

## بر آورد وراثت پذیری ژنومی صفات رشد در نسل F2 حاصل از تلاقی لاین آرین و مرغ بومی آذربایجان به کمک تراشه 60K

- حسین عمرانی  
دانش آموخته دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.
- رسول واعظ ترشیزی (نویسنده مسئول)  
دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.
- علی اکبر مسعودی  
استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
- علیرضا احسانی  
استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

تاریخ دریافت: فروردین ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: اردیبهشت ۱۳۹۶

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۲۳۲۱۱۶۵۳

Email: rasoult@modares.ac.ir

### چکیده

درک کنترل ژنتیکی صفات رشد یکی از مهم ترین اهداف اصلاح نژادی در پرورش طیور است. به منظور یافتن وراثت پذیری ژنومی صفات رشد، از تراشه تجاری SNP ژنوم مرغ در جمعیت F2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی آذربایجان و لاین B سوبه گوشتی آرین استفاده گردید. وراثت پذیری ژنومی با استفاده از روش آماری، بهترین پیش بینی ناریب خطی ژنومی (GBLUP) برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک برآورد گردید. به منظور بررسی ارتباط بین حداقل فراوانی آللی SNP ها (MAF) و میزان وراثت پذیری برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی، SNP ها به پنج گروه MAF تقسیم گردیدند (۰-۰/۱، ۰/۱-۰/۲، ۰/۲-۰/۳، ۰/۳-۰/۴، ۰/۴-۰/۵، ۰/۵-۰/۶). همچنین برای برآورد وراثت پذیری ژنومی در هر گروه، پنج مدل مطابق با ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی داخل هر گروه استفاده گردید. وراثت پذیری ژنومی برآورد شده برای وزن های هفتگی از ۰/۴۳ در هفته اول تا ۰/۲۷ در هفته نهم و برای صفات هفتگی شانک از ۰/۴۶ در هفته اول تا ۰/۱۲ در هفته نهم برآورد گردید. مقدار همبستگی ژنومی به دست آمده برای دو صفت در طی این هفته ها نشان دهنده همبستگی ژنومی بالا برای این دو صفت است. مقدار وراثت پذیری برای پنج گروه MAF به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۳۰، ۰/۱۷، ۰/۲۶ و ۰/۲۷ به دست آمد. در این تحقیق، بیشترین مقدار وراثت پذیری برآورد شده مربوط به گروه فراوانی ۰/۱-۰/۲ است. وراثت پذیری ژنومی یافت شده در این تحقیق درک بهتری از کنترل ژنتیکی صفات رشد را نشان می دهد. استفاده از این یافته ها می تواند باعث تسریع در پیشرفت ژنتیکی برنامه های اصلاح نژادی شود.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 114 pp: 273-284

### Estimation of genomic heritability for growth traits in an F2 crosses of Arian broiler line and Azerbaijan indigenous chicken using 60K SNP Beadchip

By: Hossein Emrani<sup>1</sup>, Rasoul Vaez Torshizi<sup>2\*</sup>, Aliakbar Masoudi<sup>3</sup>, Alireza Ehsani<sup>3</sup>

1: Ph.D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran

2: Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran

3: Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran

Received: April 2017

Accepted: May 2017

Understanding the genetic control of growth traits is one of the most important breeding goals in poultry breeding. In order to estimate the genomic heritability of growth traits, we used Illumina 60K chicken SNP Beadchip in a chicken F2 resource population derived from the reciprocal cross between Arian line and Azerbaijan indigenous chicken. The genomic heritability was estimated through genomic relationship matrix for body weights and Shank lengths at different ages 1,3,5,7 and 9 weeks. To investigate the relationship between allele frequency and genomic heritability estimated for BW7 explained by markers, SNPs were classified into five groups of MAF (0 – 0.1, 0.1 – 0.2, 0.2 – 0.3, 0.3–0.4 and 0.4–0.5). To estimate the genomic heritability, five models were fitted accounting for the similarity relationship matrix within each of the five MAF groups, respectively. The genomic heritability estimations ranged from 0.43 to 0.27 for bw1 and bw9, and from 0.46 to 0.12 for Sh11 and Sh19, respectively. The estimated genomic correlations between BW and ShL at different ages were moderately high. Estimated heritabilities were 0.15, 0.3, 0.17, 0.26 and 0.27 for each of the five MAF groups, respectively. Interestingly, heritability estimates revealed highest value for MAF group (0.1 to 0.2). Genomic heritability estimated here can contribute to a better understanding of the genetic control of growth traits in broiler chickens. In addition, using these findings can accelerate the genetic progress in the breeding programs.

**Key words:** chicken, F2 population, genomic heritability, body weight, shank length

#### مقدمه

جوجه‌های گوشتی است که باعث کوتاه‌تر شدن دوره پرورش شده است. این پیشرفت ژنتیکی با توجه به وراثت‌پذیری متوسط وزن بدن (۰/۳۵) و هزینه‌بر بودن ثبت شجره و رکوردگیری این صفات، در جمعیت‌های بزرگ صورت گرفته است. برآورد وراثت‌پذیری صفات به منظور طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی و پیشرفت ژنتیکی سریع‌تر ضروری است. امروزه نشان داده شده است که استفاده از تراشه‌های ژنومی جهت برآورد وراثت‌پذیری ژنومی و انتخاب بر اساس ژنوم می‌تواند باعث افزایش پیشرفت

در حال حاضر پیشرفت‌های ژنتیکی و بهبود مدیریت تغذیه‌ای باعث افزایش سرعت رشد و بازدهی خوراک در جوجه‌های گوشتی شده است. جوجه‌های گوشتی در سال ۱۹۵۰ در مدت ۱۴ هفته به وزن ارائه به بازار می‌رسیدند (Havenstein و همکاران، ۱۹۹۴) اما امروز زمان موردنیاز برای رسیدن به وزن زنده دو کیلوگرم در جوجه‌های گوشتی به ۳۷ روز کاهش پیدا کرده است (Shariatmadari, 2012). برنامه‌های اصلاحی تجاری برای افزایش سرعت رشد به طور مداوم در حال انتخاب بر روی

اصلاح نژاد مرغ لاین آراین واقع در بابل کنار، با سن مشابه (تقریباً ۱۳ هفته)، در اسفند ۱۳۹۰ به مرغداری دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس انتقال داده شدند. هویت این پرندگان با شماره بال مشخص و با شرایط یکسان در قفسه‌های انفرادی مجهز به آب‌خوری نیپل و دان‌خوری انفرادی در یک سالن نگهداری شدند. به دلیل سنگینی خروس آراین، از تلقیح مصنوعی برای تولید تخم‌های نطفه‌دار استفاده شد. در این پژوهش، از آمیزش ۲ خروس با ۸ مرغ به صورت دوطرفه (یک خروس به ازای ۴ مرغ) برای تولید نسل F1 استفاده گردید. در مجموع تعداد ۹۵ جوجه آمیخته آراین × بومی (پدر آراین و مادر بومی) و ۳۵ جوجه آمیخته بومی × آراین (پدر بومی و مادر آراین) تولید شدند. تمامی جوجه‌ها با استفاده از شماره پلاک زیر بال شماره گذاری شدند و پس از ثبت رکورد به سالن پرورش منتقل و تا پایان دوره در گروه‌هایی ۲۰ تایی در آشیانه‌هایی با دان‌خوری ناودانی و آب‌خوری سیفونی، روی بستر پرورش داده شدند. به منظور تغذیه جوجه‌های این نسل از جیره‌های آغازین، رشد، پیش تولید و جیره تخم‌گذاری استفاده گردید.

با مشاهده اولین تخم‌گذاری در هفته ۲۰، تعداد ۳۲ مرغ و ۸ خروس انتخاب و به سالن دیگری منتقل شدند. در این سالن ۸ خانواده بر روی بستر در ۸ آشیانه جداگانه مجهز به تله تخم‌گذاری پرورش داده شدند. آمیزش‌ها در این نسل به صورت جفت‌گیری طبیعی انجام گرفت. برای ایجاد نسل F2 از شش هیچ در مجموع حدود ۳۱۲ پرنده به دست آمد. جوجه‌های هیچ شده به سالن دیگری که مجهز به قفس‌های انفرادی مجهز به آب‌خوری نیپل و دان‌خوری انفرادی بود، منتقل گردید. در طول این مدت پرندگان هیچ‌گونه واکنشی دریافت نمودند و در جیره آن‌ها نیز آنتی‌بیوتیک استفاده نشد. این پرنده‌ها با استفاده از سه جیره غذایی پلت شده شامل: آغازین، رشد و پایانی پرورش داده شدند. وزن و طول شانک هفتگی نیز رکوردبرداری شد. نمونه‌های خون از افراد نسل F2 تهیه و استخراج DNA ژنومی از نمونه‌های خون کامل به روش بهینه شده و تغییر یافته نمکی انجام گردید (Javanrouh و همکاران، 2006).

ژنتیکی گردد. مطالعات نشان داده‌اند که صحت پیش‌بینی‌های ژنومی در صفات کمی براساس تراشه‌های SNP، به مقدار واریانس ژنتیکی تبیین شده به وسیله SNP‌ها بستگی دارد که این به خودی خود تابعی از عدم تعادل پیوستگی (LD) بین SNP‌ها و جهش‌های علی‌تاثیرگذار بر صفت می‌باشد (Abdollahi - Arpanahi و همکاران، 2014). مطالعات پویش ژنومی انجام‌شده در انسان نشان داده‌اند که SNP‌های شناسایی‌شده از این طریق تنها بخش کوچکی از وراثت‌پذیری صفات کمی را بیان می‌کنند.

Yange و همکاران (2011) دریافتند که بخش قابل‌توجهی از واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت‌پذیری به وسیله تعداد زیادی SNP علی و مدل آماری مناسب قابل تبیین است. روش آماری بهترین پیش‌بینی ناریب خطی ژنومی (GBLUP) از ماتریس خویشاوندی ژنومی به جای ماتریس خویشاوندی شجره‌ای استفاده می‌کند و فرض بر این است که تغییرات صفت، تابع مدل ژنتیکی نامحدود است و کلیه چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی بر روی صفت موثرند. این روش ساده، سریع و قابل فهم است و به عنوان روشی کارا در مطالعات ژنومی استفاده می‌گردد (VanRaden, 2008).

هدف تحقیق حاضر، برآورد وراثت‌پذیری ژنومی با استفاده از این روش برای صفات وزن بدن و طول شانک در ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹ هفتگی در نسل F2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی آذربایجان غربی با سرعت رشد پایین و لاین B سویه گوشتی آراین با سرعت رشد بالا بود. سپس در فاز بعدی، اثر فراوانی آللی نادر در پنج گروه MAF (۰/۱-، ۰/۲-۰/۱، ۰/۳-۰/۲، ۰/۴-۰/۳، ۰/۵-۰/۴) بر روی وراثت‌پذیری وزن هفته هفتم برآورد گردید.

### مواد و روش‌ها

برای اجرای این پروژه، تعداد ۷۹ پرنده بومی (۴۰ مرغ و ۳۹ خروس) از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان آذربایجان غربی واقع در شهرستان ارومیه و تعداد ۴۹ پرنده خط B لاین گوشتی آراین (۲۶ مرغ و ۲۳ خروس) از ایستگاه پرورش و

## مرحله کنترل کیفیت و فیلتراسیون داده‌های ژنوتایپینگ

برای ۳۱۲ قطعه

به منظور پویش ژنومی، نمونه‌های DNA با غلظت ۳۰۰ نانوگرم رقیق سازی و سپس لیوفیلیزه گردیدند و جهت تعیین ژنوتیپ با یک تراشه SNP 60K تجاری ژنوم مرغ، به دانشگاه Aarhus دانمارک ارسال گردیدند. این آرایه، امکان تعیین ژنوتیپ هم-زمان حدود ۵۴۳۴۰ جایگاه تک نوکلئوتیدی را فراهم نمود. برای اطمینان از کیفیت داده‌های حاصل از ژنوتیپ در تجزیه و تحلیل نهائی، مراحل مختلف کنترل کیفیت بر روی داده‌های اولیه اعمال گردید. این مراحل به کمک نرم‌افزار Purcell (PLINK 1.07) و همکاران، (2007) انجام شد. برای صفات رشد و طول و قطر شانک تعداد چهار پرنده به دلیل این که بیش از ۱۰ درصد ژنوتیپ از دست رفته داشتند، حذف شدند (Sample call rate < 90%). در مرحله بعد تعداد ۵۹۵۳ نشانگر SNP به دلیل اعمال شرایط زیر حذف و ۴۸۴۳۹ نشانگر باقی ماند.

برخی از نشانگرها به دلیل انحراف از تعادل هاردی واینبرگ با P-value کمتر از  $10^{-6}$ ، فراوانی آلی نادر (MAF) کمتر از ۰/۰۱ و ژنوتیپ از دست‌رفته بیشتر از ۰/۰۵، از داده‌ها خارج شدند. به دلیل عدم استفاده از SNP‌های کروموزوم‌های ۳۱ تا ۳۸ در طراحی ریزآرایه مورد استفاده، تنها از SNP‌های که بر روی اتوزوم‌های ۱ تا ۲۸، دو گروه لینکاژی (LGE22 و LGE64) قرار داشتند، استفاده گردید. پس از مراحل کنترل کیفیت ژنوتیپ‌ها، ایمپوتیشن<sup>۱</sup> ژنوتیپ‌های از دست‌رفته به کمک نرم‌افزار Linkim 0.1 و برنامه R3.2.2 انجام گردید (Xu و همکاران، 2014). توزیع نشانگرهای SNP بر روی کروموزوم‌ها بعد و قبل از کنترل کیفیت برای صفات به کمک نرم‌افزار synbreed و برنامه R3.2.2 انجام گردید (Wimmer و همکاران، 2016).

به‌منظور مدنظر قرار دادن لایه‌بندی جمعیت<sup>۲</sup>، آزمون سنجش چندبعدی<sup>۳</sup> (MDS) بر اساس ماتریس همبستگی IBS در نسل F2 به کمک نرم‌افزار PLINK و R انجام گردید. ابتدا تعداد

SNP‌های مستقل محاسبه گردید. بدین منظور، پالایش SNP‌های مستقل در کروموزوم‌های اتوزومی با اندازه پنجره ۲۵ SNP، گام‌های ۵ SNP و  $r^2$  با سطح آستانه ۰/۲ انجام گردید و ماتریس IBS بر اساس این تعداد SNP مستقل به دست آمد. در نهایت آزمون سنجش چندبعدی (MDS) بر اساس ماتریس<sup>۴</sup> IBS محاسبه گردید (Sun و همکاران، 2013؛ Gu و همکاران، 2011) و به عنوان کوریت وارد مدل گردید. همچنین ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی<sup>۵</sup> با استفاده از نشانگرهای SNP مستقل تشکیل شد.

به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری ژنومی برای صفات وزن بدن و طول شانک در هفته‌های یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی، از روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده به‌وسیله نرم‌افزار آنالیز پویش ژنومی صفات پیچیده (GCTA) و مدل GBLUP زیر استفاده گردید (Yang و همکاران، 2011).

مدل  $y = Xb + Zu + e$

در این مدل  $y$  مربوط به بردار فنوتیپ‌ها،  $b$  بردار اثرات ثابت جنس و هج،  $u$  مربوط به اثرات ژنتیکی افزایشی افراد ژنوتیپ شده است.  $X$  و  $Z$  مربوط به ماتریس اثرات  $u$  و  $b$  می‌باشند. در این مدل ساختار واریانس کوواریانس اثرات پلی ژنیک به‌صورت  $U_n \sim N(0, G\sigma_u^2)$  و ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی و  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی است.

## اثر فراوانی آلی بر روی وراثت‌پذیری

به منظور بررسی ارتباط بین فراوانی آلی نادر SNP‌ها (MAF) و میزان وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی، SNP‌ها به پنج گروه MAF (۰/۱-۰/۲، ۰/۲-۰/۳، ۰/۳-۰/۴، ۰/۴-۰/۵، ۰/۴-۰/۵) تقسیم گردیدند. تعداد SNP‌های هر گروه مشخص و ماتریس ژنومی روابط خویشاوندی برای هر گروه برآورد و سپس اندازه وراثت‌پذیری برای هر گروه محاسبه شد

<sup>3</sup> - Multidimensional scaling

<sup>4</sup> - identity-by-state matrix

<sup>5</sup> - Genomic relative kinship matrix

<sup>1</sup> - Imputation

<sup>2</sup> - Population Stratification

## نتایج

درصد ژنوتیپ از دست‌رفته داشتند، حذف شدند. در مرحله بعد، تعداد ۵۹۵۳ نشانگر SNP به دلیل اعمال شرایط زیر حذف شدند (جداول ۱ و ۲).

از مجموع ۵۴۳۴۰ SNP به کار رفته در این تحقیق، تعداد ۴۸۴۳۹ مورد توانستند مراحل مختلف کنترل کیفیت را برای صفات رشد بگذرانند. تعداد چهار پرنده به دلیل این که بیش از ۱۰

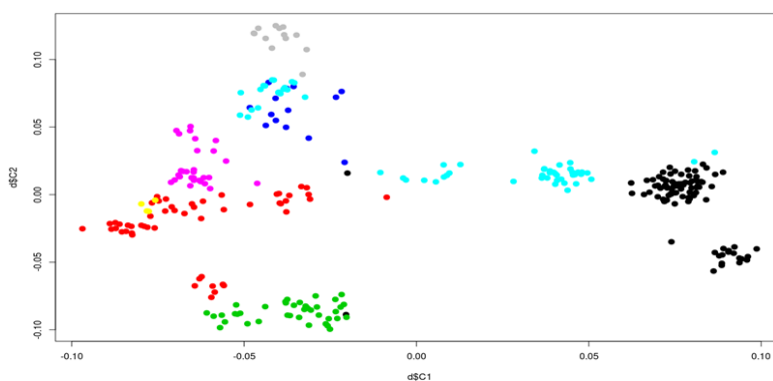
### جدول ۱- تعداد نشانگرهای SNP قبل و بعد از کنترل کیفی برای صفات رشد و شانک در ۳۱۲ قطعه جوجه نسل F2

۵۴۳۴۰	تعداد کل نشانگر SNP قبل از کنترل کیفی
۵۶۶۳	تعداد SNP با فراوانی آلی کمتر از ۳ درصد (MAF < 0.03)
۲۷۳	تعداد SNP با میزان ژنوتیپ از دست‌رفته بیش از ۵ درصد
۱۷	تعداد SNP خارج از تعادل هاردی-واینبرگ
۴	تعداد افراد با ژنوتیپ از دست‌رفته بیشتر از ۱۰ درصد
۴۸۴۳۹	تعداد نشانگرهای SNP بعد از کنترل کیفی

### ساختار جمعیت نسل F2 مورد مطالعه

تحقیقات متعددی نشان داده‌اند که با انجام آزمون سنجش چندبعدی، افراد یک خانواده تقریباً با هم در یک کلاستر قرار می‌گیرند (Sun و همکاران، 2013; Gu و همکاران، 2011). در این تحقیق نیز دو سطح اول آزمون سنجش چندبعدی نشان داد که افراد یک خانواده ناتنی در داخل یک کلاستر قرار گرفته‌اند.

آنالیز سنجش چندبعدی (MDS) با ۷۱۹۷ نشانگر SNP مستقل از ۲۸ کروموزوم اتوزومی و دو گروه لینکاژی با  $r^2=0/2$  برای ۳۱۲ فرد نسل F2 انجام گردید. دو سطح اول آزمون MDS نشان‌دهنده وجود هشت زیر جمعیت در نسل F2 است (شکل ۱).



شکل ۱- تعیین ساختار جمعیت با آزمون سنجش چند بعدی (MDS) برای ۳۱۲ پرنده نسل F2. خانواده‌های ناتنی با رنگ‌های مشابه نشان داده شده‌اند.

جدول ۲- توزیع نشانگرهای SNP بر روی کروموزوم‌ها بعد از کنترل کیفیت برای صفات رشد و شانک

کروموزوم	تعداد SNP ها در تراشه ژنومی	نقشه فیزیکی (Mb)	تعداد SNP ها بعد از کنترل کیفیت	میانگین فاصله (kb)	حداکثر فاصله (kb)	حداقل فاصله (kb)
۱	۸۳۰۳	۲۰۰/۹	۷۵۴۶	۲۶/۶	۱۵۲۶/۷۹۰	۰/۰۱۸
۲	۶۳۵۵	۱۵۴/۷	۵۷۶۲	۲۶/۸	۱۵۱۶/۶۴۱	۰/۰۰۱
۳	۴۷۳۹	۱۱۳/۶	۴۳۴۰	۲۶/۱	۱۵۲۹/۵۴۷	۰/۰۰۲
۴	۳۸۷۲	۹۴/۱	۳۵۵۳	۲۶/۵	۱۵۳۸/۵۲۵	۰/۰۰۵
۵	۲۵۴۲	۶۲/۲	۲۳۰۳	۲۷	۱۵۵۶/۸۱۱	۰/۰۴۶
۶	۱۹۹۵	۳۵/۸	۱۸۱۵	۱۹/۷	۱۰۶/۲۰۶	۰/۰۱۴
۷	۲۰۸۹	۳۸/۱	۱۹۰۷	۲۰	۱۵۵۷/۲	۰/۱۴۵
۸	۱۶۳۶	۳۰/۶	۱۵۰۲	۲۰/۴	۱۵۱۷/۶۸۱	۰/۰۵۴
۹	۱۳۶۶	۲۴	۱۲۶۹	۱۸/۹	۹۲/۰۹۱	۰/۰۰۳
۱۰	۱۵۵۳	۲۲/۴	۱۳۷۸	۱۶/۲	۱۵۰۳/۹۹۰	۰/۰۰۱
۱۱	۱۵۳۱	۲۱/۸	۱۳۲۹	۱۶/۴	۵۲۲/۹۴۳	۰/۰۰۱
۱۲	۱۵۵۹	۲۰/۴	۱۳۵۶	۱۴/۴	۵۱۷/۵۸۰	۰/۰۰۳
۱۳	۱۳۷۱	۱۸/۳	۱۲۵۱	۱۴/۶	۶۴۶/۹۱	۰/۰۱۱
۱۴	۱۱۷۹	۱۵/۷	۱۰۸۱	۱۴/۵	۶۷۵/۵۰	۰/۰۰۳
۱۵	۱۲۲۲	۱۲/۹	۱۰۹۴	۱۱/۸	۷۵۸/۸۲	۰/۰۷۹
۱۶	۲۴	۰/۴	۲۰	۲۱/۹	۱۷۰/۹۳۵	۱/۰۱۲
۱۷	۹۹۴	۱۰/۶	۸۹۸	۱۱/۸	۵۳۸/۹۷	۰/۰۰۱
۱۸	۱۰۴۸	۱۰/۸	۹۳۰	۱۱/۷	۱۱۰/۰۱۶	۰/۰۵۱
۱۹	۹۷۳	۹/۷	۸۷۸	۱۱/۱	۶۳۳/۲۴	۰/۰۹۰
۲۰	۱۸۱۵	۱۳/۹	۱۵۸۷	۸/۷	۶۱۶/۳۸	۰/۰۰۶
۲۱	۹۰۱	۶/۹	۸۰۵	۸/۶	۷۶۳/۰۷	۰/۰۰۱
۲۲	۴۳۲	۳/۸	۳۱۳	۱۲/۴	۱۲۳/۰۰۳	۰/۰۶۸
۲۳	۷۲۴	۶	۶۳۱	۹/۵	۵۱۴/۹۹۳	۰/۰۰۱
۲۴	۸۵۳	۶/۳	۷۶۳	۸/۳	۴۳۲/۲۸	۰/۰۱۳
۲۵	۲۱۱	۲	۱۷۷	۱۱/۴	۵۴۵/۷۲۵	۰/۱۲۲
۲۶	۷۷۶	۵	۶۸۵	۷/۳	۵۱/۶۳۵	۰/۰۰۷
۲۷	۵۷۶	۴/۸	۵۱۸	۹/۳	۳۶۵/۷۲۶	۰/۱۰۶
۲۸	۷۰۸	۴/۴	۵۸۲	۷/۷	۵۱۴/۵۴۹	۰/۰۱۲
۲۹ (LGE22)	۱۴۲	۰/۸	۱۱۸	۷/۵	۲۶/۲۵۳	۰/۰۴۲
۳۰ (LGE64)	۷	۰/۰۲	۴	۶/۸	۱۵/۶۸۰	۲/۲۸۹
Z	۲۸۴۲	۷۴/۵	۱۹۸۴	۳۷/۶	۱۵۳۵/۸۳۸	۰/۰۱۶
W	۱	۰	۰			
کل	۵۴۳۴۰	۱۰۲۷	۴۸۴۳۹	۲۱/۲	۱۵۳۸/۵۲۵	۰/۰۰۱

### وراثت‌پذیری ژنومی صفات وزن و طول هفتگی شانک

کاهش‌ی را نشان می‌دهد. مقدار همبستگی ژنومی به‌دست آمده برای دو صفت وزن بدن و طول شانک در هفته‌های مورد مطالعه نشان دهنده همبستگی ژنومی بالا برای این دو صفت می‌باشد. در این تحقیق مقدار وراثت‌پذیری ژنومی در هفته اول بیشتر از بقیه هفته‌ها برآورد گردید که علت آن می‌تواند مربوط به وراثت‌پذیری مادری باشد.

مقدار وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از ماتریس خویشاوندی ژنومی برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک در جدول ۳ آورده شده است. وراثت‌پذیری برآورد شده برای وزن‌های هفتگی از ۰/۴۳ در هفته اول تا ۰/۲۷ در هفته نهم و برای صفات هفتگی شانک از ۰/۴۶ در هفته اول تا ۰/۱۲ در هفته نهم برآورد گردید که یک روند

**جدول ۳ - وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از ماتریس خویشاوندی ژنومی برای صفات یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی وزن بدن و طول شانک**

$r_G$	SHL			BW			صفت
	$h^2$	V(P)	V(G)	$h^2$	V(P)	V(G)	
۰/۹۶	۰/۴۶(۰/۱)	۲۷/۷۸	۱۲/۹۵	۰/۴۳(۰/۱۱)	۳۹۳۳/۵۹	۱۶۹۵/۴۵	هفته اول
۰/۷۳	۰/۳۳(۰/۰۹)	۱۲/۸۵	۴/۳۵	۰/۲۸۸(۰/۰۹)	۱۱۱۹۶/۸۷	۳۲۲۹/۲۰	هفته سوم
۰/۶۰	۰/۳۲(۰/۰۹)	۱۱/۴۳	۳/۶۷	۰/۳۱(۰/۰۹)	۱۹۰۵۱/۱۳	۵۹۱۲/۰۵	هفته پنجم
۰/۷۴	۰/۲۷(۰/۰۹)	۱۷/۱	۴/۷۷	۰/۳۰(۰/۱)	۳۴۳۸۸/۳	۱۰۲۴۷/۹۹	هفته هفتم
۰/۶۴	۰/۱۲(۰/۰۷)	۲۱/۴۳	۲/۶۹	۰/۲۷۴(۰/۱)	۴۹۶۰۹/۳۷	۱۳۵۵۹/۷۸	هفته نهم

مقدار وراثت‌پذیری ژنومی برای هر گروه محاسبه شد. مقدار وراثت‌پذیری برای پنج گروه MAF به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۳۰، ۰/۱۷، ۰/۲۶ و ۰/۲۷ به دست آمد. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده مربوط به گروه دوم (۰/۱-۰/۲) به میزان ۰/۳ و کمترین مقدار آن مربوط به گروه اول (۰-۰/۱) به میزان ۰/۱۵ بود (جدول ۴).

میزان وراثت‌پذیری ژنومی برآورد شده برای صفت رشد هفت هفتگی مربوط به SNP‌های پنج گروه MAF (۰-۰/۱، ۰/۲-۰/۳، ۰/۱-۰/۳، ۰/۲-۰/۴، ۰/۳-۰/۵، ۰/۴-۰/۵) در جدول ۴ نشان داده شده است. تعداد SNP‌های هر گروه به ترتیب ۶۳۳۴، ۸۸۸۲، ۱۰۱۴۶ و ۱۱۱۲۳ و ۱۱۵۵۶ بودند. ماتریس ژنومی روابط خویشاوندی که توسط ون ردن (2008) پیشنهاد گردید برای هر گروه برآورد و

## جدول ۴- وراثت پذیری ژنومی برآورد شده با استفاده از پنج گروه MAF برای صفت وزن هفته هفتم

حداقل فراوانی آلی (MAF)	تعداد نشانگر	واریانس ژنتیکی V(G)	واریانس فنوتیپی V(P)	وراثت پذیری ژنومی ( $h^2$ )
۰-۰/۱	۶۳۳۴	۶۹۹۶/۴۲	۴۶۲۵۸/۲۹	۰/۱۵(۰/۰۹)
۰/۱-۰/۲	۸۸۸۲	۱۴۶۱۷/۰۹	۴۸۶۹۶/۹۸	۰/۳(۰/۱)
۰/۲-۰/۳	۱۰۱۴۶	۷۹۳۴/۹۵	۴۶۶۱۴/۶۸	۰/۱۷(۰/۰۹)
۰/۳-۰/۴	۱۱۱۲۳	۱۲۲۶۹/۸۷	۴۷۵۸۰/۷۷	۰/۲۶(۰/۱۱)
۰/۴-۰/۵	۱۱۵۵۶	۱۳۰۷۷/۴۸	۴۷۷۱۸/۷۶	۰/۲۷(۰/۱۱)

## جدول ۵ - خصوصیات ماتریس خویشاوندی ژنومی با گروه بندی SNP ها بر اساس (MAF)

MAF	تعداد نشانگر	میانگین عناصر قطری	واریانس عناصر قطری	میانگین عناصر غیر قطری	واریانس عناصر غیر قطری
۰-۰/۱	۶۳۳۴	۱/۰۰۰۲۴	۰/۱۷۰۲۴۸	-۰/۰۰۳۲	۰/۰۱۲۸۴۵۵
۰/۱-۰/۲	۸۸۸۲	۰/۹۸۵۶۸۱	۰/۰۲۰۴۷۱	-۰/۰۰۳۲	۰/۰۱۴۲۸۶۵
۰/۲-۰/۳	۱۰۱۴۶	۰/۹۷۸۱۴۲	۰/۰۰۷۶۰۱	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۳۷۷۰۳
۰/۳-۰/۴	۱۱۱۲۳	۰/۹۷۱۶۹۳	۰/۰۰۵۳۸۳	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۲۲۲۴۵
۰/۴-۰/۵	۱۱۵۵۶	۰/۹۷۰۲۷۷	۰/۰۰۴۴۴۲۶	-۰/۰۰۳۱	۰/۰۱۱۵۸۳۵

جدول ۵ نشان می‌دهد هنگامی که MAF از ۰-۰/۱ به ۰/۴-۰/۵ افزایش یافت، واریانس عناصر قطری ماتریس خویشاوندی ژنومی نیز از ۰/۱۷۰ به ۰/۰۰۴ کاهش یافت اما میانگین و واریانس عناصر غیر قطری در تمام گروه‌ها تقریباً مشابه بود. Simeone و همکاران (2011) و Abdollahi-Arpanahi و همکاران (2014) نشان دادند که با افزایش MAF واریانس عناصر قطری کاهش خواهد یافت. در این دو تحقیق نیز میانگین و واریانس عناصر غیر قطری همانند نتایج تحقیق حاضر با افزایش MAF در تمام گروه‌ها تقریباً مشابه بود.

## بحث

در تحقیقات Demeure و همکاران (2013) که بر روی ۵۶۴ پرنده نسل F2 حاصل از تلاقی لاین‌های گوشتی سبک و سنگین وزن به‌وسیله SNP1۵۳۶ و ۱۲۰ نشانگر ریز ماهواره انجام گردید،

مقدار وراثت پذیری صفات وزن‌های یک، سه، پنج، هفت و نه هفتگی به ترتیب ۰/۳۲، ۰/۳۶، ۰/۴۱، ۰/۳۲ و ۰/۲۲ به دست آمد. در پژوهش Abdollahi-Arpanahi و همکاران (2014)، مقدار وراثت پذیری ژنومی برآورد شده برای صفت وزن ۳۵ روزگی در یک لاین گوشتی به کمک یک تراشه K۶۰۰، ۰/۳۰ گزارش گردید. مقدار وراثت پذیری در هفته پنجم در تحقیق حاضر مطابق با گزارش این محقق می‌باشد. در تحقیقات Van Goor و همکاران (2015) مقدار وراثت پذیری ژنومی به کمک یک تراشه K۶۰۰ برای وزن‌های ۲۱ و ۲۸ روزگی، به ترتیب، ۰/۲۴ و ۰/۳۵ گزارش گردید.

Liu و همکاران (2014) وراثت پذیری ژنومی را در نژاد زرد چینی برای وزن‌های شش و دوازده هفتگی، ۰/۲۶ و ۰/۱۳ گزارش کردند. در تحقیقات Demeure و همکاران (2013) مقدار



جایگاه ژنی را در نظر گرفته و ترکیبی از هر دو بخش ناشی از وجود جد مشترک<sup>۶</sup> و شباهت تصادفی<sup>۷</sup> هستند. از این رو، روش نشانگری در میزان رابطه خویشاوندی بین افرادی مثل خواهران و برادران تنی و ناتنی پراکندگی نشان می‌دهد و لذا تشابه ژنومی را با دقت بیشتری رونمایی می‌کند (تفاوت عناصر ماتریس ژنومی با روش شجره‌ای می‌تواند به دلایلی مانند فاکتورهای دموگرافی، اندازه جمعیت کوچک، انتخاب و تفرق مندلی باشد). بایستی متذکر شد که برآوردهای نسبت واریانس و کوواریانس ژنومی به راحتی قابل تفسیر نیستند چرا که پارامترهای ذکر شده (واریانس ژنتیکی) یک هدف قابل تغییر<sup>۸</sup> هستند و به عواملی مانند تراشه استفاده شده و فاکتورهای فناوری مانند ارب نمونه برداری بستگی دارند. لذا چنین برآوردهایی باید با احتیاط تفسیر شوند. روشن است که تطابق یک به یک بین برآورد پارامترهای شجره‌ای و ژنومی وجود ندارد.

در شجره نیاز به وجود روابط خویشاوندی بین افراد است در حالی که در برآوردهای ژنومی نیازی به وجود افراد خویشاوند نیست) (Abdollahi-Arpanahi و همکاران، 2014).

در مطالعه Abdollahi-Arpanahi و همکاران (2014) که به منظور بررسی مقدار واریانس ژنتیکی تبیین شده برای وزن بدن، به وسیله گروه‌های MAF مختلف صورت گرفت، گروه  $MAF < 0.2$  بیشترین مقدار واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری را به خود اختصاص داد که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت می‌کند.

مقدار واریانس تبیین شده و وراثت‌پذیری به دست آمده به چندین عامل نظیر تعداد نشانگر نزدیک یا داخل جهش علی، میزان LD بین نشانگر و جهش‌های سببی در نتیجه نوترکیبی موجود در سطح جمعیت، میزان LD بین نشانگرها و ژن‌ها در سطح خانواده در نتیجه ساختار فامیلی در جمعیت و به عمل ژن (Abdollahi-Arpanahi و همکاران، 2014) بستگی دارد. تحقیقات نشان داده است اگر یک واریانت علی با کمک چندین SNP مشخص شود، سپس بخشی از یک سیگنال یا سیگنال کامل آن ممکن است تکرار شود که این پدیده می‌تواند منجر به برآورد بیش از

وراثت‌پذیری برای صفت طول شانک در هفته نهم ۰/۴۶ به دست آمد. در تحقیقات Gonzalez و همکاران (2015) وراثت‌پذیری طول شانک هفته ششم ۰/۳۵ گزارش گردید. در این مطالعه همبستگی ژنومی بین وزن‌های هفتگی (BW) و طول شانک (SHL) در هفته‌های مختلف از ۰/۵۶ تا ۰/۹۶ متغیر بود.

در دام و طیور نسبت به انسان کمتر در ارتباط با وراثت‌پذیری گم شده بحث شده است. اندازه مؤثر جمعیت و ساختار LD در دام و طیور به دلیل تلقیح مصنوعی و پرورش خویشاوندی متفاوت از انسان می‌باشد. اندازه مؤثر جمعیت در انسان حدود ۱۰۰۰۰ (Kruglyak, 1999)، در جمعیت گاوهای شیری حدود ۱۰۰ (Goddard and Hays, 2009) و در جوجه‌های گوشتی در حدود ۵۰ گزارش شده است (Khanyile و همکاران، 2015). بنابراین، اگر اندازه مؤثر جمعیت مهمترین علل ایجاد کننده عدم تعادل پیوستگی باشد، انتظار می‌رود که میزان LD در یک فاصله مشخص در جمعیت‌های انسانی پایین‌تر از جمعیت‌های دامی باشد. این امر باعث می‌شود که طول بلوک‌های هاپلو تیبی در دام و طیور طولانی‌تر از انسان باشد و به همین دلیل در حیوانات نسبت به گونه‌هایی نظیر انسان کمتر در ارتباط با وراثت‌پذیری گم شده بحث شده است. در مطالعه حاضر، بخش وراثت‌پذیری گم شده ممکن است به دلیل سایر بخش‌های ژنوم مانند کروموزوم-های اتوزومی ۳۸-۳۱ که در این مطالعه وارده نشده مربوط باشد. کروموزوم‌های ۳۸-۳۰ به این دلایل وارد ارزیابی نشدند که اطلاعات ژنوتیبی آن‌ها در ریزآرایه استفاده شده در این تحقیق در دسترس نبود.

مطالعات متعدد نشان داده‌اند مدل‌هایی که ماتریس شباهت ژنومی را در نظر می‌گیرند ابزار قدرتمندی برای تبیین بخش عمده‌ای از واریانس ژنومی افزایشی و برآورد وراثت‌پذیری‌ها هستند. همان‌طور که در مطالعه‌ی Nejati-Javaremi و همکاران (1997) و Schork (2001) نشان داده شده است، عناصر ماتریس خویشاوندی شجره‌ای یا کلاسیک، مقدار مورد انتظار از ژنوم را که بین دو فرد مشترک است در نظر می‌گیرند در حالی که عناصر ماتریس ژنومی، تشابه ژنومی واقعی بین دو فرد در تعداد زیادی

<sup>6</sup> - Identical by Descent (IBD)

<sup>7</sup> - Identical by State

<sup>8</sup> - Moving target

## منابع

- Abdollahi-Arpanahi, R., Pakdel, A., Nejati-Javaremi, A., Moradi Shahrababak, M., Morota, G., Valente, B.D., Kranis, A., Rosa, G.J.M. and Gianola, D. (2014). Dissection of additive genetic variability for quantitative traits in chickens using SNP markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 1-11
- Demeure, O., Duclos, M. J., Bacciu, N., Mignon, G. L., Filangi, O., Pitel, F., Boland, A., Lagarrigue, S., Cogburn, L. A., Simon, J., Roy, P. L. and Bihan-Duval, E.L. (2013). Genome wide interval mapping using SNPs identifies new QTL for growth, body composition and several physiological variables in an F2 intercross between fat and lean chicken lines. *Genetic Selection Evolution*, 45: 36.
- Gonzalez, F., Rekaya R. and Aggrey, S.E. (2015). Genetic analysis of bone quality traits and growth in a random mating broiler population. *Poultry Science*, 94:883-889.
- Goddard, M. and Hayes, B.J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programs. *Nature reviews genetics*, 10: 381-391.
- Gu, X.R., Feng, C.G., Ma, L., Song, C., Wang, Y.Q., Da, Y., Li, H., Chen, K., Ye, S., Ge, C., Hu, X. and Li, N. (2011). Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PLoS One*, 6(7): e21872.
- Havenstein, G.B., Ferket. P.R. and Qureshi, M.A. (2003). Growth, livability and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*. 82:1500-1508.

حد وراثت پذیری ژنومی شود. Speed و همکاران (2012) نشان دادند که وراثت پذیری ژنومی به شدت به LD غیر یکنواخت بین SNP ها حساس می باشد، به نحوی که مشارکت این SNP ها در مناطق با LD بالا باعث برآورد بیش از حد وراثت پذیری و در مناطق با LD کم باعث برآورد کم تر از حد وراثت پذیری می شود. در تحقیق حاضر بیشترین مقدار واریانس تبیین شده و وراثت پذیری برآورد شده مربوط به گروه فراوانی ۰/۱-۰/۲ بود که احتمالاً می تواند به علت حضور SNP های سببی بیشتر با MAF پایین در این گروه (۰/۱-۰/۲) و توانایی SNP هایی با MAF پایین در به دام انداختن روابط خویشاوندی ژنومی بین افراد در ماتریس خویشاوندی ژنومی باشد.

## نتیجه گیری

به طور کلی نتایج پژوهش حاضر نشان دادند که با استفاده از داده های ژنومی و روش آماری، بهترین پیش بینی ناریب خطی ژنومی (GBLUP) که از ماتریس خویشاوندی ژنومی به جای ماتریس خویشاوندی شجره ای استفاده می کند، می تواند به راحتی وراثت پذیری ژنومی و دیگر پارامترهای ژنومی را برآورد نماید. وراثت پذیری های ژنومی یافت شده در این تحقیق درک بهتری از کنترل ژنتیکی صفات رشد را نشان می دهند، به طوری که استفاده از این یافته ها می تواند باعث تسریع در پیشرفت ژنتیکی برنامه های اصلاح نژادی شود.

## تشکر و قدردانی

بدین وسیله نگارندگان مقاله از پروفیسور Just Jensen از دانشگاه Aarhus دانمارک برای تعیین ژنوتیپ ها و تامین هزینه ی آن ها و از شرکت کاب برای در دسترس قرار دادن تراشه ی ۶۰ k قدردانی می کنند. از آقای دکتر رستم عبدالهی آرپناهی که با راهنمایی ها و پیشنهادات ارزنده خود در تجزیه و تحلیل داده ها یاری نمودند کمال تشکر و قدردانی را داریم.

- Javanrouh, A., Banabazi, M.H., Esmaeilkhanian, S., Amirinia, C., Seyedabadi, H.R. and Emrani, H.(2006). blood cells. The 57th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Antalya, Turkey.
- Khanyile, K.S., Dzomba, E.F. and Muchadeyi F.C. (2015). Population genetic structure, linkage disequilibrium and effective population size of conserved and extensively raised village chicken populations of Southern Africa. *Frontiers in Genetics* 6(13) 1-11.
- Kruglyak, L. (1999). Prospects for whole-genome linkage disequilibrium mapping of common disease genes. *Nature Genetics* 22: 139-144.
- Liu, T., QU, H., Luo, C., Shu, D., Wang, J., Lund, M.S. and Su, G. (2014). Accuracy of genomic prediction for growth and carcass traits in Chinese triple-yellow chickens. *BMC Genetics* 15:110
- Nejati-Javaremi A., Smith C. and Gibson, J.P. (1997) Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. *Journal of Animal science*, 75, 1738 – 1745.
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I., Daly, M.J. and Sham, P.C. (2007). PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 81(3):559-75.
- Schork N.J. (2001) Genome partitioning and whole-gen-ome analysis. *Advances in Genetics*, 42, 299 – 322.
- Simeone, R., Misztal, I., Aguilar, I. and Legarra, A.(2011). Evaluation of the utility of diagonal elements of the genomic relationship matrix as a diagnostic tool to detect mislabelled genotyped animals in a broiler chicken population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128(5):386-93.
- Shariatmadari, F.(2012). Plans of feeding broiler chickens. *World's Poultry Science Journal*, 68:21-30
- Speed, D., Hemani, G., Johanson, Michael R, Balding and David, J. (2012). Improved Heritability Estimation from Genome-Wide SNPs. *American Journal of Human Genetics*. 91, 1011-1021.
- Sun, Y.F., Liu, R.R., Zheng, M.Q., Zhao, G.P., Zhang, L., Wu, D., Hu, Y.D., Li, P. and Wen J. (2013). Genome-wide Association Study on Shank Length and Shank Girth in Chicken. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 44:358–365.
- Xu, Y., and Wu, J.(2014). A linkage information based method for imputing missing diploid genotypes. <https://CRAN.R-project.org/package=linkim>
- Yang, J., Lee, S.H., Goddard, M.E. and Visscher, P.M. (2011). GCTA: a tool for Genome wide Complex Analysis. *American Journal of Human Genetics*. 88(1): 76-82
- VanRaden, F.R. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of dairy science*, 91, 4414-23.
- Van Goor, A., Bolek, K., Ashwell, C., Persia, M.E., Rothschild, M.F., Schmidt, C. and Lamont, S.J. (2015). Identification of quantitative trait loci for body temperature, body weight, breast yield, and digestibility in an advanced intercross line of chickens under heat stress. *Genetic Selection Evolution*, 47:96-109.

