

مکان‌یابی جایگاه‌های صفت کمی (QTL) موثر بر وزن بدن در بخشی از ژنوم گوسفند بلوچی

- داودعلی ساقی (نویسنده مسئول)
دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد،
علی اصغر اسلمی نژاد
- علی اصغر اسلمی نژاد
استادیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد،
مجتبی طهمورث پور
- مجتبی طهمورث پور
دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد،
محمد رضا نصیری
- محمد رضا نصیری
دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد،
غلامرضا داشاب
- غلامرضا داشاب
استادیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشگاه زابل،
تاریخ دریافت: اسفند ماه ۱۳۹۰ تاریخ پذیرش: فروردین ماه ۱۳۹۱
تلفن تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۵۵۴۴۱۴۷۹
Email: davoudali@yahoo.com

چکیده

به منظور شناسایی جایگاه ژنتیکی کنترل کننده صفات کمی وزن در سنین تولد، ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی گوسفند بلوچی از تعداد ۸ نشانگر ریزماهواره شامل BM۶۴۶۵، BMS۱۶۳۶، BM۴۱۲۹، BMS۲۳۲۱، BMS۲۵۷۲، BM۷۱۴۵، BMS۴۰۰۸، BM۸۲۴۶ وجود در کروموزوم یک گوسفند استفاده شد. جامعه مورد مطالعه شامل ۴۳۴ حیوان (نر و ماده) در قالب ۱۱ خانواده ناتنی با اندازه جمعیت ۲۹ تا ۵۴ بود. اطلاعات ژنوتیپی قوچها و نتاج حاصل موجود در هر خانواده به تفکیک برای تمام ریزماهواره‌ها تعیین گردید. به منظور تجزیه جایگاه‌های صفات کمی اثرات ثابت شامل سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر به عنوان اثرات ثابت و همچنین روز تولد به عنوان کواریانس در نظر گرفته شد. تجزیه و تحلیل QTL با روش مکان‌یابی فاصله‌ای و با نرم‌افزار QTL express مورد بررسی قرار گرفت. نتایج تجزیه و تحلیل وجود QTL‌های معنی‌داری برای صفات تولد، ۹ و ۱۲ ماهگی را نشان داد. برای وزن تولد QTL در بین نشانگرهای BMS۲۵۷۲ و BMS۲۳۲۱ در موقعیت ۱۷۱/۸ سانتی‌مورگانی کروموزوم یک مکان‌یابی شد (P < ۰/۰۵). همچنین QTL معنی‌داری برای وزن بدن در سنین ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب در موقعیت مکانی ۸۵/۸ و ۸۴/۸ سانتی‌مورگان بین نشانگرهای BMS۱۶۳۶ و BM۶۴۶۵ شناسایی شد. نسبت واریانس QTL به واریانس فنوتیپی در صفات وزن تولد، ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب ۰/۱۳، ۰/۱۲، ۰/۱۵ و ۰/۱۰ درصد بود. شاید بتوان از اطلاعات ارزشمند تحقیق حاضر در جهت طراحی برنامه‌های مناسب اصلاح نژادی در گوسفند بلوچی استفاده کرد.

کلمات کلیدی: جایگاه‌های صفت کمی (QTL)، وزن در سنین مختلف، گوسفند بلوچی

Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 95 pp: 49-57

Partial genome scan to map quantitative trait loci controlling body weight in baluchi sheep

By: Davoud Ali Saghi, PhD Student in Genetic and Animal Breeding, Ferdowsi University Mashhad, (Corresponding Author; Tel: +989155441479), Ali Asghar Aslaminejad, Assistant Professor of Ferdowsi University Mashhad, Tahmoorespour M. and Nasiri M. Associate Professors of Ferdowsi University, Mashhad, Dashab Gh, Assistant Professor of Zabol University.

The goal of This study was identification of QTL controlling body weight in different life stage of Baluchi sheep (Birth, 3, 6, 9, 12 months) using partial genome scan. For this purpose data was collected from 11 half sib families and 8 microsatellite (BM6465, BMS1636, BM4129, BMS2321, BMS2572, BM7145, BMS4008, BM8246) in ovine chromosome. The overall individuals were 434 animals which was grouped in 11 half sib families, The range of with progeny per family was 29-54. Initially respective rams and related offspring's were genotyped for informative microsatellite markers, and finally eight microsatellite markers were selected for subsequent QTL analysis. For statistical analysis, year, sex, type of birth, age of dam was assumed as fix effect and the day of birth or age at time of measurement was fitted as covariate for each trait in the model. QTL analyses were conducted using a univariate multi-marker for half sib families, for each trait by interval mapping approach using QTL express software. As conclusion three significant QTL was found for this breed. Genome wide permutation indicated significant QTL for birth weight between markers BMS2572 and BM2321 at 171.8 cM, ($P < 0.01$), and for 9 and 12 monthly weights at the 85.8 and 84.8 cM, respectively ($p < 0.05$) between the markers BMS1636 and BM6465. The proportions of phenotypic variance explained by QTL were 13, 9, 12.7, 15 and 10.5 percent for birth, 3, 6, 9 and 12 monthly weights respectively. As significant study result of study perhaps could be good indicator for designing proper breeding program in this breed.

Keywords: QTL, Body weight, Baluchi sheep

مقدمه

ژنی کنترل کننده صفت (QTL) را تایید می کند. همچنین روش های آماری مناسب و مؤثر مختلفی نیز مبتنی بر رگرسیون خطی برای تشخیص مکان های ژنی کنترل کننده صفات در جمعیت های ساده و پیچیده پیشنهاد شده است (Knoit و Haley، ۱۹۹۲؛ Knoit و همکاران، ۲۰۰۱). توانایی هر یک از روش های آماری برای شناسایی مکان ژنی کنترل کننده صفت (QTL) به میزان وراثت پذیری صفت و میزان اثر هر QTL بستگی دارد. با وجود این که تلاش های مختلفی در سطح دنیا برای شناسایی مکان های ژنی کنترل کننده صفات وزن صورت گرفته، اما در حال حاضر در زمینه شناسایی مکان های ژنی کنترل کننده صفات وزن در نژادهای بومی ایران اطلاعات محدودی در دست می باشد. تحقیق حاضر با هدف شناسایی جایگاه های ژنی کنترل کننده صفات وزن در گوسفند نژاد بلوچی بر روی بخش از کروموزوم ۱ با استفاده از نشانگرهای ریزماهورای انجام شد.

مواد و روش ها

مشخصات جمعیت مورد مطالعه

به طور کلی تعداد ۴۳۴ حیوان (نر و ماده) متعلق به نژاد گوسفند بلوچی در ایستگاه عباس آباد خراسان در قالب ۱۱ خانواده ناتنی مورد استفاده قرار گرفت. اندازه جمعیت به ازای هر خانواده ۲۹ تا ۵۴ حیوان و متوسط تعداد نتاج به ازای هر خانواده ۳۸ راس تعیین گردید. صفات

جمعیت گوسفند و بز ایران حدود ۴۵ میلیون راس شامل ۲۷ نژاد و سوبه های مختلف است (وطن خواه و همکاران، ۲۰۰۴)، که نژاد بلوچی حدود ۳۰ درصد جمعیت آن را تشکیل می دهد و گسترده گی وسیعی در مناطق مختلف ایران از جمله شرق، شمال شرق، مرکزی و جنوب شرق ایران دارد.

صفات رشد و وزن بدن از جمله اهداف اصلاح نژادی در گوسفندان بومی کشور محسوب می شود که خوشبختانه تحقیقات عمده ای در ارتباط با برآورد پارامترهای ژنتیکی و وراثت پذیری در این نژاد صورت پذیرفته است. در صورت توسعه روش های نوین انتخاب ژنتیکی بر مبنای تفاوت های افراد در سطح DNA اطلاعات حاصل موجب افزایش دقت برآورد ارزش ارثی دامها، کاهش فاصله نسلی و افزایش سرعت پیشرفت ژنتیکی در صفات اقتصادی می شود (Spelman و Bovenhuis، ۱۹۹۸؛ Dekkers و Hospital، ۲۰۰۲).

در حال حاضر نقشه های جامع نشانگرهای DNA در سطح کل نژاد در گونه ها مختلف حیوانی ترسیم گردند (Vaiman و همکاران، ۱۹۹۶؛ Schibler و همکاران، ۱۹۹۸؛ Maddox و همکاران، ۲۰۰۱) و این ابزار امکان استفاده از نقشه های ژنتیکی و تکنیک های ژنتیک مولکولی را فراهم می آورد. نشانگرهای ریزماهورای حاصل از نقشه های فوق برای بررسی الگوی توارث قطعات ژنومی متصل به آنها در جمعیت های حاوی اطلاعات شجره استفاده می شوند. ارتباط آلل های نشانگر با داده های فنوتیپی صفت مورد مطالعه وجود مکان های

کیت دیاتوم انجام گرفت (Boom و همکاران، ۱۹۹۰). درجه خلوص DNA استخراج شده با استفاده از ژل آگارز و دستگاه نانو دراپ اسپکتروفتومتر مدل ND-۲۰۰۰ ساخت آمریکا تعیین شد. واکنش تکثیر DNA در حجم ۲۵ میکرو لیتر با ۵۰ تا ۸۰ نانو گرم DNA انجام گرفت. ترکیب محلول واکنش تکثیر DNA شامل آنزیم Tag DNA پلی-مراز، Tris-HCL، KCL، dNTP، و MgCl₂ محصول شرکت IsoGene کشور روسیه بود.

برنامه مورد استفاده برای واکنش تکثیر DNA با استفاده از دستگاه Tpersonal ساخت کشور آلمان شامل دمای ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۱۰ دقیقه بود که موجب واسرشته شدن DNA می‌گردد و سایر سیکل‌های دمایی به ترتیب ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۶۲ تا ۴۸ درجه سانتی گراد به مدت ۵۵ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه بود که برای ۳۵ بار تکرار شدند. و نهایتاً در آخرین سیکل دمایی در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ دقیقه واکنش خاتمه یافت.

محصول واکنش تکثیر DNA بر روی ژل آکریل آمید ۸ درصد در تانک عمودی مدل Veu-۴۱-۷۷۰ ساخت شرکت پایا پژوهش با ولتاژ ۲۰۰ و شدت جریان ۱۰۰ میلی آمپر به مدت ۸ ساعت برده شد

فوتویی مورد بررسی در این مطالعه صفت وزن در سنین مختلف (تولد، ۳، ۶، ۹، ۱۲ ماهگی) بودند که در طی سال‌های ۱۳۸۷ و ۱۳۸۸ ثبت رکورد شده بودند.

تعیین ژنوتیپ نشانگرهای ریزماهوره

منطقه بین ۸۰ تا ۲۰۰ سانتی‌مورگانی کروموزوم یک گوسفند بر اساس مطالعات قبلی برای مکان‌یابی جایگاه ژنتیکی صفات وزن (Walling و همکاران، ۲۰۰۰) در گوسفند بلوچی تعیین گردید. تعداد ۸ نشانگر ریز ماهوره‌ای بر اساس میزان چندشکلی و اطلاعات ارائه شده در بانک اطلاعاتی آرک د ب^۲ برای این ناحیه از کروموزوم با متوسط فاصله ۲۰ سانتی‌مورگان انتخاب شد. آغازگرهای مرتبط با هر نشانگر جهت تکثیر نشانگرها ساخته گردید که خصوصیات پرایمرهای مورد استفاده در این تحقیق در جدول ۱ ارائه شده است.

به منظور مکان‌یابی جایگاه ژنتیکی صفات مورد مطالعه، در ابتدا تمام والد‌های پدری برای تمام نشانگرها تعیین ژنوتیپ شدند و در ادامه برای نشانگرهایی که والد مربوطه هتروزیگوت بود تمام نتایج آن والد نیز تعیین ژنوتیپ شدند.

استخراج DNA از والد پدر و نتایج هر خانواده با استفاده از

جدول ۱- جایگاه‌های ریز ماهوره‌ها و خصوصیات پرایمرهای تکثیر کننده در کروموزوم یک

دمای Annealing	محصول PCR	پرایمر ها (F:forward,R:revers)	موقعیت (cM)	نشانگرها
۶۲	۱۱۹-۱۳۳	F:TTTCCAAGGAGCAAGCATCT R:TTGCCAGGCTATAGAAGGACTT	۸۰/۸	BM۶۴۶۵
۶۲	۱۱۶-۱۲۶	F:CATTATTCCTGCTTTGGATG R:GTGTTGGAGTCTTCAGCAGG	۹۱/۹	BMS۱۶۳۶
۵۸	۷۲-۸۰	F:AACCTTTATTAGGGGAGTTCGG R:TAAGCTGTGGAGTGCAGCAA	۱۰۱/۹	BM۴۱۲۹
۴۹	۱۴۴-۱۷۶	F:TCACTTCACAAAATACACAATGC R:CCAACTCCATAATCACCACTT	۱۵۴/۱	BMS۲۳۲۱
۶۴/۵	۱۱۳-۱۲۹	F:ATGTTGCAGGCTTGTGGAG R:TCGACCCGACCGTAAAAG	۲۰۹/۴	BMS۲۵۷۲
۵۲	۱۱۵-۱۲۵	F:ATTATGTTCCAGATTCCATTCCA R:CAGCACTGTTTCATAAACTATGGG	۲۲۹	BM۷۱۴۵
۵۷	۱۵۹-۱۸۵	F:CGGCCCTAAGTGATATGTTGT R:AGGGAAAGACTGTTTGAAGG	۲۳۱/۱	BMS۴۰۰۸
۵۹/۵	۱۷۲-۱۹۰	F:AATGACAAATTGAGGGAGACG R:AGAGCCCAGTATCAATTCTCC	۲۳۶/۶	BM۸۲۴۶

۱- سانتی‌مورگان (F) - پیش رونده و (R) پس رونده

اطمینان ۹۵ درصد از بوتاسترپ (bootstrapping) با ۱۰۰۰۰ تکرار نمونه برداری استفاده شد (Visscher و همکاران، ۲۰۰۷؛ Doerge و Churchill، ۱۹۹۶). وراثت پذیری QTL بر اساس معادله ارائه شده توسط Knoth و همکاران (۱۹۹۶) محاسبه گردید.

$$RMSQ_{full}/RMSQ_{reduced} - 1) * 4$$

که در این معادله $RMSQ_{full}$ مقدار مجموع مربعات خطای مدل کامل و $RMSQ_{reduced}$ مجموع مربعات خطای مدل ناقص بودند.

نتایج و بحث

نتایج آنالیز واریانس اثر عوامل ثابت شامل گله (دو سطح)، سال (دو سال)، جنس (نر و ماده)، تیپ تولد (تک قلو و دوقلو) و سن مادر (۲، ۳، ۴ و ۵ سال) در جدول ۲ ارائه شده است. نتایج تجزیه و تحلیل واریانس نشان داد که گله، اثر معنی داری بر صفات وزن نداشته است. اثر عامل ثابت سال بجز وزن تولد در سایر موارد معنی دار بود ($P < 0.01$). جنس و نوع تولد بره ها از منابع مهم تغییرات بود که اثر معنی داری بر صفات مورد مطالعه داشتند ($P < 0.01$). سن مادر یکی دیگر از منابع مهم تغییرات وزن بره ها از تولد تا قبل از شیرگیری (۳ ماهگی) می باشد. بنابراین در مکان یابی جایگاه های ژنتیکی صفات وزن و پارامترهای ژنتیکی به منظور کاهش اثرات محیطی بر صفات مورد مطالعه بایستی از عوامل ثابت معنی دار (سال، جنس، نوع تولد و سن مادر) و همچنین روز تولد بره ها به عنوان متغیر همبسته در نظر گرفته شود.

نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل ژنوتیپ های به دست آمده از خانواده ها در جدول ۳ ارائه شده است. این نتایج نشان می دهد که به طور متوسط ۹۲ درصد نتایج هر خانواده برای تجزیه و تحلیل های مکان یابی مفید هستند. همچنین نتایج مربوط به درصد هتروزیگوتی نشانگرها و تعداد والدهای هتروزیگوت در هر نشانگر مورد استفاده این تحقیق در جدول ۴ آورده شده است. متوسط درصد هتروزیگوتی ۵۴ درصد که بیشترین میزان هتروزیگوتی در نشانگر BMS۴۰۰۸ با ۸۵ درصد و کمترین آن در نشانگر BMS۲۳۲۱ با ۳۴ درصد مشاهده شد. نتایج مکان یابی ژنتیکی صفات وزن مورد مطالعه حاصل از تجزیه و تحلیل بین خانواده ها در جدول ۵ ارائه شده است. در کروموزوم یک تعداد ۳ مکان ژنی کنترل کننده برای صفات وزن تولد، وزن ۹ ماهگی و یک سالگی تشخیص داده شد. جایگاه ژنتیکی صفت وزن تولد در موقعیت ۱۷۸/۸ سانتی مورگانی کروموزوم یک و در خانواده های ۲، ۳ و ۱۱ با میانگین قدر مطلق اثر جایگاه ژنتیکی ۱/۰۷۵ و ۱۳ درصد واریانس فنوتیپی شناسایی شد. جایگاه های ژنتیکی صفات وزن ۹ ماهگی و یک سالگی به ترتیب در موقعیت های ۸۵/۸ و ۸۴/۸ سانتی مورگان شناسایی شدند با توجه به نزدیکی جایگاه این دو صفت و بروز این جایگاه ژنتیکی در خانواده های یکسان به نظر می رسد که ژن های کنترل کننده این دو صفات یکسان باشند. تمام جایگاه های فوق بر اساس آستانه معنی داری نقطه ای^۳ و آزمایشی^۴ معنی دار بودند، که بر اساس آستانه معنی داری در سطح کروموزوم^۵ تمام مکان های ژنی تایید گردید. سطح احتمال معنی داری وجود جایگاه ژنتیکی با اضافه شدن سن حیوان افزایش می یابد. به طوریکه حداکثر سطح احتمال معنی داری در سن ۹ ماهگی با بیشترین میزان واریانس فنوتیپی مشاهده می شود.

و رنگ آمیزی نیترا نقره بر اساس روش Bassam و Gaetano (۱۹۹۳) انجام گردید، سپس ژل ها خشک شده و از آنها تصویر گرفته شد و تصاویر گرفته شده برای شناسایی تعداد باندها و اندازه باندها مورد استفاده قرار گرفت. از خط کش ژنتیکی ۲۰ نوکلئوتیدی برای اندازه گیری اندازه باندها استفاده گردید.

تجزیه آماری صفات وزن در گوسفند بلوچی

با استفاده از رویه آنالیز واریانس و روش حداقل مربعات خطای آزمایشی عوامل ثابت معنی دار بر صفات مورد مطالعه مشخص گردید (SAS Institute, version ۹.۲). اثرات ثابت موجود در معادله شامل گله (گله یک و گله دو) سال تولد (۱۳۸۷ و ۱۳۸۸)، جنس (نر و ماده)، نوع زایش (تک قلو و دو قلو) و سن مادر (۲، ۳، ۴، ۵) همچنین روز تولد به عنوان کواریت در نظر گرفته شد که مدل آماری مورد استفاده عبارت بود از

$$y_{ijklmn} = \mu + year_i + h_j + S_k + Bt_l + Dage_m + \beta(Bd_{ijklmn} - \bar{Bd}) + \varepsilon_{ijklmn}$$

در این معادله مقدار مشاهده شده برای هر یک از صفات، μ میانگین هر یک از صفات، $year_i$ اثر i امین سال تولد، h اثر h امین گله، S اثر k امین جنس بره، Bt اثر l امین نوع تولد بره، $Doge$ اثر m امین سن مادر بره، β ضریب تابعیت روز تولد، $B_{dijklmn}$ روز تولد هر حیوان، Bd میانگین روز تولد و ε اثر باقیمانده می باشند.

آنالیز رگرسیون خانواده های ناتنی

آنالیز مکان یابی ژنی صفات کمی با استفاده از رگرسیون چند گانه نشانگرها در فامیل های ناتنی پدری بر اساس مکان یابی فاصله ای برای نشانگرهای مجاور هم، بر مبنای روش ارائه شده توسط Knoth و همکاران (۱۹۹۶) انجام گرفت. برای این منظور از نرم افزار آن لاین GridQTL (Seaton) و همکاران، ۲۰۰۶)، استفاده شد. مدل مورد استفاده شامل اثرات ثابت جنس، نوع زایش، سن مادر و عامل کواریت سن بره در زمان وزن کشی بود. احتمال توارث آلل های پدری در فواصل ۱ سانتی مورگان برای هر کدام از نتایج درون خانواده محاسبه گردید. سپس از روی فراوانی آلل ها، فراوانی ژنوتیپ نشانگر هر فرد و والدش معین گردید و نهایتاً فنوتیپ هر کدام از صفات روی احتمال توارث در هر کدام از جایگاه ها در طول هر کروموزوم و در هر فامیل برگشت داده شد. برای محاسبه اثر هر کدام از آلل های مکان کنترل کننده صفت از آنالیز درون خانواده برای هر کدام از والدها استفاده شد. چون تمام والدهای پدری برای تمام جایگاه های کنترل کننده صفات کمی هتروزیگوت نیستند و ارتباط آلل های QTL با هاپلوتیپ پدری از یک والد پدری به والد دیگر تغییر خواهد کرد. این باعث می شود در هر مرحله برای هر کدام از رگرسیون ها یک نسبت F محاسبه شود که حاصل حداکثر درستنمایی مدلی با وجود اثرات QTL (مدل کامل شامل اثرات ثابت، عامل کواریت و مکان ژنتیکی صفات) بر روی مدل بدون وجود اثر QTL (مدل ناقص شامل اثرات ثابت و عامل کواریت) است.

بهترین نقطه برای وجود یک QTL، نقطه ای است که بالاترین ضریب F را داشته باشد. سطح آستانه معنی داری برای اثبات معنی داری QTL از تست تبدیلی permutation و برای محاسبه دامنه

تشکر و قدردانی

این تحقیق با پشتیبانی مالی دانشگاه فردوسی مشهد و مرکز تحقیقات جهاد کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی و همکاری معاونت بهبود تولیدات دامی جهاد کشاورزی خراسان رضوی انجام گردیده که از حمایت‌های مراکز مرتبط تقدیر و تشکر می‌شود.

پاورقی‌ها

- 1- Quantitative Trait Loci
- 2- <http://www.thearkdb.org/arkdb>
- 3- Single-Position Permutation
- 4- Experimental-Wide
- 5- Chromosome-Wide Permutation
- 6- Marker assisted selection

منابع مورد استفاده

- 1- Bassam B.J., and Gaetano-Anolles G., (1993) Silver Staining of DNA in polyacrylamide gels. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 42, 181-188.
- 2- Boom R., Sol C.J.A., Salimans M.M.M., Jansen C.L., Wertheim-Van Dillen P.M.E., and Noordaa J.V.D., (1990) Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *Journal of Clinical Microbiology*, 28(3), 495-503.
- 3- Doerge R.W., and Churchill G.A. (1996) Permutation test for multiple loci affecting a quantitative character. *Genetics* 142, 285-294.
- 4- de Koning D.J., Schulmant N.F., Elo K., Moisio S., Kinou R., Vilki J., and Maki-Tanila A. (2001) Mapping of multiple quantitative trait loci by simple regression in half-sib design. *J. Anim. Sci.*, 79, 616-622.
- 5- Dekkers J.C.M., and Hospital M. (2002) The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews Genetics*, 3(1): 22-32.
- 6- Esmailzadeh, K.A., (2010) A partial genome scan to identify quantitative trait loci affecting birth weight in Kermani sheep. *Small Rumin. Res.*, 94: 73-78.
- 7- Fogarty N. M. (1995) Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep; a review. *Animal Breed. Abstr.*, 63:101.
- 8- Haley C.S., and Knott S.A. (1992) A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity*, 69: 315-375.
- 9- Hatcher S., Atkins K.D., and Safari E. (2009) Phenotypic aspect of lamb survival in Australian Merino sheep. *J. Anim. Sci.*, 87: 2781-2790.
- 10- Kmiec, M., (1999) Transferrin polymorphism versus

موقعیت‌های شناسایی شده در این تحقیق با نتایج سایر محققین در وزنهای مشابه همخوانی دارد از جمله Walling و همکاران سال ۲۰۰۴ در گله‌های تجاری گوسفند سافولک و تکسل با استفاده از طرح خواهر و برادران ناتنی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۱۱، ۱۸ و ۲۰ را جهت شناسایی QTL صفات رشد و لاشه مورد بررسی قرار دادند و نتیجه گرفتند که بر روی کروموزوم ۱ گوسفند سافولک بین مارکرهای BM۸۲۴۶، MCM۱۳۰ در موقعیت ۲۲۷ سانتی‌مورگان QTL اثر معنی‌داری بر عمق ماهیچه دارد.

McRae و همکاران در سال ۲۰۰۵ مکان‌یابی ژن‌های صفات کمی وزن ۸ هفتگی و ۲۰ هفتگی را در گوسفند شاروله با استفاده از طرح خواهر برادران ناتنی در سطح گله‌های تجاری که دارای فایل شجره کامل بوده را بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ۱۸ و ۲۰ مورد بررسی قرار دادند و نشان دادند که کروموزوم ۱ دارای QTL برای هر دو وزن مورد مطالعه بود که محل QTL صفت وزن ۲۰ هفتگی بین دو مارکر MCM۵۸ در ۱۱۲/۹ سانتی‌مورگان و ILSTS۰۴ در ۱۷۵/۱ سانتی‌مورگان همچنین محل QTL وزن ۸ هفتگی در بین دو مارکر CSS۰۴ در ۱۹۹/۸ سانتی‌مورگان و BMS۴۰۰۰ در ۲۳۰ سانتی‌مورگان واقع شده است. همچنین اسماعیل‌زاده (۲۰۱۰) جهت مکان‌یابی ژنتیکی وزن تولد در گوسفند کرمانی فاصله بین ۲۰۳ تا ۳۰۵ سانتی‌مورگانی کروموزوم یک را مورد بررسی قرار داده و گزارش کرد که موقعیت QTL برای وزن تولد در ۲۰۳ سانتی‌مورگانی و در نزدیکی نشانگر BMS۲۵۷۲ قرار دارد. Fogarty، ۱۹۹۵؛ Sawalha و همکاران، ۲۰۰۷ و Hatcher و همکاران، ۲۰۰۹ ارتباط بین وزن تولد با زنده‌مانی و رشد تا شیرگیری و همچنین Yazdi و همکاران ۱۹۹۷ همبستگی ژنتیکی مستقیم بین وزن تولد و رشد قبل از شیرگیری را در گوسفند گزارش کرده‌اند. علاوه بر این وراثت‌پذیری‌های مستقیم و مادری برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفند بلوچی نشان می‌دهد که این صفات تحت تاثیر عوامل ژنتیکی مستقیم، مادری و محیط مادری قرار دارند. از طرفی مطالعات سایر محققین نشان می‌دهد که ژن ترانسفرین که بر رشد تاثیرگذار می‌باشد (Kmiec، ۱۹۹۹) و ژن POU1F1 که همبستگی چندشکلی آن با وزن تولد گزارش شده در کروموزوم یک و در ناحیه‌ای که برای این تحقیق انتخاب شده است واقع شده‌اند. بنابراین با توجه به همبستگی‌های ژنتیکی گزارش شده در مطالعات بین وزن‌ها در سنین مختلف و وجود ژن‌های مختلف موثر بر وزن در ژنوم موجب پیچیدگی‌هایی در تشخیص مکان ژن‌های صفات وزن می‌شود. در مطالعه اخیر ۳ مکان ژنی (QTL) برای صفات وزن بر روی کروموزوم ۱ گوسفند نژاد بلوچی شناسایی شد که می‌توان از آنها در روش انتخاب به کمک نشانگرها استفاده کرد که موجب افزایش دقت برآورد ارزش اصلاحی دام‌ها و کاهش فاصله نسلی و متعاقب آن افزایش نرخ رشد ژنتیکی می‌شود. البته باید توجه داشت که تعداد نتاج به ازای هر خانواده و تعداد نشانگرها در این تحقیق محدود بوده لذا احتمالاً توان آزمون این تحقیق نسبت به زمانی که از تعداد خانواده کمتر با نتاج و نشانگرهای بیشتری استفاده می‌شود کمتر خواهد بود لذا توصیه می‌شود برای تحقیقات آینده از خانواده‌های با نتاج بیشتر و نشانگرهای متراکمتر استفاده شود.

جدول ۲- میانگین حداقل مربعات و اثرات ثابت بر وزن سنین مختلف در گوسفند بلوچی

اثر	تعداد مشاهدات	تولد	۳ ماهگی	۶ ماهگی	۹ ماهگی	۱۲ ماهگی
گله	۱	۴/۰۴	۲۰/۷۴	۳۳/۱۷	۳۶/۱۲	۳۸/۹۰
	۲	۴/۱۷	۲۰/۵۴	۳۳/۵۵	۳۵/۹۷	۳۹/۶۷
معنی داری		ns	ns	ns	ns	ns
سال	۱۳۸۷	۴/۰۹	۲۱/۱۴	۳۴/۳۸	۳۶/۷۶	۴۰/۲۸
	۱۳۸۸	۴/۱۱	۲۰/۱۴	۳۲/۳۳	۳۵/۳۲	۳۸/۲۸
معنی داری		ns	**	**	**	**
جنس	نر	۴/۲۳	۲۱/۱۳	۳۴/۱۹	۳۷/۳۲	۴۱/۳۵
	ماده	۳/۹۷	۲۰/۱۵	۳۲/۵۳	۳۴/۷۶	۳۷/۲۲
معنی داری		**	*	**	**	**
نوع تولد	تک قلو	۴/۵۴	۲۳/۲۹	۳۵/۰۹	۳۷/۱۵	۴۰/۶۷
	دوقلو	۳/۶۷	۱۸/۰۰	۳۱/۶۲	۳۴/۹۳	۳۷/۸۸
		**	**	**	**	**
	۲	۳/۷۶	۱۸/۷۷	۳۲/۲۹	۳۵/۳۴	۳۸/۳۹
سن مادر	۳	۴/۱۳	۲۱/۳۷	۳۳/۳۷	۳۵/۹۸	۴۰/۰۱
	۴	۴/۲۲	۲۰/۸۱	۳۳/۸۶	۳۶/۲۶	۳۹/۰۶
	۵	۴/۳۳	۲۱/۶۲	۳۳/۹۰	۳۶/۵۹	۳۹/۶۸
معنی داری		**	**	ns	ns	ns
میانگین		۴/۱۰	۲۰/۵۲	۳۳/۱۷	۳۵/۹۳	۳۹/۱۹

* و ** معنی داری در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ ns عدم معنی داری

جدول ۳- درصد نتاج مفید و غیر مفید درون خانواده های ناتنی

خانواده (شماره قوچ)	تعداد نتاج	تعداد نتاج غیر مفید	تعداد نتاج مفید	درصد نتاج مفید
۱ (۱۰۰۱)	۵۸	۲	۵۶	۹۶/۵۵
۲ (۱۰۶۲)	۵۱	۱	۵۰	۹۸/۰۴
۳ (۱۳۱۴)	۴۳	۱	۴۱	۹۷/۶۲
۴ (۱۴۱۴)	۳۶	۱	۳۵	۹۷/۲۲
۵ (۱۴۳۳)	۴۵	۱	۴۴	۹۷/۷۸
۶ (۲۳۱۰)	۳۴	۱	۳۳	۹۷/۰۶
۷ (۲۳۳۸)	۲۹	۷	۲۲	۷۵/۸۶
۸ (۲۳۴۸)	۳۰	۵	۲۵	۸۳/۳۳
۹ (۲۳۶۵)	۳۴	۱	۳۳	۹۷/۰۶
۱۰ (۲۳۸۲)	۳۶	۲	۳۴	۹۴/۴۴
۱۱ (۲۴۱۳)	۳۸	۵	۳۳	۸۶/۸۴
میانگین	۳۹	۲/۵	۳۶/۵	۹۲/۸۹

جدول ۴- درصد هتروزایگوتی نشانگرهای مورد استفاده در گوسفند بلوچی

نشانگر	موقعیت در کروموزوم (سانتی مورگان)	تعداد والد پدری هتروزایگوت	درصد هتروزایگوتی	تعداد آلل
BM۶۴۶۵	۸۰/۸	۷	۶۰	۸
BMS۱۶۳۶	۹۱/۹	۶	۴۹	۶
BM۴۱۲۹	۱۰۱/۹	۶	۴۷	۵
BMS۲۳۲۱	۱۵۴/۱	۴	۳۴	۷
BMS۲۵۷۲	۲۰۹/۴	۸	۴۳	۷
BM۷۱۴۵	۲۲۹	۸	۶۹	۴
BMS۴۰۰۸	۲۳۱/۱	۱۰	۸۵	۷
BM۸۲۴۶	۲۳۶/۶	۵	۴۴	۵
میانگین	۱۹/۲	۶/۷۵	۵۳/۸۷	۶/۱۲

جدول ۵- تایید تفرق جایگاه‌های زنی کنترل کننده صفات وزن در گوسفند بلوچی

واریانس QTL	احتمال معنی داری ^۲	اثر QTL	خانواده ها	موقعیت ^۱	صفت
۱۳	۱/۸۵ * (۱/۸۴ - ۲/۳۱)	۱/۰۷۵	۱۱، ۳، ۲	۱۷۱/۸	وزن تولد
۹	۱/۷۵ ns (۱/۸۳ - ۲/۴۲)	۴/۳۹	۴، ۳	۸۹/۸	۳ ماهگی
۱۲/۷	۲/۱۲ ns (۱/۸ - ۲/۲۶)	۴/۷۳	۵	۲۲۷/۸	۶ ماهگی
۱۵	۲/۴۸ ** (۱/۸۶ - ۲/۳۸)	۵/۳۶	۱۰، ۵، ۴، ۲	۸۵/۸	۹ ماهگی
۱۰/۵	۲/۰۳ * (۱/۸۶ - ۲/۴۲)	۶/۱۷	۱۰، ۴، ۲	۸۴/۸	۱۲ ماهگی

۱ - موقعیت جایگاه زنی بر حسب سانتی مورگان از ابتدای کروموزوم یک

۲ - اعداد داخل پرانتز دامنه احتمال معنی داری از ۰/۰۵ تا ۰/۰۱

* معنی داری در سطح احتمال ۰/۰۵

** معنی داری در سطح احتمال ۰/۰۱

Archive of SID