/۰۰
۱	۲	W6	۷۰	۹/۳	۷/۹	-۵/۲۱۱ (۱/۷۰)	٦۵/٤۳	۲۵/۰۰
۱	٦	BWT	٦٤	۲٦/٤	۱۹/۲۵	۰/۸۰۱ (٤۲/۹٤)	٤۲/۹٤	٤٤/۰۰
۱	٦	WWT	۹۱	۱۸/۰	۱٤/۲٤	٤/٤۹ (۱/۰۵)	۸۸/۰٦	۳۵/۰۰
۱	٦	W6	٦۸	۲۳/۹	۱۷/۵۵	۵/٦۷ (۱/۱٦)	٦٦/۰۵	٤۳/۰۰
۱	همه خانواده‌ها	BWT	۳٤	۷/۰	۳۸/۸٤	-	۳۷/۱۸	۱٤/۵۰
۱	همه خانواده‌ها	WWT	۹۰	٤/٤	۲۵/۳	-	۷۹/۲۲	۹/۷۰
۱	همه خانواده‌ها	W6	۷۱	٤/۷	۲۷/۱۵	-	٦۸/۲٤	۱۰/۵۳
۱	۲ و ٦	BWT	۳۳	۱٦/٤	۲٦/۸۷	-	۳۳/٤۹	۳۱/۸۷
۱	۲ و ٦	WWT	۹۱	۱۰/۸	۱۸/۸۳	-	۸۳/۸۸	۲۳/۵۹
۱	۲ و ٦	W6	٦۸	۱٦/۳	۲٦/۹۲	-	٦۸/٦۷	۳۲/۳۹
۳	۱	BWT	۱۷	٦/۹	٦/۲۱	۰/٤٤ (۰/۱۷)	۲۲/٤۸	۱۵/۳۰
۳	۳	BWT	۱۱	۱۳/۱	۱۱/۱۹	۰/٤۹ (۰/۱۳)	۲٤/۰۳	۲٤/٦٤
۳	۳	WWT	۲٦	۱۷/٤	۱٤/۳	۳/۰٦ (۰/۷۳)	۲٦/۸٦	۹/۱٦
۳	۵	W6	٦۹	۱۲/۰	۱۰/۰۷	٤/٦۰ (۱/۳۲)	٦٦/۵۷	۲٦/٦۵
۳	همه خانواده‌ها	BWT	۱۵	۳/۹	۱۷/۰۲	-	۲۷/۸۳	٦/٦٦
۳	همه خانواده‌ها	WWT	۳۳	۳/۷	۲۱/۵٦	-	۳۳/۸۱	۸/۳۹
۳	۱ و ۳	BWT	۱٤	۱۱/۰	۱۹/۵٦	-	۱۸/۱۷	۲۰/۳٤
٦	۲	BWT	٦۲	۱٤/۵	۱۱/٤۹	-۰/۷۸ (۰/۲۰)	۵۸/۲٤	۳٤/۲۲
٦	۵	BWT	۵۸	۲۰/۱	۱۵/٦۳	-۰/٦٦ (۰/۱٤۹)	٤۸/۸۲	۳٦/۳۷
٦	همه خانواده‌ها	BWT	۵۸	۵/۱	۲۸/۹٦	-	۵۵/۷۰	۱۱/۰۳
٦	۲ و ۵	BWT	۵۹	۱٤/۳	۲٤/۰٤	-	۵۵/٦۰	۲۸/۷۵

LR) (Likelihood ratio) نسبت درست نمایی؛ QTL اثر جایگزینی آللی) امکان نوشتن برای توام دو خانواده و همه خانواده‌ها در جدول نمی‌باشد؛ SE (Standard error) خطای معیار؛ ضریب تبیین) درصدی از تغییرات صفت را که QTL توجیه می‌کند.

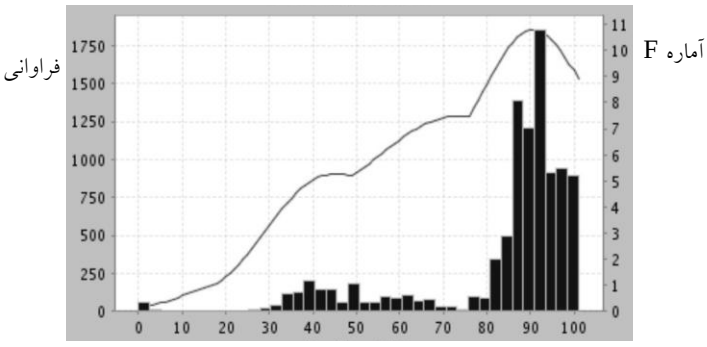
کروموزوم ۱۸، گوسفند نژاد لری-بختیاری QTL موثر بر رشد برای صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن شش ماهگی شناسایی شده است (Iranpur 2010). زنده در هشت هفتگی در موقعیت ۲۰۳ سانتی‌مورگان روی کروموزوم یک قرار داشت و بر روی کروموزوم ۳، QTL موثر بر ضخامت چربی زیر پوستی اندازه‌گیری شده با استفاده از امواج صوتی روی حیوان زنده در سن بیست هفتگی شناسایی شد (McRae et al. 2005). در تحقیق حاضر QTL مرتبط با وزن تولد و وزن شش ماهگی روی این کروموزوم شناسایی شد (موقعیت ۱۱ تا ۲٦ سانتی‌مورگان) که نزدیک به QTL موثر بر ضخامت چربی زیر پوست گزارش شده توسط McRae et al. (2005) (موقعیت ۳٤ تا ۳٦ سانتی‌مورگان) بود.

یک QTL موثر بر وزن هشت هفتگی و ضخامت چربی ناحیه پشت حیوان به ترتیب در موقعیت ۲۸۲ و ۲۵۵ سانتی مورگانی کروموزوم ۳ گزارش شده (Walling et al. 2004) که با موقعیت شناسایی شده در این تحقیق فاصله زیادی داشت. کروموزوم ٦ از میان کروموزوم‌های بررسی شده کمترین تاثیر را بر روی رشد

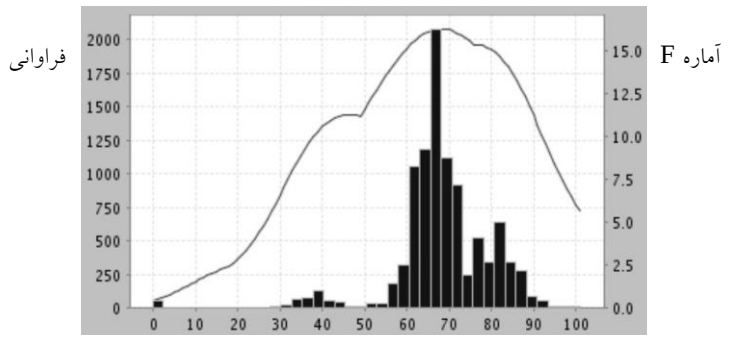
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]



شکل۱- نمودار ستونی موقعیت QTL را بر روی کروموزوم یک مشخص می‌کند. این نمودار منحنی آماره F را نشان می‌دهد. خط افقی بالا و پایین فراوانی موقعیت QTL را در ده‌هزار نمونه بوت‌استراپ روی کروموزوم یک برای صفت وزن تولد به ترتیب برای سطوح معنی‌دار پنج و یک درصد را نشان می‌دهند.



شکل۲- نمودار ستونی موقعیت QTL را بر روی کروموزوم یک مشخص می‌کند. خط افقی بالا و پایین فراوانی موقعیت QTL را در ده‌هزار نمونه بوت‌استراپ روی کروموزوم یک برای صفت وزن سه ماهگی به ترتیب برای سطوح معنی‌دار پنج و یک درصد را نشان می‌دهند.



شکل۳- نمودار ستونی موقعیت QTL را بر روی کروموزوم یک مشخص می‌کند. خط افقی بالا و پایین فراوانی موقعیت QTL را در ده‌هزار نمونه بوت‌استراپ روی کروموزوم یک برای صفت وزن شش ماهگی به ترتیب برای سطوح معنی‌دار پنج و یک درصد را نشان می‌دهند.

می‌گذارد Walling et al. (2004) نیز نقشه یابی QTL موثر بر را بر روی این کروموزوم انجام دادند که هیچ QTL معنی‌داری ژن کالیپیج با صفات تولید گوشت در نژاد دورست (Dorset) در ارتباط است (Cockett et al. 1996). به علاوه، ژن کارول بر روی رشد ماهیچه ناحیه دنده (Muscle Rib Eye) در نژاد دورست موثر است (Banks 1997) که در بخش انتهای کروموزوم ۱۸ قرار دارد اما این کروموزوم در تحقیق حاضر مورد مطالعه قرار نگرفت. میزان اطلاعات چندشکلی[1] (IC) در نقاط مختلف کروموزوم‌های ۱،۳و۶ به ترتیب بین ۰/۷۶-۰/۵٤، ۰/۷۹-۰/۵۹ و ۰/۸۵-۰/۵۹ به دست آمد. در واقع IC میزان چندشکلی محاسبه شده بر اساس اطلاعات ژنوتیپی نشانگرها در فاصله ژنومی بین نشانگرها است که نحوه محاسبه آن توسط Knott (1980) ارائه شد. IC به نشانگر انتخابی بستگی دارد (McRae et al. 2005) و عواملی از جمله تعداد افراد فاقد ژنوتیپ و عدم تساوی تفرق آلل‌های مختلف می‌توانند IC بر اثر بگذارند (Esmailizadeh et al. 2008b) در کمترین IC، مارکرهای غالب مورد استفاده قرار می‌گیرند (Liu 1998).

با توجه به اینکه صفات مورد مطالعه در این تحقیق با یکدیگر همبستگی بالایی داشته و همگی صفات مربوط به رشد بوده و تعدادی از جایگاه‌های شناسایی شده هم روی وزن تولد و هم صفات رشد تاثیر دارند، می‌توان نتیجه گرفت که احتمالا تعدادی از ژن‌های مشابه بر روی رشد در مراحل مختلف زندگی در گوسفند نژاد کرمانی موثر می‌باشند. با توجه به تعداد کم نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق و تعداد کم نتاج و خانواده‌های ناتنی مورد آزمایش و لذا فاصله اطمینان نسبتا زیاد در برآورد موقعیت QTL پیشنهاد می‌شود که در تحقیقات آینده با

[1] Information content

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

تعداد بیشتری نشانگر و نیز جامعه آماری بزرگتری از افراد، نتایج مورد بررسی و تایید قرار گیرد و نقشه‌یابی دقیق‌تر QTL در فواصل مورد بررسی در این تحقیق انجام گیرد.

منابع

Banks R (1997) The meat elite project: establishment and achievements of an elite meat sheep nucleus. Journal of Animal Breeding and Genetics 12:596-601.

Cockett NE, Jackson SP, Snowder GD, Shay TL, Berghmans S, Beever JE, Carpenter C, Georges M (1996) Polar overdominance at the callipyge locus in sheep. Science 273:236-238.

Dashab GR (2012) Quantitative genetics analysis and QTL mapping affecting wool characteristics in Baluchi sheep. Phd Dissertation, Ferdowsi University of Mashhad, Iran. (In Farsi).

Doerge RW, Churchill GA (1996) Permutation test for multiple loci affecting a quantitative character. Genetics 142:285-294.

Eftekhare Shahroodi F, Bahreyni M, Doulak D, Danesh Mesgaran M (2002) Investigation of factors affecting on growth traits in Kermani sheep. Iranian Journal of Agricultural Science 33:395-402. (In Farsi).

Eskandari Nasab M (1980) Investigation of quantity of production in ghare gol Sheep. Dissertation, University of Tarbiat Modarres Tehran, Iran (In Farsi).

Esmailizadeh KA, Bottema CDK, Sellick GS, Verbyla AP, Morris CA, Cullen NG, Pitchford WS (2008a) Effects of the myostatin F94L substitution on beef traits. Journal of Animal Science 86:1038-1046.

Esmailizadeh KA, Mohammadabadi MR, Asadi Foozi M (2008b) Mapping quantitative trait loci in livestock using simple linear regression. Iranian Journal of Animal Sciences 39:83-93 (In Farsi).

Esmailizadeh KA (2010) A partial genome scan to identify quantitative trait loci affecting birthweight in Kermani sheep. Small Ruminant Research 94:73-78.

Iranpur V (2010) Linkage analysis of microsatellite molecular markers on ovine chromosome 18 to identify quantitative trait loci affecting growth in Lori-Bakhtiari sheep. Msc Disseration, Shahrekord University, Iran. (In Farsi).

Jafarian Dolatabadi H (1999) Estimation of genetic and phenotype parameters of economic traits of body weight and yearly production wool in Kermani sheep. Msc Dissertation, University of Tabriz, Iran (In Farsi).

Kargar N, Morady-ShahreBabak M, Moravej H, Rokoie M (2004) environmental effects on growth traits and annual produced fleeced in kermani sheep. In: Proceedings of 2th sheep and goat Congress. Iran, Animal Science Research Institute, Tehran (In Farsi).

Knott SA, Elsen JM, Haley CS (1996) Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half-sib populations. Theoretical and Applied Genetics 93:71-80.

Liu BH (1998) Statistical Genomics Linkage Mapping and QTL Analysis. CRC Press, USA.

Masoodi H, Omrani R, Abasi A, Nejati Javaremi A, Kounida Kh, Farhang S, Esmaeili Khanian F, Ziaei F (2004) Using of PCR-SSCP for investigation of myostatin genes's polymorphism and its association with production trats in Baloochi sheep. In: Proceedings of 4th Biotechnology Congress. Shahid Bahonar University of Kerman, Iran (In Farsi).

McRae AF, Bishop SC, Wallimg GA, Wilson AD, Vischer PM (2005) Mapping of multiple quantitative trait loci for growth and carcass traits in a complex commercial sheep pedigree. British Society of Animal Science 80:135-141.

Moradi Shahrbabak H (2001) Investigation of variance co-variance and genetic parameters of growth traits in Kermani sheep and investigation of polymorphism potassium of blood and its association with production traits. Dissertation, University of Mazandaran, Iran (In Farsi).

Moradi Shahrbabak H, Moradi Shahrbabak M, Mehrabani Yeganeh H (2005) Comparison of Different models for Estimation genetics parameters of growth trait with the test of likelihood ratio (LR) in Kermani sheep. In: Proceedings of 2th Sheep and Goat congress. Iran, Animal Science Research Institute (In Farsi).

Notter DR, Swiger LA, Harvey WR (1975) Adjustment factors for 90 – day lamb weight. Journal of Animal Science 40:383-391.

Raadsma HW, Jonas E, Zenger KR, Cavanagh CA, Lam MK, Thomson PC (2009a) Mapping QTL for early growth and maternal performance in sheep. Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics.18:640-643.

Raadsma HW, Thomoson PC, Zenger KR, Lam MK, Janson M, Attard G, Palmer D, Nicholas FW (2009b) Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. I. A new male framework linkage map and QTL for growth rate and body weight. Genetic Selection Evolution 41:34.

Rashidi A (1992) Estimation of genetic and phenotypic parameters of economic traits in Moghani sheep. Msc Dissertation, University of Mashhad, Iran. (In Farsi).

Seaton G, Hernandez J, Grunchec JA, White I, Allen J, De Koning D, Jwei W, Berry D, Haley C, Knott S (2006) GridQTL: a grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets. In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.Brazil, Belo Horizonte University 13-18.

Tahmorspoor M (1994) Estimation of genetic and phenotype parameters of economic traits in ghare-gol sheep. Msc Dissertation, University of Mashhad, Iran (In Farsi).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]

Tahmorspoor M (2008a) Investigation of IGF-I genes' polymorphism effects and their connection with average daily weight increase in Baloochi sheep. In: Proceedings of 3th Animal Sciences Congress. Iran, Mashhad University (In Farsi).
Tahmorspoor M (2008b) Investigation of GH, GHR, GHRHR genes' polymorphism effects on average daily weight increase in Baloochi sheep. In: Proceedings of 3th Animal Science Congress. Iran, Mashhad University (In Farsi).
Vafayi M (1998) Investigation of GH, GHR, GHRHR genes' polymorphism and their association with daily weight grain in Baloochi sheep. 3th Animal Science Congress. Iran, Mashhad University (In Farsi).
Vaez Torshizi R (1980) Investigation of production performance of Baloochi sheep. Msc Dissertation, University of Tarbiat Modaress, Iran (In Farsi).
Van Wyk JB, Tawah CL, Erasmus GJ, Matika O (2002) Heritability estimates for fitness traits in sheep breeds of Southern Africa. South African Journal of Animal Science 34:41-48.
Walling GA, Visscher PM, Willson AD, McTeri BL, Simm G, Bishop SC (2004) Mapping of quantitative trait loci for growth and carcass traits in commercial sheep populations. Journal of Animal Science 82:2234-2245.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.4.3.5]