



بررسی کروموزوم‌های شماره ۱ و ۵ بز مرخز برای مکان‌یابی QTL‌های موثر بر وزن بدن

نجات بادبرین*^۱، سید ضیاء الدین میرحسینی^۲، بابک ربیعی^۳، نوید قوی حسین زاده^۴

^۱ دانشجو دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

^۲ استاد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

^۳ استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

^۴ دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۲/۲۲، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۰۵/۱۳

چکیده

وزن بدن یکی از صفات مهم در پرورش دام‌ها است که دارای توارث کمی است. نقشه‌یابی QTL علاوه بر اطلاعات بسیار مفیدی که در زمینه نواحی ژنومی کنترل کننده صفات کمی فراهم می‌کند، می‌تواند اصلاحگران را در انتخاب به کمک نشانگر کمک نماید. با توجه به تحقیقات پیشین و همپوشانی نسبی نقشه ژنتیکی گوسفند و بز، مطالعه حاضر با هدف شناسایی QTL‌های موثر بر وزن بدن روی کروموزوم‌های ۱ و ۵ بز مرخز با استفاده از ۱۱ نشانگر ریزماهواره صورت گرفت. جمعیت مورد مطالعه شامل ۲۴۸ دام متعلق به ۸ خانواده ناتنی پدری بود که برای ۱۱ جایگاه ریزماهواره مربوط به کروموزوم‌های ۱ و ۵ تعیین ژنوتیپ شدند. داده‌های فنوتیپی شامل صفات اوزان تولد، ۴ ماهگی، ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و ۱۲ ماهگی بودند که برای اثرات ثابت سال تولد، جنس و نوع تولد تصحیح شدند. آنالیز QTL به روش مکان‌یابی درون فاصله‌ای مبتنی بر رگرسیون انجام گرفت. در این پژوهش روی کروموزوم ۱ در سطح آماری مورد نظر، QTL معنی‌داری یافت نشد. در حالیکه روی کروموزوم ۵ یک ناحیه ژنومی با اثر معنی‌دار ($P < 0.05$) روی صفات وزن بدن در ۴ ماهگی و ۶ ماهگی در فاصله ۲ تا ۸ سانتی مورگان از نشانگر OarFCB005 یافت شد، لذا به نظر می‌رسد این مکان حاوی ژن‌های موثر بر اوزان بدن پس از تولد باشد. با توجه به اینکه مکان QTL تعیین شده در نزدیکی نشانگر OarFCB005 قرار داشت، بنابراین در صورت تایید آن توسط تحقیقات بیشتر، از این نشانگر می‌توان در انتخاب به کمک نشانگر استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: بز مرخز، نشانگرهای ریزماهواره، وزن بدن، QTL.

مقدمه

حیواناتی با جثه کوچک، ضعیف و با قدرت ماندگاری کمتر حاصل شده است (Visser *et al.*, 2013). مکان‌یابی QTL^۱، یک قدم مهم در فهمیدن اساس ژنتیکی صفات پیچیده است. استفاده از اطلاعات ژنومیکی در انتخاب دام‌های برتر، می‌تواند منجر به افزایش نرخ پیشرفت ژنتیکی به دلیل افزایش صحت انتخاب شود. اگر QTL‌های موثر بر صفات شناسایی شوند و نشانگرهای ژنتیکی همبسته با این QTL‌ها مشخص شوند، برنامه‌های اصلاح نژادی آسانتر شده و به جای انتخاب و تلاقی‌های مبهم و بعضاً نادرست، با استفاده از انتخاب به کمک نشانگر برنامه‌های اصلاحی جهت‌دار دنبال می‌گردند (Knott *et al.*, 1996). با توجه به فراهم شدن نقشه‌های جامع نشانگرهای DNA (مخصوصاً نشانگرهای ریزماهواره) در سطح ژنوم بز، این امکان فراهم شده است تا مکان ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی شناسایی شوند. با وجود اینکه تحقیقات مختلفی در سطح دنیا برای شناسایی QTL‌های موثر بر صفات کمی بز صورت گرفته، اما تاکنون تحقیقات بسیار کمی در زمینه تعیین QTL نژادهای بز ایرانی صورت گرفته است. در ایران و در یک پژوهشی، QTL‌های موثر بر صفات رشد و تولید کشمیر بزهای راینی با استفاده از ۶ خانواده نانی پدری با ۱۲۰ نتاج (۲۰ فرزند به ازای هر پدر) و ۸ نشانگر ریزماهواره

در حوزه ژنتیک و اصلاح، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها می‌تواند کمک بزرگی برای برنامه ریزی برای طرح‌های اصلاح نژادی و از همه مهمتر، حفظ ذخایر ژنتیکی باشد (Alinaghizadeh *et al.*, 2010). استفاده از ژنتیک مولکولی فواید مهم زیادی دارد و استفاده از نشانگرهای مولکولی در این زمینه یکی از بهترین گزینه‌ها به حساب می‌آید زیرا با توجه به اطلاعات زیادی که به دست می‌دهد می‌تواند نتایجی که از تجزیه و تحلیل رکوردها با روش‌های آماری به دست آمده است را تأیید و تکمیل نموده و حتی ممکن است که آنها را رد کند (Mousavizadeh *et al.*, 2009). بز مرخز تنها نژاد بز تک پوششی کشور و مولد الیافی براق، ظریف و نرم است که به طور عمده در مناطق کردنشین استان‌های کردستان، کرمانشاه، آذربایجان غربی، کردستان عراق و ترکیه پراکنده است. از مهمترین ویژگی‌های بز مرخز می‌توان به مقاومت بالا به شرایط سخت محیطی، نرخ بالای دوقلو زایی و کیفیت بالای موهر آن اشاره کرد (Rashidi *et al.*, 2008; 2011). در زمان‌های گذشته انتخاب بز مرخز برای تولید نسل بعد، بیشتر بر اساس موهر تولیدی و کیفیت آن انجام گرفته است. در این حالت اصلاحگران با رابطه ژنتیکی مثبت و نامطلوب بین وزن بدن و قطر موهر مواجه بوده‌اند. در نتیجه این انتخاب،

¹ - Quantitative trait locus

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۸ گروه پدری غیرخویشاوند که تعداد فرزندان بیشتری داشتند از ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز سنندج انتخاب و با استفاده از طرح ناتنی^۱، شناسایی ژن‌های بزرگ اثر کنترل کننده صفات موهر و دوقلوژی انجام شد. از هر فامیل پدری که حداقل دارای ۳۰ فرزند دختری بودند، به طور تصادفی انتخاب و نمونه‌های خون از پدرها و دخترهای آنها تهیه شد. نمونه‌گیری از سیاهرگ گردن و داج با استفاده از لوله خلاء دار ۶ میلی لیتری حاوی ماده ضد انعقاد EDTA تهیه گردید و بلافاصله بعد از خونگیری روی یخ به آزمایشگاه علوم دامی دانشگاه گیلان منتقل و تا زمان استخراج در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شدند. استخراج DNA از خون کامل با استفاده از روش بهینه شده Clotted Blood انجام گرفت (Luis *et al.*, 1998). کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱ درصد سنجیده شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم ۱۰ میکرولیتر شامل ۵۰ نانوگرم DNA ژنومی، ۶/۱ میکرولیتر آب دوبار تقطیر، بافر PCR با غلظت نهایی یک برابر، ۰/۵ میلی مولار dNTPs، ۰/۴ پیکومول از هر کدام از آغازگرها، دو میلی مولار MgCl₂ و یک واحد آنزیم Taq-DNA پلیمرز انجام شد. به منظور بهینه سازی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، دمای اتصال مناسب برای هر

مطالعه شد. در این پژوهش عنوان شد که روی کروموزوم‌های ۱، ۲ و ۵ QTL‌های مرتبط با صفات رشد در این نژاد وجود دارد (Mohammad abadi *et al.*, 2009). در پژوهش دیگری، QTL‌های تاثیرگذار روی صفات موهر بزهای آنقوره با استفاده از ۷۶ نشانگر ریزماهواره، ۸ خانواده ناتنی که در مجموع ۲۸۸ بزغاله داشتند، مورد بررسی قرار گرفت و دو QTL برای صفت قطر مو بر روی کروموزوم‌های ۱ و ۱۳ و یک QTL برای صفت موی ناهنجار روی کروموزوم ۵ و همچنین دو QTL دیگر برای صفات رشته-های ناپیوسته و طول مو بدست آمد (Cano *et al.*, 2007). همچنین در تحقیقات دیگر با به کارگیری طرح ناتنی و استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، QTL‌های موثر بر صفات موهر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۵، ۱۳ و ۱۹ و ۲۴ گزارش شده است (Cano *et al.*, 2009; Visser *et al.*, 2011). در زمینه مکان‌یابی QTL‌های صفات مهم بز مرخز در ایران تحقیقاتی گزارش نشده است. با توجه به معنی دار شدن اثر QTL بر وزن بدن در تحقیقات پیشین و همپوشانی نسبی نقشه ژنتیکی گوسفند و بز، مطالعه حاضر با هدف شناسایی QTL‌های موثر بر وزن تولد (BW)، ۴ ماهگی (BW4)، ۶ ماهگی (BW6)، ۹ ماهگی (BW9) و ۱۲ ماهگی (BW12) و تایید این QTL‌ها روی کروموزوم‌های ۱ و ۵ بز مرخز با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره صورت گرفت.

¹ - Half Sib Design

در این رابطه y_{ij} رکوردهای فنوتیپی تصحیح شده برای اثرات ثابت، $Sire_i$ اثر پدر β_i ، a_i اثر جایگزینی QTL در درون خانواده x_{ij} ، a_i احتمال اینکه دام i اولین آلش را از پدر i به ارث برده باشد و e_{ij} اثر باقیمانده می‌باشد. با استفاده از این مدل آماری QTLها به صورت نقطه‌ای و در فاصله‌های هر یک سانتی مورگان مورد بررسی قرار گرفت. نقطه‌ای از کروموزوم مورد نظر که دارای حداکثر آماره F بود به عنوان محتمل‌ترین موقعیت QTL در نظر گرفته شد. به منظور تعیین آستانه‌های معنی‌دار، از روش آزمون تبدیل^۱ در سطح کروموزوم و با ۱۰۰۰ دور تکرار استفاده شد. همچنین دامنه اطمینان موقعیت QTL با استفاده از تجزیه خود راه اندازی^۲ با ۱۰۰۰ تکرار محاسبه شد.

نتایج و بحث

در این پژوهش داده‌های فنوتیپی شامل صفات وزن تولد، وزن ۴ ماهگی، وزن ۶ ماهگی، وزن ۹ ماهگی و وزن ۱۲ ماهگی بودند که برای اثرات ثابت سال تولد، جنس و نوع تولد تصحیح شدند. تعداد فرزندان و میانگین صفات وزن بدن برای افراد مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. کمترین وزن تولد مربوط به خانواده شماره ۳ (۱/۸۶ کیلوگرم) و بیشترین وزن تولد مربوط به خانواده شماره ۶ (۲/۵۸ کیلوگرم)

جفت آغازگر ریزماهواره با استفاده از واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز در شیب حرارتی با دستگاه ترموسایکلر SENSQUEST تعیین گردید. چرخه حرارتی شامل یک مرحله واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۵ درجه به مدت ۵ دقیقه، ۳۳ چرخه حرارتی که ۱۰ چرخه اول به صورت Touch Down برنامه ریزی شده بود، به این صورت که دمای اتصال آغازگر به رشته الگو ۵ درجه سانتی گراد بالاتر از دمای اتصال واقعی در نظر گرفته شد و در هر چرخه دور اول با کاهش ۰/۵ درجه دما، به دمای اتصال واقعی رسید. در ۲۵ چرخه بعد دمای اتصال ثابت (بسته به دمای اتصال آغازگر) و با زمان ۳۰ ثانیه انجام شد، در هر چرخه نیز، زمان و دمای واسرشت سازی و دمای بسط رشته ۹۴ و ۷۲ درجه به مدت ۴۵ ثانیه در نظر گرفته شد. محصولات تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل پلی اکریل آمید غیر واسرشته ساز ۸ درصد تفکیک و رنگ آمیزی به روش نیترات نقره انجام گرفت. الگوهای نواری بر اساس اندازه باندها و به صورت اعداد ۱، ۲، ۳ و ... امتیازدهی شدند و سپس انواع ژنوتیپ‌ها تعیین شدند. داده‌های فنوتیپی برای اثرات ثابت سال تولد، تیپ تولد و جنسیت تصحیح شدند. آنالیز QTL به روش رگرسیون (Knott *et al.*, 1996) و با استفاده از نرم افزار آنالیز GridQTL انجام شد (Seaton *et al.*, 2006). مدل حداقل مربعات رگرسیون مورد استفاده عبارت بود از:

$$y_{ij} = Sire_i + \beta_i x_{ij} + e_{ij}$$

¹ - Permutation test

² - Bootstrap analysis

با توجه به سیستم‌های متنوع مدیریتی در دامنه ۲/۵۵ تا ۳/۲۱ کیلوگرم و وزن شیرگیری نیز بین ۱۴/۷ تا ۲۰/۵ کیلوگرم گزارش شده است (Visser *et al.*, 2013). این مقادیر بیشتر از مقادیر وزن بدن بز مرخز می‌باشد. از دلایل آن می‌توان به سیستم مدیریتی ضعیف یا عدم اصلاح نژاد صحیح این دام‌ها اشاره کرد.

مشاهده شد. کمترین وزن ۱۲ ماهگی مربوط به خانواده شماره ۸ (۱۹/۷۵ کیلوگرم) و بیشترین وزن ۱۲ ماهگی مربوط به خانواده شماره ۴ (۲۸/۵۰ کیلوگرم) مشاهده شد. بنابراین، خانواده شماره ۴ افزایش وزن روزانه بیشتری نسبت به سایر خانواده‌ها داشته است. میانگین فنوتیپی فرزندان برای وزن بدن در کمتر از مقادیر گزارش شده برای آنقوره بود. وزن تولد در بزهای آنقوره،

جدول ۱- تعداد فرزندان و میانگین صفات وزن بدن در ۸ خانواده ناتنی بز مرخز.

Table 1- Number of offspring and average body weight on 8 half sib families of Markhoz goat.

خانواده	تعداد فرزندان	وزن تولد	وزن ۴ ماهگی	وزن ۶ ماهگی	وزن ۹ ماهگی	وزن ۱۲ ماهگی
family	No. offspring	BW	BW4	BW6	BW9	BW12
1	40	2.47	13.48	17.00	19.92	22.51
2	23	2.52	12.91	15.90	18.93	21.60
3	37	1.86	12.80	16.44	19.58	-
4	25	2.17	12.25	15.78	20.43	28.50
5	35	2.34	12.15	15.24	17.56	20.58
6	36	2.58	11.89	14.95	18.09	21.05
7	29	2.41	12.53	15.31	18.06	21.03
8	30	2.20	11.43	15.08	18.25	19.75
میانگین	31.88	2.32	12.43	15.79	18.79	21.49
Mean						

داشته و نشانگر مناسبی جهت بررسی مکان‌های ژنی تاثیر گذار بر صفات کمی می‌باشند. امروزه نقشه‌های ژنتیکی جامع در گونه‌های مختلف حیوانی ترسیم گردیده است و این نقشه‌ها امکان استفاده از تکنیک‌های ژنتیک مولکولی به منظور مکان‌یابی QTL‌های کنترل کننده صفات کمی را فراهم می‌آورند. قبل از انجام تجزیه آماری لازم

نشانگرهای ریزماهواره توالی‌های کوتاه تکرار شونده (۱ تا ۶ جفت بازی) هستند و اختلاف ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها را در سطح مولکول DNA نشان می‌دهند. این نشانگرها همباز هستند و به وفور در سرتاسر ژنوم وجود دارند. اختلاف آلل‌های آنها به علت طول آلل تکثیر شده می‌باشد که به همین علت تنوع زیادی

است. با تجزیه QTL مبتنی بر رگرسیون اختلاف بین گروه‌های ژنوتیپی در نقطه‌ای که بالاترین میزان آماره F را نشان دادند، به عنوان محتمل-ترین مکان QTL در نظر گرفته شد (شکل ۱).

است تا آلل‌های پدری به ارث رسیده به نتاج را مشخص نمود. بعد از تعیین ژنوتیپ والدین، نتاج آنها برای نشانگرهای هتروزیگوت تعیین ژنوتیپ شدند. در جدول ۲ نام کروموزوم‌ها، طول و میزان پوشش آنها توسط این نشانگرها نشان داده شده

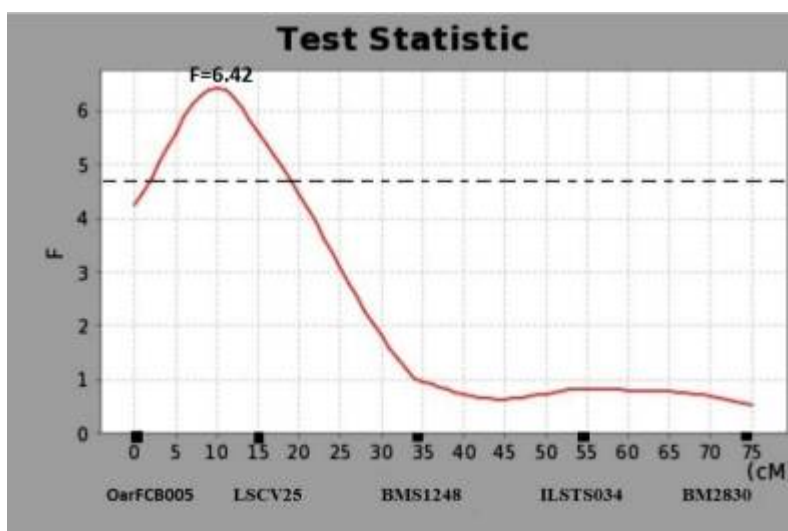
جدول ۲- نام و طول کروموزوم‌های مطالعه شده، نام نشانگرها و میزان پوشش آنها.

Table 2- Name and length of chromosome, name of markers and their coverage.

نام نشانگر مورد استفاده Markers that used	میزان پوشش (cM) Coverage	طول (cM) Length	نام کروموزوم chromosome Name
ILSTS004 (66)*, BM1312 (30), LSCV06 (16), CSSM32(27), CSSM19 (17), BM3205	157	186	CHI 1
OarFCB005 (15), LSCV25 (19), BMS1248 (20), ILSTS034 (21), BM2830	75	179	CHI 5

* Distance to the next marker (cM)

* فاصله تا نشانگر بعدی بر حسب سانتی مورگان.



شکل ۱- منحنی آماره F در طول کروموزوم شماره ۵ برای وزن ۴ ماهگی در میان خانواده‌های ناتنی. در این شکل خط نقطه چین نشان دهنده آستانه معنی‌دار QTL در سطح احتمال ۵٪ ($F_{0.05}=4.82$) می‌باشد که به وسیله آزمون تبدیل به دست آمده است.

Figure 1- F-profile along chromosome 5 for weight at 4 months of age among half sib families. In this figure dashed line indicate QTL significant threshold level ($P<0.05$) that obtained by permutation test.

شیرگیری و وزن ۶ ماهگی در ناحیه ۵۵ تا ۵۸ سانتی مورگان، QTL موثر بر وزن بدن در ۳ و ۶ ماهگی گزارش شد. در حالیکه در پژوهش حاضر QTL برای صفات وزن بدن در ۴ و ۶ ماهگی در دامنه ۲ تا ۸ سانتی مورگان معنی دار شد (جدول ۳). از دلایل عدم تطابق نتایج پژوهش حاضر با پژوهش پیشین می توان به تعداد نسبتاً کم افراد در هر دو پژوهش و همچنین دامنه اطمینان نسبتاً بالای مکان QTL اشاره کرد. QTL های شناسایی شده برای وزن بدن روی کروموزوم شماره ۵ در جدول ۳ ارائه شده است. این QTL ها در مجاورت نشانگر OarFCB005 و در فاصله ۲ تا ۱۰ سانتی مورگان از آن قرار داشتند. لذا به نظرمی رسد این مکان حاوی ژن های تاثیر گذار بر وزن بدن پس از تولد باشد.

تاکنون تحقیقات اندکی در ارتباط با مکان های ژنی کنترل کننده صفات وزن بدن بزها انجام شده است. QTL های موثر بر رشد بزهای آنقوره آفریقای جنوبی با استفاده از ۱۲ خانواده ناتنی پدری و ۸۸ نشانگر ریزماهواره ردیابی شد. در این پژوهش چهار QTL تاثیر گذار بر وزن بدن روی کروموزوم ۴، ۸، ۱۷ و ۲۷ و دو QTL برای وزن شیرگیری روی کروموزوم های ۱۶ و ۱۹ معنی دار شد. اثر این QTL ها در دامنه ۰/۳۲- تا ۰/۲۵ در واحد انحراف استاندارد باقیمانده محاسبه شد (Visser et al., 2013). پژوهش صورت گرفته روی بز رائینی وجود سه QTL مرتبط با وزن بدن روی کروموزوم های ۱، ۲ و ۵ را تایید نمود (Mohammad Abadi et al., 2009). در این پژوهش برای صفت وزن

جدول ۳- QTL های معنی دار برای صفات وزن بدن ۴ و ۶ ماهگی روی کروموزوم ۵.

Table 3- QTLs identified for 4 and 6 body weight trait on chromosome 5.

واریانس (%) ^c	اثر QTL	موقعیت (cM) ^a	F Statistic	خانواده تفرق یافته	صفات
Variance (%)	QTL effect (SD)	Position		Segregated family	Traits
2.01	-4.12	8	17**	4	BW
5.45	2.84	2	8.21*	5	BW4
3.95	-1.07 ^b	10	6.42*	4-5	BW4
1.63	-0.03 ^b	8	3.28*	3-4-5-6-7-8	BW4
2.08	-0.09 ^b	3	3.91*	4-7-8	BW6

a- فاصله QTL از نشانگر اول b- میانگین خانواده ها c- واریانس فنوتیپی توجه شده توسط QTL

a- QTL distance from the beginning of the first marker. b- Family mean. c- Percentage of phenotypic variance explained by QTL.

مقیاس انحراف استاندارد فنوتیپی گزارش شد. در پژوهش حاضر در این ناحیه از ژنوم در سطح معنی دار محاسبه شده از طریق آزمون تبدیل، QTL معنی داری یافت نشد (جدول ۴). از دلایل عدم شناسایی QTL روی این کروموزوم می توان به تعداد نسبتاً کم نتاج و خانواده های ناتنی و تعداد کم نشانگرهای مورد استفاده اشاره کرد. بنابراین پیشنهاد می شود پژوهش های جدید با تعداد نشانگر و افراد بیشتری در درون هر خانواده انجام گیرند.

در این پژوهش روی کروموزوم ۱ در سطح آماری مورد نظر، QTL معنی داری که با اطمینان بتوان آنرا جایگاه کنترل کننده صفات وزن بدن دانست یافت نشد، اما در برخی مکان ها آماره F به آستانه معنی دار نزدیک بود. پژوهش صورت گرفته روی بز راینی وجود یک QTL معنی دار در موقعیت ۸۲ سانتی مورگان از کروموزوم ۱ و در مجاورت نشانگر BM1312 را تایید نموده است (Mohammad Abadi et al., 2009). مقدار اثر جایگزینی این QTL در دامنه ۰/۸ تا ۱/۷ در

جدول ۴- بررسی وجود QTL موثر بر وزن بدن روی کروموزوم ۱.

Table 4- Search for body weight QTL on chromosome 1.

Fthreshold (0.05)	Fstatistic	موقعیت (cM) Position	صفت Trait
2.58	1.66ns	33	BW
2.65	1.08ns	139	BW4
2.64	1.55ns	66	BW6
2.43	0.87ns	133	BW9
2.81	1.71ns	127	BW12

صفات دارای وراثت پذیری پایین مشکل تر است و نیازمند داده های بیشتری برای بررسی این ارتباط هست، بنابراین به منظور بررسی QTL در جمعیت های دامی لازم است تعداد فرزندان در درون خانواده ها به اندازه کافی زیاد باشد تا با احتمال بیشتری بتوان در مورد موقعیت یک QTL نظر داد. همچنین باید از تعداد کافی نشانگر هتروزیگوت استفاده کرد تا سایر QTL ها با اثر کمتر نیز ردیابی شوند. انتظار می رود با شناسایی QTL های موثر بر این صفات بتوان از این

در سال های اخیر مدیریت ایستگاه پرورش بز مرخز سنندج با چالش های فراوانی روبه رو بوده است. حتی در برخی از مواقع به دلیل برخی محدودیت ها، تغذیه و بهداشت بسیار پایین تر از حد معمول انجام شده است که حتی باعث کاهش وزن بدن در سنین بالاتر شده است. این وضعیت می تواند موجب اریبی در ارقام اندازه گیری شده شود. همچنین به دلیل پیوستگی کمتر بین ژنوتیپ و فنوتیپ در صفات با وراثت پذیری کمتر، بررسی ارتباط جایگاه های ژنی با

اطلاعات در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر ژنتیکی سریعتر در این نژاد با ارزش شود.
استفاده نمود که این امر می‌تواند منجر به پیشرفت

منابع

- Alinaghizadeh H, Mohammad Abadi MR, Zakizadeh S (2010). Exon 2 of BMP15 gene polymorphism in Jabal Barez Red Goat. *Iranian Journal of Agricultural Biotechnology* 2: 69-80 (in Farsi).
- Cano EM, Marrube G, Roldan DL, Bidinost F, Abad M, Allain D, Vaiman D, Taddeo H, Poli MA (2007). QTL affecting fleece traits in Angora goats. *Small Ruminant Research* 71: 158-164.
- Cano EM, Debenedetti S, Abad M, Allain D, Taddeo HR, Poli MA (2009). Chromosomal segments underlying quantitative trait loci for mohair production in Angora goats. *Animal Genetic Resources Information* 45: 107-112.
- Knott SA, Elsen JM, Haley CS (1996). Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half sib populations. *Theoretical Applied Genetic* 93: 71-80.
- Luis A, Salazar M, Hirata H, Cavalli AS, Machado MO, Rosario DC (1998). Optimized procedure for DNA isolation from fresh and cryopreserved clotted human blood useful in clinical molecular testing. *Clinical Chemistry* 44: 1748-1750.
- Mohammad Abadi MR, Askari N, Baghizadeh A, Esmailizadeh AK (2009). A directed search around caprine candidate loci provided evidence for microsatellites linkage to growth and cashmere yield in Rayini goats. *Small Ruminant Research* 81: 146-151.
- Mousavizadeh A, Mohammad Abadi MR, Torabi A, Nassiry MR, Ghiasi H, Esmailizadeh AK (2009). Genetic polymorphism at the growth hormone locus in Iranian Talli goats by polymerase chain reaction –Single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). *Iranian Journal of Biotechnology* 7: 51-53.
- Rashidi A, Sheikahmadi M, Rostamzadeh J, Shrestha JNB (2008). Genetic and phenotypic parameter estimates of body weight at different ages and yearling fleece weight in Markhoz goats. *Asian-Australasian Journal of Animal Science* 21: 1395-1403.
- Rashidi A, Bishop SC, Matika O (2011). Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. *Small Ruminant Research* 100: 100-106.
- Seaton G, Hernandez J, Grunchev JA, White I, Allen J, Koning DJ, Wei W, Berry D, Haley C, Knott S (2006). GridQTL: a grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets. *Proc. of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Aug. 13-18, 2006. Belo Horizonte, Brazil.
- Visser C, Van Marle-Koster E, Bovenhuis H, Crooijmans RPMA (2011). QTL for mohair traits in South African Angora goats. *Small Ruminant Research* 100: 8-14.
- Visser C, Van Marle-Koster E, Snyman MA, Bovenhuis H, Crooijmans RPMA (2013). Quantitative trait loci associated with pre-weaning growth in South African Angora goats. *Small Ruminant Research* 112: 15- 20.

A survey on chromosomes 1 and 5 for QTL controlling body weight in Markhoz goats

Badbarin N.*1, Mirhoseini S.Z.2, Rabiei B.3, Ghavi Hossein-Zadeh N.4

1 PhD student, Department of Animal Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan.

2 Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan.

3 Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan.

4 Associate Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan.

Abstract

Body weight is one of the most important traits which has quantitative traits inheritance. QTL mapping not only provides useful information regarding the status and number of genes controlling quantitative traits. It can also help the breeders in marker-assisted selection. This study aimed to identify QTL affecting body weight on chromosomes 1 and 5 in Markhoz goats using microsatellite markers. The studied population consisted of 248 animals from 8 half sib families genotyped for eleven microsatellites on chromosomes 1 and 5. Phenotypic data including body weight at birth, 4 months, 6 months, 9 months and 12 months of age that were corrected for fixed effects including year of birth, sex and type of birth. QTL analysis was performed based on regression analysis. In this research significant QTL was not found on chromosome 1 while one chromosomal regions associated with weight at 4 and 6 months of age was found on chromosome 5. The location of the detected QTL was 2 to 8 cM near the OarFCB005 marker. Maybe this region of chromosome 5 contain genes that affect growth trait. Considering that the locations of this QTL was near the location of OarFCB005 marker, if further investigation were performed, this marker could be used in marker-assisted selection.

Key Words: *Markhoz goats, Microsatellite markers, Body weights, QTL.*

* Corresponding Author: Badbarin N.

Tel: 09381511838

Email: badbarin@phd.guilan.ac.ir