



شناسایی جایگاه های ژنی مؤثر بر نسبت کلیبر در یک جمعیت از آمیخته های حاصل از تلاقی دو سویه بلدرچین ژاپنی

سعید سهرابی^{1*}، علی اسمعیلی زاده کشکوئی²، محمدرضا محمدآبادی²، حسن مرادیان³

¹دانشجوی دکتری بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

²دانشیار بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

³دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه شهید باهنر کرمان

تاریخ دریافت: 1391/04/13. تاریخ پذیرش: 1391/10/06

چکیده

به منظور شناسایی QTL مؤثر بر صفات رشد و برآورد میزان اثر آنها، از یک طرح تلاقی F2 حاصل از دو سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی (تخمگذار یا سفید و گوشتی یا وحشی) استفاده گردید. با تلاقی 34 پرنده حاصل از تلاقی فوق و به منظور ایجاد جمعیت لازم برای رکورد برداری فنوتیپی، 422 پرنده نسل سوم تولید شد. مشاهدات شامل وزن های هفتگی ثبت شده و نسبت کلیبر مربوط به فاصله زمانی هیچ تا 1، 1 تا 2، 2 تا 3، 3 تا 4، 4 تا 5 و هیچ تا 5 هفتگی می باشد. تمامی پرندگان هر سه نسل (472 پرنده) برای 8 نشانگر ریزماهواره موجود بر روی کروموزوم شماره 1 و با میانگین فاصله 29 سانتی مورگان از یکدیگر تعیین ژنوتیپ شدند. آنالیز داده های حاصل با استفاده از روش نقشه یابی درون فاصله ای مبتنی بر رگرسیون انجام گرفته و پنج QTL مربوط به نسبت کلیبر محاسبه شده برای 1 تا 2، 2 تا 3، 3 تا 4، 4 تا 5 و هیچ تا 5 هفتگی شناسایی شد. واریانس QTL های شناسایی شده برای صفات مختلف در محدوده 0/8 تا 3/7 بود. با برآزش مدل دارای اثرات افزایشی و غلبه، اثر غلبه برای هیچکدام از صفات معنی دار نشد. همچنین، جایگاه های شناسایی شده، بر هیچکدام از صفات مورد بررسی اثر ایمپریتینگ نداشتند. واژه های کلیدی: طرح F2، بلدرچین ژاپنی، نشانگر های ریزماهواره، نسبت کلیبر، تلاقی دوجانبه.

هزینه بر و دشوار می باشد، از اینرو Kleiber (1947) نسبت میانگین افزایش روزانه (ADG) به وزن متابولیکی (W0.75) را به عنوان یک معیار برای اندازه گیری غیر مستقیم بازده خوراک مصرفی حیوان پیشنهاد نموده است. این نسبت به عنوان نسبت کلیبر نامیده شده و توسط محققین مختلف به صورت معیار انتخاب جهت افزایش بازده تولید پیشنهاد گردیده است (Berg *et al.*, 1992; Schoeman, 1995; Roux and Scholtz, 1984). تا کنون نسبت کلیبر در چندین مطالعه بر روی حیوانات مختلفی از جمله گوسفند و گاو مورد محاسبه و ارزیابی ژنتیکی (به صورت کمی) قرار گرفته است (Asadi Khoshoei *et al.*, 1999; Vatan Khah *et al.*, 2005; Matika *et al.*, 2003; Abegaz *et al.*, 2005; Schoeman and Jordaan, 1999; Arthur *et al.*, 2001). طيور نیز صفات مرتبط با رشد در چندین پژوهش مورد ارزیابی و بررسی کمی و ژنومی قرار گرفته اند. برای مثال، در بلدرچین ژاپنی، در دسترس بودن ابزارهای مولکولی امکان بررسی و مطالعه ژنتیکی صفات پیچیده را در این پرنده فراهم نموده است (Kayang *et al.*, 2004). علی رغم تلاش های فراوان صورت گرفته برای ایجاد نقشه پیوستگی و شناسایی QTL در ژنوم مرغ، اطلاعات اندکی در خصوص نقشه یابی نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی در بلدرچین ژاپنی وجود دارد (Esmailzadeh *et al.*, 2012; Minvielle *et al.*, 2005).

رشد حیوان که شامل فرآیندهای فیزیولوژیکی پیچیده ای است، یکی از مهم ترین و تاثیرگذارترین عوامل در علم پرورش دام و طیور به حساب می آید (Carlborg *et al.*, 2003; Jacobsson *et al.*, 2005; Le Rouzic *et al.*, 2008). هدف اکثر برنامه های اصلاح نژادی در بلدرچین، انتخاب پرندگان دارای نرخ رشد بالا است (Esmailzadeh *et al.*, 2012). تحقیقات در برخی گونه های دام های اهلی نشان داده است که اگر انتخاب بر اساس سرعت رشد باشد، سبب افزایش اندازه بدن دام بالغ و موجب افزایش هزینه های نگهداری (خوراک) می گردد و بازده کل سیستم تولید کاهش می یابد (Dickerson, 1978). بنابراین جهت افزایش تولید گوشت در دامها به نظر می رسد پژوهش برای یافتن معیار انتخاب مناسب در کنار یا به جای وزن بدن دام مشکل مذکور را تا حدودی حل نماید (Asadi Khoshoei *et al.*, 1999). ضریب تبدیل غذایی یا بازده غذایی می تواند معیار انتخاب بهتری نسبت به وزن حیوان برای صفات رشد باشد (Badnhorst, 1990; Greef *et al.*, 1995; Roux and Scholtz, 1984; Dickerson, 1978) زیرا رابطه ضریب تبدیل غذایی با بازده و سود اقتصادی حیوان، رابطه ای مستقیم است. اندازه گیری میزان خوراک مصرفی برخی از گونه های حیوانی و در شرایط ویژه پرورشی به منظور محاسبه ضریب تبدیل امری

ماده وحشی (14 پرنده ماده و 3 پرنده نر) و 17 نتاج (WS) حاصل از تلاقی نر وحشی × ماده سفید (11 پرنده ماده و 6 پرنده نر) برای تولید نسل دوم (F₂) انتخاب شدند. هر پرنده نر با سه پرنده ماده (به صورت پرخشی و هر سه روز یکبار با یکی از پرندگان ماده) تلاقی داده شد. از تلاقی نرهای SW با ماده های WS تعداد 153 (64 ماده و 89 نر) پرنده F₂ (SWWS) و از تلاقی نرهای WS با ماده های SW تعداد 230 (96 ماده و 134 نر) پرنده F₂ (WSSW) در طی 5 هیچ متوالی تولید شدند. رکورد های اندازه گرفته شده مربوط به صفات رشد، شامل وزن تولد، وزن یک تا پنج هفتگی بود که به وسیله ترازویی با دقت 0/1 گرم اندازه گیری شد. نسبت کلیبر مربوط به دوره های زمانی 1 تا 2 هفتگی، 2 تا 3 هفتگی، 3 تا 4 هفتگی، 4 تا 5 هفتگی و هیچ تا 5 هفتگی با استفاده از رابطه ارائه شده توسط Kleiber (1947) و با تقسیم میانگین افزایش وزن روزانه در هر یک از دوره های زمانی ذکر شده در بالا به وزن متابولیکی پرنده در انتهای همان دوره محاسبه شد:

$$Kleiber\ Ratio\ (KR) = \frac{ADG}{W^{0.75}}$$

که در این رابطه، ADG، میانگین افزایش وزن روزانه محاسبه شده برای یک بازه زمانی مشخص و $W^{0.75}$ ، وزن متابولیکی در انتهای بازه زمانی مورد نظر می باشد. در هنگام کشتار، از هرکدام از پرندگان هر سه نسل خونگیری شده

به جز در یک مطالعه (Esmailizadeh *et al.*, 2012)، مکان یابی جایگاه های ژنی مرتبط با نسبت کلیبر در بلدر چین ژاپنی انجام نشده است. لذا هدف از انجام این پژوهش شناسایی QTL مرتبط با صفت نسبت کلیبر و برآورد اثرات آن در یک جمعیت از بلدرچین ژاپنی می باشد.

مواد و روش ها

تعداد 8 پرنده نر و 8 پرنده ماده به عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و تلاقی دوطرفه بین آنها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) انجام شد. برای تولید نسل F₁، هر پرنده نر در نسل P با یک پرنده ماده تلاقی داده شد و تخم ها پس از جمع آوری روزانه و ثبت شماره پلاک مادر بر روی آن، به مدت 7 روز تا تکمیل جمع آوری تخم در دمای 15 درجه سانتیگراد و رطوبت 70 درصد نگهداری شدند. جهت انجام جوجه کشی، تخم ها به ستر منتقل شده و در پایان روز پانزدهم به هچر انتقال داده شدند. در زمان تولد به پای جوجه ها پلاک متصل شده و در 10 روزگی این پلاک از پا جدا شده و به بال های پرنده منتقل گردید. جیره غذایی پرندگان در هر سه نسل یکسان و دارای 24 درصد پروتئین و 2900 کیلو کالری انرژی بود. غذا و آب به صورت اختیاری در دسترس پرندگان قرار داشت. تعداد 34 پرنده از بین پرندگان نسل اول (F₁) شامل 17 نتاج (SW) حاصل از تلاقی نر سفید ×

و حجم باقیمانده آب مقطر به ازای هر 2 میکرولیتر از نمونه DNA انجام شد. محصولات این واکنش به منظور تفکیک باندها و مشخص شدن آلل مربوطه روی ژل پلی اکریل آمید 8 درصد بارگذاری شدند و به منظور آشکار سازی باندها از روش رنگ آمیزی نترات نقره استفاده شد. شکل 1 باندهای مربوط به چند نمونه و نحوه تعیین ژنوتیپ های مربوطه را نشان می دهد. به منظور شناسایی جایگاه های مرتبط با صفات مورد نظر و مشخص کردن اثرات افزایشی، غلبه یا ایمپریتینگ از 3 مدل آماری ذیل استفاده شد:

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

مدل 1

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

مدل 2

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

مدل 3

پرنده k ، i ، اثر منشا والدی آلل Q (ایمپریتینگ)، P_{ik} ، احتمال شرطی اینکه هم پرنده k هتروزیگوت باشد و هم آلل سویه وحشی را از والد پدری دریافت نماید. همچنین اثرات متقابل هیچ و جنس با اثر افزایشی QTL نیز در دو مدل دیگر برآورد شد. برای برآزش مدل های آماری فوق، از نرم افزار GridQTL، که به صورت آنلاین قابل دسترس است استفاده شد.

واستخراج DNA از خون هر فرد با استفاده از روش استخراج نمکی انجام شد. کلیه افراد هر سه نسل برای 8 نشانگر ریزماهواره موجود روی کروموزوم شماره یک بلدرچین با میانگین فاصله تقریبی 29 سانتی مورگان (Kayang et al., 2004; 2002) با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمرز تعیین ژنوتیپ شدند. مشخصات آغازگرهای مربوط به این نشانگرها در جدول (1) آمده است. واکنش PCR در حجم کلی 25 میکرولیتر شامل 2/5 میکرولیتر بافر PCR، 1 میکرولیتر کلرید منیزیم، 0/5 میکرولیتر dNTP Mix، 0/3 میکرولیتر آنزیم Taq پلیمرز، 1 میکرولیتر از هر کدام از آغازگرهای پیشرو و پیرو

که در این مدل ها، Y_{ijk} ، مشاهده مربوط به i امین هیچ (در پنج سطح)، z امین جنسیت (در دو سطح) و k امین پرنده، μ ، میانگین جمعیت، H_i ، اثر هیچ که دارای 5 سطح می باشد، S_j ، اثر جنس پرنده که دارای 2 سطح (نر و ماده) می باشد، a ، اثر افزایشی QTL، P_{ak} ، احتمال شرطی دریافت آلل سویه وحشی توسط پرنده k ، d ، اثر غلبه ژنی QTL، P_{dk} ، احتمال شرطی هتروزیگوت بودن

موقعیت	توالی آغازگر		Primer sequence		150bp	TA ^B
Position (cM) ^A	پسرو	پیشرو	Reverse	Forward	100bp	75bp
55	0		5'-GCATACTGCAATATACCTGA-3'	5'-TTGACATACTTGGATTAGAGA-3'	55	
52	19		5'-AAACTACCGATGTAAGTAAG-3'	5'-ATCAGATATATAAGGAACCC-3'	45	2 3 2 2 1 2 2 2
58	57		5'-AACGCATACAACCTGACTGGG-3'	5'-GGATAGCATTTCAGTCACGG-3'	55	
53	91		5'-ACCAAACCCGAGATCCGACA-3'	5'-AGCGTTCGCGTTCCCTCTTTC-3'	55	
56	122		5'-GTTACATCCATCCTGCCTCA-3'	5'-CTCTTGAGCCTACCAGTCTG-3'	55	
58	172		5'-GCATAACTGAACTACCACGC-3'	5'-GCATCAGTTCCATCAGCTAG-3'	55	
58	197		5'-TAGGAGAGGTCACGATTTGC-3'	5'-ATCTTAACTCGCCAGCCTT-3'	54	
50	206		5'-GCCTTCAGAGTGGGAAAT-3'	5'-TCTCACAGAAACAGCTCC-3'	55	

شکل 1- الگوی باندهای

نشانگر ریزماهواره روی ژل

پلی اکریل آمید.

Figure 1- banding pattern of SSR markers on polyacrylamide gel.

جدول 1- خلاصه ای از مشخصات عمومی نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این پژوهش روی کروموزوم شماره یک بلدرچین ژاپنی.

Table 1- Summary of general characteristics of the microsatellites markers on Japanese quail chromosome 1 used in this study.

^A: موقعیت نشانگر روی کروموزوم بر اساس نقشه پیوستگی بلدرچین (Kayang *et al.* 2004). ^B: دمای اتصال

^A Marker position on chromosome based on Japanese quail sex averaged linkage map (Kayang *et al.* 2004).

^B annealing temperature (°C).

بروز صفات ذکر شده تاثیر می گذارند. با توجه به اینکه ایجاد تمام جمعیت F2 به طور یکباره و در طی یک هیچ امکانپذیر نبود، برای تولید حداکثر میزان نتاج F2 به ازای هر کدام از والدین نر، در طی 5 هیچ متوالی این تعداد افراد ایجاد شد. بنابراین اثر هیچ نیز به عنوان یک اثر ثابت در نظر گرفته شد و به عنوان یک اثر ثابت تاثیر قابل توجهی در شناسایی جایگاه های مورد نظر داشت. در این پژوهش بازده غذایی به صورت مستقیم مورد محاسبه قرار نگرفت. اما نسبت کلیبر محاسبه شده بر اساس داده های مربوط به وزن زنده و نرخ رشد پرندگان می تواند شاخص خوبی از اقتصادی بودن رشد و همچنین یکی از شاخص های مناسب برای تعیین بازده انرژی حیوان باشد (Kleiber, 1947). تا قبل از این، تنها پژوهش انجام شده برای شناسایی جایگاه های ژنی مؤثر بر نسبت کلیبر در بلدرچین، توسط Esmailizadeh *et al.* (2012) انجام شده بود که در پژوهش یاد شده تنها یک QTL مؤثر بر این صفت شناسایی شد. در پژوهش حاضر موقعیت تقریبی جایگاه های شناسایی شده در میانه کروموزوم (97 سانتی مورگان) بود که در مقایسه با گزارش Esmailizadeh *et al.* (2012) که در ناحیه سانترومری کروموزوم (18 سانتی مورگان) بود، در فاصله تقریباً دورتری واقع شده بود.

نتایج حاصل از برازش مدل های دارای اثرات افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ (جدول 2) نشان داد که هر دو QTL معنی دار شناسایی شده تنها دارای اثرات افزایشی معنی دار بر نسبت کلیبر محاسبه شده در محدوده زمانی هیچ تا 5 هفتگی و 4 تا 5 هفتگی است. صفت نسبت کلیبر مربوط به هیچ تا 5 هفتگی در اثر برازش مدل 1 بدست آمد که در این مدل فقط اثر افزایشی QTL در نظر گرفته شد. در خصوص صفت نسبت کلیبر مربوط به 4 تا 5 هفتگی علاوه بر اثر افزایشی، اثر غلبه نیز در نظر گرفته شد اما معنی دار نبود. با برازش مدل 3 که اثرات ایمپریتینگ را نیز در بر دارد، هیچ QTL معنی داری شناسایی نگردید. QTL های شناسایی شده برای صفات نسبت کلیبر محاسبه شده برای 1 تا 2 هفتگی و 3 تا 4 هفتگی دارای اثرات متقابل معنی دار با هیچ (جدول 3)، و QTL مربوط به صفت نسبت کلیبر 4 تا 5 هفتگی اثر متقابل معنی دار با جنسیت پرندگان داشت (جدول 4). از معنی دار بودن اثرات متقابل QTL با هیچ در صفات ذکر شده در بالا می توان چنین استنباط کرد که احتمالاً جایگاه های ژنی متفاوتی در هیچ های مختلف بر صفات مدنظر اثر معنی دار دارند. در مورد اثر متقابل معنی دار با جنسیت نیز می توان گفت احتمالاً ژن های متفاوتی در دو جنس بر

جدول 2- نتایج معنی دار حاصل از برآزش مدل های دارای اثرات افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ.

Table 2- Summary of QTL associated with kleiber ratio in F2 population of Japanese quail.

صفت trait	موقعیت Position (cM)	F- value	اثر QTL QTL Effect ^A		V _{QTL} ^B		نشانگر مجاور Closest marker
			افزایشی (s.e.) additive	غلبه (s.e.) dominance	افزایشی additive	غلبه dominance	
KR.0-5	97	5.6*	7.65(3.04)	11.42(5.85)	1.8	0.8	GUJ0013
KR.4-5	97	7.8	1.14(0.41)	-	1.94	-	GUJ0013

A: اثرات افزایشی و غلبه که به ترتیب به صورت میانگین هموزیگوت ها و انحراف میانگین دو ژنوتیپ هموزیگوت از ژنوتیپ هتروزیگوت تعریف می شود.

B: واریانس QTL.

^A The additive and dominance effects were defined as the deviation of animals homozygous for the wild allele or heterozygous, respectively, from the mean of two homozygotes.

^C Quantitative trait loci variance.

ابتدایی کروموزوم و در نزدیکی یکدیگر واقع شده بودند. در حالی که بقیه جایگاه های شناسایی شده تقریباً در نواحی میانی کروموزوم قرار داشتند.

سپاسگزاری

هزینه انجام این پژوهش از محل گرانت پژوهشی دانشگاه شهید باهنر کرمان به نگارنده دوم مقاله و همچنین از محل طرح های پژوهشی مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی کرمان تامین گردیده است. نگارندگان از کارکنان و دانشجویان دو مرکز یاد شده کمال تشکر و سپاسگزاری را دارند.

بین موقعیت های شناسایی شده در پژوهش حاضر و پژوهش Esmailizadeh *et al.* (2012) تفاوت تقریباً زیادی وجود دارد. دلیل این امر می تواند استفاده از طرح های نقشه یابی متفاوت باشد.

همچنین، این امکان وجود دارد که چون دو طرح در شرایط متفاوتی اجرا شده اند، موقعیت-های ژنی متفاوتی نیز شناسایی شده است که یکی از دلایل این امر می تواند اثرات متقابل ژنتیک و محیط باشد. همانطور که در شکل 2 مشاهده می-شود، از 5 جایگاه شناسایی شده در این پژوهش، دو جایگاه مربوط به صفات نسبت کلیبر محاسبه شده برای 1 تا 2 هفتگی و 3 تا 4 هفتگی بود که در نتیجه برآزش مدل دارای اثرات متقابل با هج معنی دار شدند، این دو جایگاه در در نواحی

جدول 3- نتایج معنی دار حاصل از برازش مدل دارای اثرات متقابل اثر افزایشی QTL با هج.

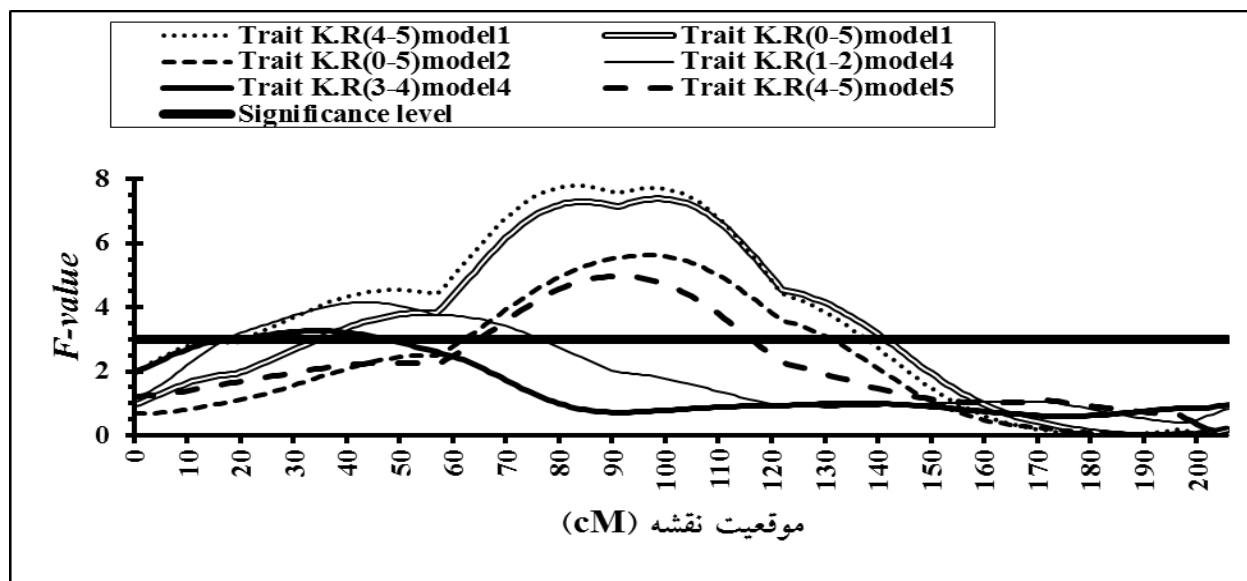
Table 3- Summary of QTL results obtained from modeling QTL by hatch interaction.

صفت Trait	موقعیت Position (cM)	F- value	اثر افزایشی QTL QTL additive effect					واریانس QTL V_{QTL}	نشانهگر مجاور Closest marker
			H ₁	H ₂	H ₃	H ₄	H ₅		
			a(s.e.)	a(s.e.)	a(s.e.)	a(s.e.)	a(s.e.)		
KR.1- 2	44	4.2‡	3.62(6.42)	11.07(6.89)	-	-	15.99(5.54)	3.7	GUJ0048
KR.3- 4	34	3.3*	-	-6.18(3.69)	2.44(2.96)	1.92(2.69)	5.27(2.89)	2.7	GUJ0048

جدول 4- نتایج معنی دار حاصل از برازش مدل دارای اثرات متقابل اثر افزایشی QTL با جنسیت.

Table 4- Summary of QTL results obtained from modeling QTL by sex interaction.

صفت Trait	موقعیت Position (cM)	F-value	اثر افزایشی QTL QTL additive effect		واریانس QTL V_{QTL}	نشانهگر مجاور Closest marker
			نر	ماده		
			Male	Female		
			a (s.e.)	a (s.e.)		
KR.4-5	91	5.0*	1.51(0.49)	0.40(0.53)	2.3	GUJ0013



شکل 2- موقعیت و پروفیل F مربوط به برازش مدل های مختلف شناسایی QTL روی کروموزوم شماره 1 با استفاده از تلاقی بین دو سویه بلدرچین ژاپنی.

Figure 2- Test statistic curves resulted from fitting QTL models on chromosomes 1 using an intercross between two Japanese quail strains.

- Abegaz S, Van Wyk JB, and Olivier JJ (2005). Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. *South African Journal of Animal Science* 35: 30-40.
- Arthur PF, Renand G, Krauss D, (2001). Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. *Livest. Production Science* 68: 131-139.
- Asadi Khoshoei E, Miraei Ashtiani SR, Torkamanzehi A, Rahimi SH, Vaez Torshizi R (1999). The evaluation of kleiber ratio as a selection criterion for ram selection in Lori-Bakhtiari sheep breed. *Iranian Journal of Agricultural Science* 30: 649-655 (In Farsi).
- Badnhorst MA (1990). The kleiber ratio as a possible selection for sire selection. *The Shepherd* 35: 18-19.
- Berg L, Scholtz MM, Erasmus GJ (1992). Identification and assessment of the best animals: The Kleiber Ratio as a selection criteria for beef cattle. *Proceedings of Australian Association of Animal Breeding and Genetics* 10: 338-340.
- Carlborg O, Kerje S, Schutz K, Jacobsson L, Jensen P, Andersson L (2003). A global search reveals epistatic interaction between QTL for early growth in the chicken. *Genome Research* 13, 413-421.
- Dickerson GE (1978). Animal size and efficiency: Basic concepts. *Animal Production* 27: 367-379.
- Esmailzadeh AK, Baghizadeh A, Ahmadizadeh M (2012). Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Animal Production Science* 52: 64-68.
- Greef TC, Bouwer L, Hofmeyr GT (1995). Biological efficiency of meat and wool production of seven sheep genotypes. *Animal Science* 61: 259-264.
- Jacobsson L, Park H, Wahlberg P, Fredriksson R, Perez-Enciso M, Siegel P, Andersson L (2005). Many QTLs with minor additive effects are associated with a large difference in growth between two selection lines in chickens. *Genetical Research* 86: 115-125.
- Kayang B, Inoue-Murayama M, Hoshi T, Matsuo K, Takahashi H, Minezawa M, Mizutani M, Ito S (2002). Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. *Genetics Selection Evolution* 34: 233-253.
- Kayang B, Vignal A, Inoue-Murayama M, Miwa M, Monvoisin J, Ito S, Minvielle F (2004). A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Animal Genetics* 35: 195-200.
- Kleiber M (1947). Body size and metabolic rate. *Physiological Reviews* 27: 511-541.
- Le Rouzic A, Alvarez-Castro JM, Carlborg O (2008). Dissection of the genetic architecture of body weight in chicken reveals the impact of epistasis on domestication traits. *Genetics* 179: 1591-1599.
- Matika O, van Wyk JB, Erasmus GJ, Baker RL (2003). Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livestock Production Science* 79: 17-28.
- Minvielle F, Kayang B, Inoue-Murayama M, Miwa M, Vignal A, Gourichon D, Neau A, Monvoisin J, Ito S (2005). Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics* 6: 87.
- Roux CZ, Scholtz MM (1984). Breeding goals for optimal total life cycle production system. *Proceeding of 2nd world congress on sheep and beef cattle breeding* 5: 444-493.

- Schoeman SJ (1995). The relevance of W0.75 as predictor of actual weaning efficiency in sheep. Proceedings of Australian Association of Animal Breeding and Genetics 11: 394-397.
- Schoeman SJ, Jordaan GF (1999). Multi-trait estimation of direct and maternal (co)variances for growth and efficiency traits in a multi-breed beef cattle herd. South African Journal of Animal Science 29: 124-136.
- Vatan Khah M, Moradi Shahrabak M, Nejati Javaremi A, Vaez Torshizi R, Miraie Ashtiani SR (2005). Evaluation of phenotypic and genotypic characteristics of growth traits in Lori-Bakhtiari sheep. Journal of Iranian Agricultural Science 36: 1455-1463 (In Farsi).

Mapping Quantitative Trait Loci underlying Kleiber ratio and identification of their mode of action in an F2 population of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*)

Sohrabi S.^{*1}, Esmailizaseh K.A.², Mohammadabadi M.R.², Moradian H.³

1 Ph.D. Student, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

2 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

3 MSc Student, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

Abstract

A three-generation resource population was developed by using two distinct Japanese quail strains, wild and white to map quantitative trait loci underlying Kleiber ratio, an indirect criterion of feed efficiency. Eight pairs of white (S) and wild (W) birds were crossed reciprocally and 34 F1 birds were produced. The F1 birds were intercrossed to generate 422 F2 offspring. All of the birds from three generations (472 birds) were genotyped for eight microsatellite markers on chromosome 1. Liveweight data from hatch to 5 weeks of age were collected on the F2 birds. QTL analysis was conducted applying the line-cross model and the least-squares interval mapping approach. The results indicated QTL affecting Kleiber ratio for 1 to 2, 3 to 4, 4 to 5 and hatch to 5 weeks of age on chromosome 1. The F2 phenotypic variance explained by the detected QTL effects ranged from 0.8 to 3.7 for different traits. Modeling both additive and dominance QTL effects revealed QTL with significant additive mode of action. However, there was no evidence for imprinting (parent-of-origin) effects.

Keywords: *F2 design, Japanese quail, microsatellite markers, Kleiber ratio, reciprocal cross.*

* Corresponding Author: Sohrabi S.

Tel: 09132402164

Email: saeedsohrabi@agr.uk.ac.ir

