



## تولیات دامی

دوره ۲۴ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۱

صفحه‌های ۱۱۷-۱۲۶

DOI: 10.22059/jap.2022.334405.623659

مقاله پژوهشی

### مطالعه کل ژنوم در بلدرچین ژاپنی با استفاده از رویکرد تک‌مرحله‌ای صفات مرتبط با بازده مصرف خوراک

حسین محمدی<sup>۱\*</sup>، امیر حسین خلت آبادی فراهانی<sup>۲</sup>، محمد حسین مرادی<sup>۲</sup>

۱. استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران.

۲. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و محیط زیست، دانشگاه اراک، اراک، ایران.

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۰/۱۲/۰۶

تاریخ دریافت مقاله: ۱۴۰۰/۰۹/۰۲

#### چکیده

هدف از این مطالعه بررسی معماری ژنتیکی، شناسایی مناطق ژنومی و ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات افزایش وزن بدن، میزان خوراک مصرفی و ضریب تبدیل خوراک در بلدرچین ژاپنی بود. برای شناسایی پنجره‌های ژنومی اصلی، از روش مطالعه پویش کل ژنومی تک‌مرحله‌ای و از اطلاعات ژنومی ۹۲۰ قطعه بلدرچین ژاپنی استفاده شد. آنالیز پویش ژنومی به وسیله نرم‌افزارهای خانواده BLUPF90 انجام شد. نتایج براساس مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی کنترل‌شده در قالب پنجره‌های به‌طور میانگین ۱/۵ مگابازی از SNP‌های مجاور ارائه شد. پنجره‌هایی که بیش از یک درصد واریانس را کنترل می‌کردند به‌عنوان مناطق ژنومی مؤثر و برای یافتن ژن‌های کاندیدا استفاده شدند. تعداد ۱۳ پنجره ژنومی معنی‌دار روی هشت کروموزوم، ۲۳ درصد کل واریانس ژنتیکی صفت افزایش وزن بدن را توجیه می‌کردند و حاوی ژن‌های کاندیدای *SMYDI*، *ADGRG6* و *CFL2* بودند. بیش‌ترین واریانس مربوط به پنجره‌ای روی کروموزوم شماره دو بود. تعداد ۲۰ پنجره روی هشت کروموزوم و شامل ژن‌های کاندیدای *ACSL1*، *PPA2*، *FGF2* و *RBL2* مرتبط با میزان خوراک مصرفی بودند. این پنجره‌ها ۳۸ درصد واریانس ژنتیکی را کنترل می‌کردند و مهم‌ترین پنجره روی کروموزوم شماره چهار بود. همچنین برای ضریب تبدیل خوراک تعداد ۱۲ منطقه ژنومی روی هفت کروموزوم، ۲۳/۷ درصد از واریانس ژنتیکی را توجیه می‌کردند و حاوی ژن‌های کاندیدای *ATRNLI* و *PTPN4* بود. نتایج نشان داد چهار منطقه ژنومی اثر پلیوتروپی دارند. با توجه به شناسایی مناطق ژنومی جدید و نقش کلیدی ژن‌های ذکرشده مرتبط با مصرف خوراک می‌توان کارایی روش تک‌مرحله‌ای برای پویش ژنومی صفات بازده مصرف خوراک را تأیید کرد.

**کلیدواژه‌ها:** بلدرچین ژاپنی، رویکرد تک‌مرحله‌ای، ژن کاندیدا، ضریب تبدیل خوراک، وزن بدن.

### The genome-wide study in Japanese quail for traits related to feed efficiency using a single step approach

Hossein Mohammadi<sup>1\*</sup>, Amir Hossein Khaltabadi Farahani<sup>2</sup>, Mohammad Hossein Moradi<sup>2</sup>

1. Assistant Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran.

2. Associate Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Arak University, Arak, Iran.

Received: November 23, 2021

Accepted: February 25, 2022

#### Abstract

The aim of the present study was to evaluate the genetic architecture, genomic regions and candidate genes associated with body weight gain, feed intake and feed conversion ratio in Japanese quails. For detection of the informative genomic windows, genotyping data on 920 quails was used in a single-step genome-wide association study. The BLUPF90 family software was used to perform related analyses. The results were calculated based on the proportion of additive genetic variance (agv) explained by genomic region with an average size of 1.5-Mb of adjacent SNPs. Windows with accounting for more than 1% of the agv were used to identify genomic regions and to search for candidate genes. A total of 13 significant windows over 8 chromosomes were explained 23% of the agv for the body weight gain and including *SMYDI*, *ADGRG6* and *CFL2* candidate genes. A peak on CJA2 explained the largest proportion of variance. For feed intake, we identified 20 informative windows across 8 chromosomes and including *ACSL*, *PPA2*, *FGF2* and *RBL2* candidate genes. These regions explained 38% of the agv and a peak on CJA4 explained of agv. Also, for the feed conversion ratio, 12 significant windows were identified on 7 chromosomes and explained 23.7% of agv, contained *ATRNLI* and *PTPN4* candidate genes. Four genomic regions had a pleiotropic effect. Considering the identification of new genome regions and the key role of the mentioned genes related to feed intake, the single step method can be validated for GWAS in feed efficiency traits.

**Keywords:** Body weight, Candidate gene, Feed conversion ratio, Japanese quail, Single step approach.

## مقدمه

هدف از کاربرد اصلاح نژاد تجاری، افزایش رشد و وزن بدن و کاهش هزینه تولید است [۱۰]. از آنجایی که برای بسیاری از گونه‌های مختلف از جمله بلدرچین ژاپنی، عمده‌ترین قسمت هزینه‌های تولیدی مربوط به خوراک است، صفات مربوط به بازده مصرف خوراک نیز باید در برنامه‌های اصلاح ژنتیکی مورد توجه قرار گیرند. بر همین اساس، بهبود ضریب تبدیل خوراک و میزان رشد از صفات اصلی در برنامه‌های مدرن اصلاح نژاد طیور هستند [۱]. نکته بسیار مهم در مباحث اصلاح نژاد کاربردی طیور این است که بلدرچین ژاپنی دارای بلوغ جنسی سریع، فاصله نسل کوتاه، درصد تخم‌گذاری بالا، هزینه نگهداری پایین و جثه کوچک می‌باشد، آن را به‌عنوان گونه آزمایشگاهی و اقتصادی مناسبی برای پژوهش‌های در نظر گرفته شده است. همچنین پرندگی است که به میزان قابل توجهی پاسخ به انتخاب برای افزایش وزن بدن از خود نشان می‌دهد [۸].

در سال‌های اخیر مطالعه پویش کل ژنومی (GWAS) به‌عنوان یک ابزار بسیار مؤثر در ژنتیک انسانی و شناسایی معماری‌های ژنتیکی صفات پیچیده در دام‌های اهلی مطرح شده است. هدف نهایی از مطالعات پویش ژنومی که به‌منظور شناسایی وابستگی بین یک نشانگر SNP و یک صفت با استفاده از نشانگرهای با تراکم بالا در سطح ژنوم می‌باشد، پیدا کردن جهش‌های مسبب بوده که بر فنوتیپ یک صفت اثر می‌گذراند [۱۳]. علاوه بر این، مدل‌های آماری می‌توانند اثر تعیین‌کننده‌ای بر یافتن مناطق ژنومی مؤثر بر صفات مهم اقتصادی داشته باشند. از طرف دیگر، با توجه به داشتن هزینه بالا تعیین ژنوتیپ از تعداد بیش‌تر افراد، روشی که بتواند به‌طور هم‌زمان از اطلاعات فنوتیپی، ژنومی و شجره‌ای برای برآورد

ارزش‌های اصلاحی ژنومی استفاده نماید، بسیار مفید خواهد بود [۳].

در روش تک‌مرحله‌ای به‌طور هم‌زمان از اطلاعات شجره‌ای، رکوردهای فنوتیپی و اطلاعات تعیین ژنوتیپ افراد، برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی استفاده می‌شود [۲]. به‌تازگی رویکرد تک‌مرحله‌ای به‌طور موفقیت‌آمیزی در گونه‌های مختلف از جمله گاو و مرغ منجر به شناسایی نواحی ژنومی و ژن‌های کاندیدای جدید مرتبط با صفات مهم اقتصادی شده است [۲۱ و ۲۵]. مطالعه پویش کل ژنومی براساس روش تک‌مرحله‌ای (ssGWAS) در جوجه‌های گوشتی با هدف شناسایی مناطق ژنومی مؤثر بر وزن بدن در سن شش‌هفتگی انجام شده بود، گزارش کردند که ۱۰ منطقه ژنومی حدود ۲۳/۱ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی مرتبط با وزن بدن را توجیه می‌کند [۲۱].

برخلاف مرغ که اکثر مطالعات ژنومی بر روی آن متمرکز شده است، پژوهش‌های بسیار اندکی بر روی بلدرچین ژاپنی صورت گرفته است. بنابراین هدف از انجام پژوهش حاضر بررسی ارتباط SNP‌های سطح ژنوم با صفات افزایش وزن بدن، خوراک مصرفی و ضریب تبدیل خوراک با استفاده از روش تک‌مرحله‌ای به‌منظور یافتن مناطق ژنومی و شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با این صفات در بلدرچین ژاپنی می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

این پژوهش، از اطلاعات فنوتیپی مرتبط با برخی صفات مهم اقتصادی حاصل از ۹۲۰ قطعه بلدرچین ژاپنی که توسط دانشگاه Hohenheim آلمان تعیین ژنوتیپ شده بود، استفاده شد. برای دستیابی به اطلاعات رکوردهای فنوتیپی و ژنوتیپی از سایت <https://osf.io/57nty> استفاده شد. در این پژوهش، برای ایجاد نسل F<sub>1</sub> از آمیزش دو

از مجموع ۵۳۸۸ نشانگر SNP به کاررفته در این پژوهش، ۳۹۸۶ نشانگر و ۸۸۸ پرنده توانستند برای آنالیز پویس کل ژنومی باقی بمانند.

از رابطه (۱) برای ارزیابی ژنتیکی و محاسبه ارزش‌های اصلاحی ژنومی صفات مورد مطالعه استفاده شد [۲۵]:

$$y = X\beta + Za + e \quad (\text{رابطه ۱})$$

در این رابطه،  $y$  بردار رکوردهای فنوتیپی مورد بررسی؛  $\beta$  بردار اثر عوامل ثابت شامل اثر ثابت جنس و دوره جوجه‌کشی؛  $a$  بردار مقادیر ارزش‌های اصلاحی ژنومی؛  $X$  و  $Z$  ماتریس ضرایب که مشاهدات را به ترتیب به بردارهای اثر عوامل ثابت و ارزش‌های اصلاحی ژنومی مرتبط می‌کند و  $e$  بردار اثر تصادفی باقیمانده است. عناصر ماتریس  $Z$  شامل اعداد صفر، یک و دو بود که این اعداد نشان‌دهنده تعداد آل‌های خاص هر یک از مکان‌های نشانگری با توجه به ژنوتیپ فرد می‌باشد.

در مطالعه پویس کل ژنومی به کمک روش ژنومی تک مرحله‌ای به طور هم‌زمان از منابع اطلاعاتی شامل کلیه اطلاعات ژنوتیپ، شجره و فنوتیپ افراد دارای اطلاعات ژنوتیپ و بدون اطلاعات ژنوتیپ استفاده می‌شود [۲۵]. در این روش از ترکیب ماتریس روابط خویشاوند ژنومی براساس اطلاعات SNPها ( $G$ ) و ماتریس روابط خویشاوندی شجره‌ای ( $A$ ) و تشکیل ماتریس ترکیبی جدید ( $H$ )، برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی ( $GEBV$ ) و سپس محاسبه اثر هر نشانگر SNP استفاده می‌شود [۲۰].

طرفه استفاده شده بود. بدین منظور از آمیزش ۱۲ پرنده نر از لاین A با ۱۲ پرنده ماده از لاین B نسل  $F_1$  ایجاد شده بود. تعداد ۳۴ پرنده ماده با رعایت کم‌ترین رابطه خویشاوندی به همراه ۱۷ پرنده نر انتخابی جهت ایجاد نسل دوم (یک نر به ازای هر دو ماده) انتخاب شده بودند، به این ترتیب تعداد ۹۲۰ پرنده طی ۱۲ دوره جوجه‌کشی، نسل  $F_2$  را به وجود آوردند. صفات مورد مطالعه شامل افزایش وزن بدن، خوراک مصرفی و ضریب تبدیل خوراک بین روزهای ۱۰ تا ۱۵ روزگی بودند، آمار توصیفی صفات مورد بررسی در جدول (۱) ارائه شده است. پس از اطمینان از کمیت و کیفیت بالای DNA استخراج شده، نمونه‌ها با استفاده از آرایه‌های شرکت ایلومینا با آرایه‌های iSelect 4K تعیین ژنوتیپ شده بودند. جهت اطمینان از کیفیت داده‌های تعیین ژنوتیپ مراحل مختلف کنترل کیفیت روی داده‌های اولیه تعیین ژنوتیپ شده انجام شد.

مراحل مختلف فیلتراسیون با استفاده از نرم‌افزار PLINK (نسخه ۱/۹) انجام شد نمونه‌هایی که فراوانی تعیین ژنوتیپ آن‌ها کم‌تر از ۹۰ درصد بود حذف شدند. در مرحله بعد نشانگرهایی که حداقل فراوانی آللی آن‌ها کم‌تر از ۳ درصد بود حذف شدند. سپس نشانگرهایی که نرخ تعیین ژنوتیپ آن‌ها در نمونه‌ها کم‌تر از ۹۰ درصد بود شناسایی و حذف شدند. هم‌چنین نشانگرهایی که روی کروموزوم‌های جنسی و دو گروه لینکاژی (LG) بودند، کنار گذاشته شدند [۱۵].

جدول ۱. آمار توصیفی مربوط به صفات مورد بررسی در بلدرچین ژاپنی

صفات	واحد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار
خوراک مصرفی	گرم	۱۶/۱۱	۶۲/۳۵	۴۲/۶۵	۷/۱۵
افزایش وزن بدن	گرم	۵/۸۰	۳۷/۸۵	۲۴/۵۰	۵/۰۶
ضریب تبدیل خوراک	گرم/گرم	۱/۲۱	۳/۹۲	۱/۷۸	۰/۳۱

انجام شد. برای تفسیر بهتر عملکرد ژن‌های به‌دست‌آمده از پایگاه‌های اطلاعاتی آنلاین GeneCards (http://www.genecards.org) و UniProtKB (http://www.uniprot.org) استفاده شد.

### نتایج و بحث

در این پژوهش ارتباط بین نشانگرهای SNP در سطح ژنوم با صفات موردبررسی شامل افزایش وزن بدن، خوراک مصرفی و ضریب تبدیل خوراک با روش پویش کل ژنومی تک‌مرحله‌ای انجام شد و نمودار مرتبط با سهم واریانس ژنتیکی هر پنجره به تفکیک صفات در شکل (۱) ارائه شده است.

در شکل (۱-a)، نتایج ارتباط پنجره‌های SNP با صفت افزایش وزن بدن در سن ۱۰ تا ۱۵ روزگی مشاهده می‌شود. تعداد ۱۳ منطقه ژنومی اصلی مرتبط با تغییرات صفت افزایش وزن بدن به‌ترتیب روی کروموزوم شماره یک، دو (چهار منطقه)، سه (دو منطقه)، چهار (دو منطقه)، پنج، هفت، هشت و ۱۴ یافت شدند. این نواحی ژنومی با تعداد متوسط پنج SNP، در مجموع حدود ۲۳ درصد از کل واریانس ژنتیکی افزایشی را توجیه می‌کردند. مهم‌ترین پنجره ژنومی (جدول ۲) به‌ترتیب روی دو ناحیه مختلف کروموزوم شماره چهار با کنترل حدود ۴/۱۳ درصد، کروموزوم شماره هفت با کنترل حدود ۲/۵۷ درصد و کروموزوم شماره سه با کنترل حدود ۱/۹۸ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی صفت بودند.

یکی از اهداف اصلی مطالعات پویش کل ژنومی، شناسایی ژن‌های کاندیدای در مناطق ژنومی با بیش‌ترین واریانس ژنتیکی توجیه‌شده برای هر صفت می‌باشد. منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار در ناحیه ۷۷ مگابازی، شامل ژن کاندیدای *SMYDI* بود. ژن *SMYDI* در شروع و توسعه ماهیچه‌های اسکلتی در بدن نقش

ماتریس **H** به‌عنوان ماتریس روابط خویشاوندی ژنومی ترکیبی بوده و معکوس آن (رابطه ۲) عبارت است از  $A^{-1}$ ، نشان‌دهنده معکوس ماتریس روابط خویشاوندی شجره‌ای؛  $G^{-1}$  معکوس ماتریس خویشاوندی ژنومی براساس اطلاعات نشانگرهای SNP و  $A_{22}^{-1}$  معکوس ماتریس روابط خویشاوندی براساس اطلاعات شجره مربوط به حیواناتی که اطلاعات ژنوتیپ آن‌ها در دسترس است [۱۱ و ۱۹].

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix} \quad (\text{رابطه ۲})$$

نتایج این پژوهش براساس واریانس ژنتیکی توجیه‌شده توسط پنجره‌های (SNP window) ۱/۵ مگابازی از SNP‌های مجاور (Moving windows) ارائه شده است [۶]. به‌عبارت دیگر، روش ویندوزی (پنجره) مورد استفاده در این پژوهش، روش *n Mb window of adjacents SNPs* می‌باشد و مقدار *n* برابر ۱/۵ مگاباز در نظر گرفته شده است [۱۱].

برای برآورد واریانس ژنتیکی کنترل‌شده توسط ژنومی ناحیه ژنومی از رابطه (۳) استفاده شد:

$$\text{Var}(a_i) = \times 100\% = \frac{\text{Var}(\sum_{j=1}^p Z_j \hat{u}_j)}{\sigma_a^2} \times 100\% \quad (\text{رابطه ۳})$$

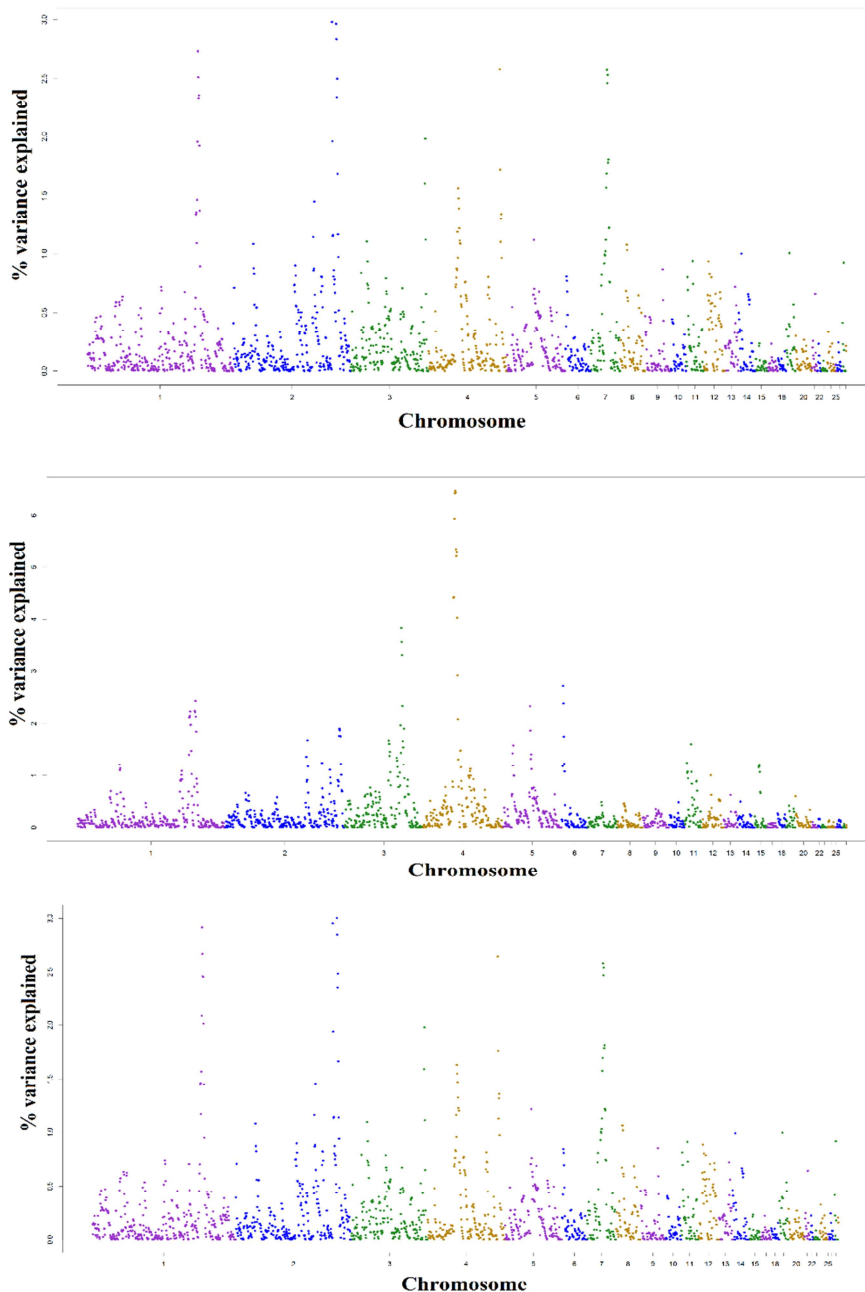
در این رابطه،  $a_i$  ارزش ژنتیکی در ژنومی ناحیه ژنومی تحت مطالعه؛  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی کل؛  $Z_j$  بردار اثر ژنی از ژنومی نشانگر SNP برای کل افراد و  $\hat{u}_j$  اثر ژنومی نشانگر SNP در داخل ژنومی ناحیه ژنومی هستند. پنجره‌هایی که بیش از ۱ درصد واریانس ژنتیکی را کنترل می‌کردند، به‌عنوان پنجره‌های مؤثر در نظر گرفته شدند و جهت شناسایی ژن‌های کاندیدا در نظر گرفته شدند.

از نرم‌افزارهای BLUPF90 و postGSf90 نسخه (۱/۴۶) برای واکاوی‌های ssGWAS استفاده شد [۲]. هم‌چنین برای شناسایی ژن‌های کاندیدای در مناطق ژنومی با استفاده از جستجو در پایگاه اطلاعاتی آنلاین Genes 104 Ensembl به‌وسیله (www.ensembl.org/biomart)

مطالعه کل ژنوم در بلدرچین ژاپنی با استفاده از رویکرد تک‌مرحله‌ای صفات مرتبط با بازده مصرف خوراک

جوجه‌های گوشتی Jinghai Yellow در مراحل رشد اولیه (چهار هفتگی)، واکاوی بیان ژن، تفاوت معنی‌دار بیان افزایشی ژن کاندیدای *SMYDI* در گروه با وزن بالا گزارش شده است [۲۳].

کلیدی دارد [۴ و ۱۷]. همچنین در توسعه سلول‌های ماهیچه اسکلتی و تکثیر میوبلاست در طول شکل‌گیری فیبرها نقش دارد [۵]. با تجزیه و تحلیل پروفایل ترنسکرپتوم عضله پای



شکل ۱. نمودارهای درصد واریانس ژنتیکی افزایشی توجیه‌شده توسط پنجره‌های ۱/۵ مگابازی مرتبط با (a) افزایش وزن بدن؛ (b) خوراک مصرفی؛ (c) ضریب تبدیل خوراک.

## تولیدات دامی

دوره ۲۴ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۱

در شکل (b-1)، نتایج ارتباط پنجره‌های SNP با صفت میزان خوراک مصرفی ارائه شده است. تعداد ۲۰ منطقه ژنومی مرتبط با تغییرات صفت خوراک مصرفی به ترتیب روی کروموزوم‌های شماره یک (چهار منطقه)، دو (چهار منطقه)، سه (سه منطقه)، چهار (سه منطقه)، پنج (دو منطقه)، شش، ۱۱ (دو منطقه) و ۱۵ شناسایی شدند (جدول ۳). این مناطق ژنومی در مجموع حدود ۳۸ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی مرتبط با خوراک مصرفی را کنترل کرده و از بین آن‌ها منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار بیش‌ترین مقدار و حدود ۶/۴۷ درصد از واریانس ژنتیکی و پس از آن منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره سه حدود ۳/۸۳ درصد از واریانس را کنترل می‌کرد.

منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار (۳۳/۹-۳۵/۳ مگاباز) شامل ژن‌های کاندیدای *ACSL1* و *PPA2* بود.

منطقه ژنومی کروموزوم شماره سه در ناحیه ۴۷ مگابازی شامل ژن کاندیدای *ADGRG6* بود. در پژوهشی پویش کل ژنومی با هدف شناسایی ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفات مرتبط با تولید گوشت در جوجه‌های گوشتی لاین خالص انجام شده بود، ژن کاندیدای *ADGRG6* مرتبط با وزن ران لاشه گزارش شده است [۲۴].

دیگر منطقه ژنومی مؤثر بر افزایش وزن بدن روی کروموزوم شماره پنج در ناحیه ۳۳ مگابازی شامل ژن کاندیدای *CFL2* بود. در پژوهشی با تجزیه و تحلیل ترنسکریپتوم در مراحل مختلف رشد جوجه‌های گوشتی و بررسی متیلاسیون DNA عضلات اسکلتی، ژن کاندیدای *CFL2* به‌عنوان ژن مؤثر بر تنظیم تفرق سلول‌های ماهواره‌ای (سلول‌های بنیادی عضله اسکلتی) و تنظیم طول فیلامنت‌های آکتین در عضلات اسکلتی گزارش شده است [۱۶].

جدول ۲. پنجره‌های ۱/۵ مگاباز از SNP‌های با بیش از یک درصد واریانس ژنتیکی افزایشی توجیه‌شده مؤثر بر افزایش وزن بدن و

#### ژن‌های کاندیدا

ژن‌های کاندیدای مکانی*	میزان واریانس ژنتیکی توجیه‌شده (درصد)	انتها (مگاباز)	شروع (مگاباز)	کروموزوم
<i>SAMD12, TNFRSF11B</i>	۲/۹۷	۱۲۴/۱	۱۲۲/۶	۲
<i>LRATD2, MYC,</i>	۲/۹۶	۱۲۶/۷	۱۲۵/۲	۲
<i>PCDH9</i>	۲/۷۳	۱۴۳/۸	۱۴۲/۳	۱
<i>RNF212, FGFR1, ATOH8, POLR1A, PTCD3, REEP1, SMYD1</i>	۲/۵۷	۷۷/۸۳	۷۶/۵۷	۴
<i>PTPN4, CLASP1, RALB, TMEM177, MRAS, CNTNAP5</i>	۲/۵۷	۲۲/۲۶	۲۰/۷۸	۷
<i>ADGRG6, OPN3, EXO1, CYP2U1</i>	۱/۹۸	۴۷/۹۴	۴۶/۵۷	۳
<i>LEF1, HADH, SGMS2, PAPSS1, AIMP1, NPNT, PPA2, ACSL, TETS, TACR3, LRP2BP, CFAP97, SLC25A4</i>	۱/۵۶	۳۴/۹	۳۳/۴۳	۴
<i>XKR9, EYA1, MSC, TRPA1, TERF1</i>	۱/۴۵	۱۰۷/۱	۱۰۵/۷	۲
<i>SPTSSA, EAPP, SNX6, CFL2, SRP54, BRMS1L</i>	۱/۱۱	۳۳/۵	۳۲/۳	۵
<i>CHRM2, CHRM3, PIGM</i>	۱/۱۰	۳۲/۸	۳۱/۴	۳
<i>UBE2E2, NKIRAS1, RPL15, NR1D2, THRB</i>	۱/۰۸	۳۴/۵	۳۳/۱	۲
<i>CCNI, DDAH1, SYDE2, MCOLN2, CTBS, LPAR3</i>	۱/۰۷	۱۵/۲	۱۳/۹	۸

\* ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفت به‌صورت پررنگ نشان داده شده‌اند.

مطالعه کل ژنوم در بلدرچین ژاپنی با استفاده از رویکرد تک-مرحله‌ای صفات مرتبط با بازده مصرف خوراک

کاندیدای *ACSL1* با میزان خوراک مصرفی کم‌تر گزارش شده است [۲۲].

علاوه بر این، در مطالعه پویش کل ژنومی با هدف بررسی معماری ژنتیکی صفت رفتار تغذیه‌ای در خوک و مقایسه مناطق ژنومی شناسایی شده با نواحی اورتولوگ انسانی، ژن *PPA2* مرتبط با میزان خوراک مصرفی گزارش شده است [۵]. ژن *PPA2* نقش مؤثری در کنترل میزان فسفات در سلول‌های بدنی دارد (UniProtKB).

ژن *ACSL1* نقش مهمی در انتقال و فعال‌سازی اسیدهای چرب دارد، به طوری که در مرغان با بازدهی خوراک بالا تمایل به ذخیره چربی بیش‌تری دارند [۱۴]. پژوهشی با تجزیه و تحلیل ترنسکریپتوم حاصل از تکنیک RNA-Seq بافت دئودنوم در دو گروه با باقیمانده خوراک مصرفی بالا و پایین جهت شناسایی ژن‌های کاندیدا و مسیرهای سیگنالی مرتبط با بازدهی خوراک در مرغ انجام شده بود، بیان افزایشی ژن

جدول ۳. پنجره‌های ۱/۵ مگاباز از SNP‌های با بیش از یک درصد واریانس ژنتیکی افزایشی توجیه‌شده مؤثر بر خوراک مصرفی و

ژن‌های کاندیدا

ژن‌های کاندیدای مرتبط*	میزان واریانس ژنتیکی توجیه‌شده (درصد)	انتها (مگاباز)	شروع (مگاباز)	کروموزوم
<i>LEF1, HADH, SGMS2, PAPSSI, AIMPI, NPNT, PPA2, ACSL1, TETS, TACR3, LRP2BP, CFAP97, SLC25A4</i>	۶/۴۷	۳۵/۳	۳۳/۹	۴
<i>PHF3, PTP4A1, LGSN</i>	۳/۸۳	۷۸/۵	۷۷/۱	۳
<i>SH2D4B, TSPAN14, EXOSC3, MAT1A, MBL2, RASGEF1A, CSGALNACT2, RET</i>	۲/۷۱	۴/۶۴	۳/۳۷	۶
<i>PCDH17</i>	۲/۴۲	۱۴۷/۲	۱۴۵/۹	۱
<i>FAM177A1, PPP2R3C, PSMA6, RALGAP1, BRMS1L, MBIP</i>	۲/۳۲	۳۳/۵	۳۲/۳	۵
<i>PCDH9</i>	۲/۲۲	۱۴۳/۸	۱۴۲/۷	۱
<i>MAPK15, FAM83H, SCRIB, PUF60, NRBP2</i>	۱/۹۰	۱۳۵/۵	۱۳۴/۴	۲
<i>LACTB2, EYA1, MSC, TERF1, RPL7, RDH10</i>	۱/۶۷	۱۰۷/۱	۱۰۵/۷	۲
<i>RPF2, GTF3C6, AMD1, CDK19</i>	۱/۶۷	۶۰/۵	۵۹/۳	۳
<i>CDH8, ADAMTS18, NUDT7, VATIL, CLEC3A, WWOX</i>	۱/۶۰	۱۲/۶	۱۱/۲	۱۱
<i>CAPN3</i>	۱/۵۸	۲۳/۱	۲۲/۱	۵
<i>AGA, NEIL3, GALNTL6</i>	۱/۴۸	۳۸/۴	۳۷/۰	۴
<i>IMPG1, MYO6, SENP6, FILIP1, TMEM30A, COX7A2, COL12A1, CD109, SLC17A5, MTO1, CGAS, KCNQ5, PHF3</i>	۱/۳۴	۷۴/۵	۷۳/۱	۳
<i>RBL2, IRX3, FTO, RPRIP1L, AKTIP, CHD9</i>	۱/۲۴	۴/۸۶	۳/۴۴	۱۱
<i>EMC2, TMEM74, TRHR, NUDCD1, EBAG9</i>	۱/۲۴	۱۲۰/۳	۱۱۹/۰	۲
<i>SLCO1C1, SLCO1A2</i>	۱/۲۰	۶۱/۲	۵۹/۷	۱
<i>FGF2, FAT4, SPRY1, SPATA5, PXDC1, NUDT6, BBS12, IL21, ADAD1, KIAA1109</i>	۱/۱۲	۴۸/۳	۴۷/۰	۴
<i>LRATD2, MYC</i>	۱/۱۰	۱۲۶/۸	۱۲۵/۴	۲
<i>SPRY2, NDFIP2, RBM26, OBII</i>	۱/۰۸	۱۳۷/۹	۱۳۶/۵	۱

\* ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفت به صورت پررنگ نشان داده شده‌اند.

تولیدات دامی

دوره ۲۴ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۱

مطالعه‌ای با تجزیه و تحلیل ترانسکریپتوم در جوجه‌های گوشتی با هدف شناسایی ژن‌های کاندیدا مرتبط با رشد عضله سینه، ژن کاندیدای *RBL2* گزارش شده است [۷]. ژن *RBL2* نقش مؤثری در تمایز و تفرق سلول‌های چربی دارد. در پژوهشی با هدف بررسی معماری ژنتیکی بازدهی خوراک در مرغ، مسیرهای زیستی شناسایی مرتبط با مصرف خوراک با متابولیسم چربی ارتباط داشتند [۲۲].

براساس (شکل ۱-۷)، تعداد ۱۲ منطقه ژنومی مرتبط با تغییرات صفت ضریب تبدیل خوراک به ترتیب روی کروموزوم‌های شماره یک، دو (چهار منطقه)، سه (دو منطقه)، چهار (دو منطقه)، پنج، هفت و هشت شناسایی شدند. این مناطق ژنومی در مجموع حدود ۲۳/۷ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی را توجیه می‌کردند. مهم‌ترین پنجره ژنومی به ترتیب روی دو ناحیه متفاوت کروموزوم شماره چهار با کنترل حدود ۴/۲۷ درصد، کروموزوم شماره هفت با کنترل حدود ۲/۵۸ درصد و کروموزوم شماره شش با کنترل حدود ۱/۰۶ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی صفت بودند (جدول ۴).

دیگر منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار (۴۷/۰-۴۸/۳ مگاباز) حدود ۴/۴۴ درصد از واریانس را توجیه کرد. از میان ژن‌های موجود در این منطقه، ژن کاندیدای *FGF2* مرتبط با صفت موردبررسی بود. در مطالعه‌ای با تجزیه و تحلیل پروفایل ترانسکریپتوم عضله پا جوجه‌های گوشتی در مراحل مختلف رشد، آنالیز تفرقی بیان ژنی، تفاوت معنی‌دار افزایشی بیان ژن *FGF2* با وزن عضله پا گزارش شده است [۹]. ژن کاندیدای *FGF2* جزئی از خانواده ژنی فاکتورهای رشد فیروبیلاست (*FGF*) است که در رشد، تمایز و مهاجرت طیف گسترده‌ای از انواع سلول‌ها نقش دارند. ژن *FGF2* نقش مؤثری در هموستازی غضروف مفصلی دارد. در سلول-های غضروف مفصلی، *FGF2* باعث تغییر نسبت بین کلاژن نوع II و نوع I می‌شود و به‌طور بالقوه باعث تشکیل فیبروکارتیلاژ برای غضروف می‌شود [۲۳].

منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره ۱۱ (۳/۴۴-۴/۸۶ مگاباز) شامل ژن کاندیدای *RBL2* حدود ۱/۲۴ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی صفت را کنترل می‌کند. در

جدول ۴: پنجره‌های ۱/۵ مگاباز از SNP‌های با بیش از یک درصد واریانس ژنتیکی افزایشی توجیه‌شده مؤثر بر افزایش ضریب تبدیل خوراک و ژن‌های کاندیدا

ژن‌های کاندیدای مرتبط*	میزان واریانس ژنتیکی توجیه‌شده (درصد)	انتها (مگاباز)	شروع (مگاباز)	کروموزوم
<i>LRATD2, MYC,</i>	۳/۰۰	۱۲۶/۷	۱۲۵/۲	۲
<i>SAMD12, TNFRSF11B</i>	۲/۹۵	۱۲۴/۱	۱۲۲/۶	۲
<i>PCDH9</i>	۲/۹۲	۱۴۳/۸	۱۴۲/۳	۱
<i>RNF212, FGFRL1, ATOH8, POLR1A, PTCD3, REEP1, SMYD1</i>	۲/۶۴	۷۷/۸۳	۷۶/۵۷	۴
<i>PTPN4, CLASP1, RALB, TMEM177, MRAS, CNTNAP5</i>	۲/۵۸	۲۲/۲۶	۲۰/۷۸	۷
<i>ADGRG6, OPN3, EXO1, CYP2U1</i>	۱/۹۸	۴۷/۹۴	۴۶/۵۷	۳
<i>LEF1, HADH, SGMS2, PAPSSI, AIMP1, NPNT, PPA2, ACSL, TETS, TACR3, LRP2BP, CFAP97, SLC25A4</i>	۱/۶۳	۳۴/۹	۳۳/۴۳	۴
<i>XKR9, EYA1, MSC, TRPA1, TERF1</i>	۱/۴۵	۱۰۷/۱	۱۰۵/۷	۲
<i>SPTSSA, EAPP, SNX6, CFL2, SRP54, BRMS1L</i>	۱/۲۱	۳۳/۵	۳۲/۳	۵
<i>CHRM2, CHRM3, PIGM</i>	۱/۰۹	۳۲/۸	۳۱/۴	۳
<i>UBE2E2, NKIRAS1, RPL15, NR1D2, THRB</i>	۱/۰۸	۳۴/۵	۳۳/۱	۲
<i>SAMD13, TTLL7, ATRNL1</i>	۱/۰۶	۲۶/۲	۲۴/۷	۶

\* ژن‌های کاندیدای مرتبط با صفت به صورت پررنگ نشان داده شده‌اند.



و ضریب تبدیل خوراک بود. براساس نتایج حاصل از این پژوهش مناطق ژنومی مختلفی مرتبط با بازده مصرف خوراک در بلدرچین ژاپنی شناسایی شد. با توجه به عملکرد بیولوژیکی ژن‌های کاندیدای شناسایی شده در این پژوهش، به نظر می‌رسد این ژن‌ها در بروز فنوتیپی صفات مورد بررسی نقش ایفا می‌کنند، در نتیجه می‌توان کارایی روش تک مرحله‌ای را نیز مورد تأیید قرار داد. هم‌چنین منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار در موقعیت ۳۳-۳۵ مگابازی می‌تواند به‌عنوان یک منطقه ژنومی شامل ژن‌های کاندیدای مؤثر بر توارث صفات مورد بررسی در نظر گرفته شده و در صورت تأیید در مطالعات دیگر، می‌تواند پیشنهاد شود.

### تشکر و قدردانی

این اثر تحت حمایت مادی صندوق حمایت از پژوهش‌گران و فناوران کشور (INSF) برگرفته شده از طرح شماره ۴۰۰۰۳۸۰ انجام شده است.

### تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

### منابع مورد استفاده

1. Aarabi H (2016) Identification of polymorphism in candidate genes and associated with economically traits in Japanese quail. University of Tehran, Karaj, Ph.D. Dissertation. (In persian)
2. Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S and Lawlor TJ (2010) Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. Journal of Dairy Science, 93: 743-752.
3. Christensen OF and Lund MS (2010) Genomic prediction when some animals are not genotyped. Genetics Selection Evolution, 42(1): 42.

منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره شش (۲۶/۷-۲۶/۲ مگاباز) شامل ژن کاندیدای *ATRNL1* بود. در مطالعه پویش کل ژنومی با هدف بررسی معماری ژنتیکی صفت بازدهی خوراک مصرفی در مرغ، ارتباط معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های ژن *ATRNL1* با افزایش وزن بدن و ضریب تبدیل خوراک گزارش شده است [۱۲]. ژن کاندیدای *ATRNL1* نقش کلیدی در تنظیم گیرنده‌های ملانوکورتین، سوخت‌وساز انرژی در ماهیچه‌های اسکلتی و هوموستازی انرژی دارند (UniProtKB).

دیگر منطقه ژنومی مؤثر بر ضریب تبدیل خوراک روی کروموزوم شماره هفت در ناحیه ۲۱ مگابازی شامل ژن کاندیدای *PTPN4* بود. در مطالعه پویش کل ژنومی مرتبط با صفت رفتار تغذیه‌ای و بازدهی خوراک ژن کاندیدای *PTPN4* به‌عنوان ژن مؤثر بر میزان خوراک مصرفی گزارش شده است [۵]. ژن *PTPN4* جزوی از اعضای خانواده ژنی تیروزین فسفاتاز می‌باشد که دارای نقش مرکزی در تنظیم متابولیسم مسیرهای سیگنال‌دهی انسولین و لپتین هستند [۱۸].

نواحی مشترک و هم‌پوشان بین صفات می‌تواند بیانگر ارتباط یا همبستگی ژنتیکی (پلیوتروپی یا پیوستگی) بین صفات باشد. در پژوهش حاضر تعداد چهار منطقه بین صفات مورد بررسی و شناسایی شد. منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار در موقعیت ۳۳/۹-۳۵/۳ مگابازی مؤثر بر افزایش وزن بدن، میزان خوراک مصرفی و ضریب تبدیل خوراک بود. منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره چهار در موقعیت ۷۷/۸-۷۶/۵ مگاباز مؤثر بر افزایش وزن بدن و ضریب تبدیل خوراک بود. منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره پنج در موقعیت ۳۳/۵-۳۲/۳ مگاباز مؤثر بر صفات افزایش وزن بدن و ضریب تبدیل خوراک بود. هم‌چنین منطقه ژنومی روی کروموزوم شماره هفت در موقعیت ۲۲/۲-۲۰/۷ مگاباز مؤثر بر صفات افزایش وزن بدن

4. Du SJ, Rotllant J and Tan X (2006) Muscle-specific expression of the *smyd1* gene is controlled by its 5.3-kb promoter and 5'-flanking sequence in zebrafish embryos. *Developmental Dynamics*, (12): 3306-15.
5. Do DN, Strathe AB, Ostensen T, Jensen J, Mark T and Kadarmideen HN (2013) Genome-wide association study reveals genetic architecture of eating behavior in pigs and its implications for human obesity by comparative mapping. *PLoS One*, 8(8): e71509.
6. Han Y and Peñagaricano F (2016) Unravelling the genomic architecture of bull fertility in Holstein cattle. *BMC genetics*, 17(1): 143.
7. Kang H, Zhao D, Xiang H, Li J, Zhao G and Li H (2021) Large-scale transcriptome sequencing in broiler chickens to identify candidate genes for breast muscle weight and intramuscular fat content. *Genetics Selection Evolution*, 53(1): 66.
8. Khaldari M, Pakdel A, Mehrabani Yeganeh H, Nejati Javaremi A and Berg P (2010) Response to selection and genetic parameters of body and carcass weights in Japanese quail selected for 4-week body weight. *Poultry Science*, 89: 1834-1841.
9. Lu Y, Chen S and Yang N (2013) Expression and methylation of FGF2, TGF- $\beta$  and their downstream mediators during different developmental stages of leg muscles in chicken. *PLoS One*, 8(11): e79495.
10. Mahmoudi Zarandi M, Rokouei M, Vafaye Valleh M and Maghsoudi A (2020) Estimation of genetic parameters for body weight gain and feed efficiency traits in Japanese quail. *Animal production journal*. 22(1): 9-22. (In persian)
11. Misztal I, Tsuruta S, Lourenco D, Aguilar I, Legarra A and Vitezica Z (2018). *Manual for BLUPF90 Family of Programs*, pp. 125. University of Georgia, Athens, GA.
12. Marchesi JAP, Ono RK, Cantão ME, Ibelli AMG, Peixoto JO, Moreira GCM, Godoy TF, Coutinho LL, Munari DP and Ledur MC (2021) Exploring the genetic architecture of feed efficiency traits in chickens. *Scientific Reports*, 11(1): 4622.
13. Nayeri S, Sargolzaei M, Abo-Ismael MK, Miller S, Schenkel F, Moore SS and Stothard P (2017) Genome-wide association study for lactation persistency, female fertility, longevity, and lifetime profit index traits in Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100: 1246-1258.
14. Neijat M, Eck P and House JD (2017) Impact of dietary precursor ALA versus preformed DHA on fatty acid profiles of eggs, liver and adipose tissue and expression of genes associated with hepatic lipid metabolism in laying hens. *Prostaglandins Leukot Essent Fatty Acids*, 119: 1-17.
15. Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, Bender D, Maller J, Sklar P, de Bakker PI, Daly MJ and Sham PC (2007) PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. *The American Journal of Human Genetics*, 81: 559-575.
16. Ran J, Li J, Yin L, Zhang D, Yu C, Du H, Jiang X, Yang C and Liu Y (2021) Comparative Analysis of Skeletal Muscle DNA Methylation and Transcriptome of the Chicken Embryo at Different Developmental Stages. *Frontiers in Physiology*, 12: 697121.
17. Rescan PY (2001) Regulation and functions of myogenic regulatory factors in lower vertebrates. *Comparative Biochemistry and Physiology-Part B: Biochemistry & Molecular Biology*, 130: 1-12.
18. Tsou R and Bence K (2013) Central regulation of metabolism by protein tyrosine phosphatases. *Frontiers in Neuroscience*, 6: 1-11.
19. VanRaden PM (2008) Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91(11): 4414-4423.
20. Wang H, Misztal I, Aguilar I, Legarra A and Muir WM (2012) Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. *Genetics Research*, 94(2): 73-83.
21. Wang H, Misztal I, Aguilar I, Legarra A, Fernando RL, Vitezica Z, Okimoto R, Wing T, Hawken R and Muir WM (2014) Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. *Frontiers in Genetics*, 5: 134.
22. Xiao C, Deng J, Zeng L, Sun T, Yang Z and Yang X (2021) Transcriptome Analysis Identifies Candidate Genes and Signaling Pathways Associated With Feed Efficiency in Xiayan Chicken. *Frontiers in Genetics*, 12: 607719.
23. Xue Q, Zhang G, Li T, Ling J, Zhang X and Wang J (2017) Transcriptomic profile of leg muscle during early growth in chicken. *PLoS One*, 12(3): e0173824.
24. Yang X, Sun J, Zhao G, Li W, Tan X, Zheng M, Feng F, Liu D, Wen J and Liu R (2021) Identification of Major Loci and Candidate Genes for Meat Production-Related Traits in Broilers. *Frontiers in Genetics*, 12: 645107.
25. Zhou C, Li C, Cai W, Liu S, Yin H, Shi S, Zhang Q and Zhang S (2019) Genome-Wide Association Study for Milk Protein Composition Traits in a Chinese Holstein Population Using a Single-Step Approach. *Frontiers in Genetics*, 10: 72.