

توليدات دامی

دوره ۱۸ ■ شماره ۴ ■ زمستان ۱۳۹۵

صفحه‌های ۶۹۷-۷۰۹

مطالعه پویش کل ژنومی صفات کیفی گوشت در جمعیت F_2 حاصل از مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آرین

علی جوانروح علی‌آباد^۱، رسول واعظ ترشیزی^{۲*}، علی اکبر مسعودی^۳، علیرضا احسانی^۳

۱. دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران - ایران

۲. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران - ایران

۳. استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران - ایران

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۵/۰۲/۱۲

تاریخ وصول مقاله: ۱۳۹۴/۱۲/۲۲

چکیده

در این تحقیق، به منظور شناسایی جایگاه‌ها و ژن‌های مرتبط با صفات کیفیت گوشت، مطالعه پویش کل ژنوم (GWAS) با استفاده از یک تراشه SNP ژنوم مرغ (Illumina 60k Chicken SNP Beadchip) در یک جمعیت F_2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی آذربایجان غربی و لاین B سویه گوشتی آرین انجام شد. برای هر پرنده، صفات شامل: ظرفیت نگهداری آب، رنگ گوشت (روشنایی، قرمزی و زردی)، میزان نیروی برشی و pH نهایی گوشت اندازه‌گیری شد. با استفاده از دو مدل خطی معمول (GLM) و مدل خطی مختلط فشرده (Compressed MLM) ارتباط هر یک SNPها با صفات کیفیت گوشت بررسی شد. در مجموع تعداد ۳۶ نشانگر SNP در سطح احتمال پیشنهادی و معنی‌داری برای صفات کیفیت گوشت شناسایی شد که تعداد ۳ نشانگر SNP با روش Compressed MLM برای صفت فاکتور زردی گوشت و تعداد ۱۸ نشانگر SNP با روش GLM برای صفات فاکتور زردی گوشت، pH نهایی گوشت، ظرفیت نگهداری آب و میزان نیروی برشی معنی‌دار شدند. ژن‌های کاندیدای شناسایی‌شده، عملکرد مولکولی مرتبط با صفات کیفیت گوشت داشتند. بنابراین می‌توان از این ژن‌های کاندیدا در برنامه‌های اصلاحی طیور استفاده قرار داد.

کلیدواژه‌ها: جمعیت نسل دوم، ژن‌های کاندیدا، صفات کیفیت گوشت، مطالعه پویش کل ژنومی، مرغ

مقدمه

در طول دهه‌های گذشته برنامه‌های اصلاح نژاد مرغ‌های گوشتی به‌طور عمده برای بهبود دو صفت تولیدی شامل: افزایش سرعت رشد و بهبود بازده غذایی در جوجه‌های گوشتی بوده است. پیشرفت ژنتیکی در سرعت رشد، با افزایش ذخیره چربی در بدن همراه می‌باشد. از طرف دیگر، این افزایش سرعت رشد با توسعه قلب و ریه‌ها متناسب نبوده و لذا مشکلاتی از جمله افزایش بیش از حد ذخیره چربی، اختلالات متابولیکی و کاهش کیفیت گوشت تولیدی به‌وجود آورده و سبب افزایش بخش غیرخوراکی توسط مصرف‌کنندگان شده است [۱۶].

کیفیت گوشت، خواص مختلف گوشت شامل: ظرفیت نگهداری آب، شدت و یکنواختی رنگ گوشت و استحکام گوشت را در برمی‌گیرد. کیفیت گوشت ارتباط نزدیکی با میزان کاهش pH گوشت پس از ذبح دارد. جمود نعشی سریع باعث کاهش pH گوشت می‌شود که نتیجه آن گوشت با رنگ روشن و نرم می‌باشد و بدین ترتیب ظرفیت نگهداری آب گوشت کاهش می‌یابد، درحالی‌که pH نهایی بالاتر، منجر به گوشت تیره و سفت شده و باعث کاهش کیفیت گوشت می‌گردد [۲]. برای بسیاری از صفات و به‌طور ویژه برای صفات کیفیت گوشت که کمتر تحت تأثیر انتخاب بوده‌اند، تنوع ژنتیکی در داخل و بین جمعیت‌های طیور بالا است. این تنوع در بسیاری از نژادها و لاین‌های انتخابی در طول ۲۰ سال گذشته از طریق شناسایی جایگاه‌های صفات کمی (QTLs) مورد مطالعه قرار گرفته است و تعداد زیادی QTL برای بسیاری از صفات مرغ بر روی کروموزوم‌های مختلف شناسایی شده است. با توجه به مشکل اندازه‌گیری صفات مربوط به کیفیت لاشه و ترکیبات بدن، شناسایی و استفاده از جایگاه‌های صفات کمی در برنامه‌های انتخاب، باعث پیشرفت ژنتیکی سریع‌تر می‌گردد.

در سال‌های اخیر تعداد بسیار زیادی جهش تک‌نوکلئوتیدی یا SNP در سطح ژنوم شناسایی شده است که امکان تهیه نقشه ژنتیکی با تراکم خیلی بالا فراهم شده است. از طرف دیگر، با پیشرفت‌های به‌وجود آمده برای تعیین ژنوتیپ با توان عملیاتی بالا، تراشه‌های SNP با تراکم بالا برای ژنوم مرغ در دسترس می‌باشد که امکان پوشش کامل ژنوم وجود دارد. تلاش‌های زیادی برای شناسایی نشانگرهای مولکولی و ژن‌های مرتبط با صفات کمی با استفاده از مطالعه پویش ژنومی در دام‌های اهلی به‌وجود آمده است. مطالعه پویش ژنومی می‌تواند به شناسایی دقیق ژن‌ها و واریانت‌های مرتبط با صفات اقتصادی کمک کند. این اطلاعات می‌تواند برای انتخاب به کمک نشانگر مفید بوده و به درک مکانیسم مولکولی صفات مورد مطالعه کمک نماید. تعداد محدودی مطالعه پویش ژنومی در ارتباط با صفات کیفیت گوشت در مرغ انجام شده است [۱۳، ۱۶ و ۲۳].

هدف از انجام پژوهش حاضر، شناسایی جایگاه‌ها و ژن‌های مرتبط با صفات کیفیت گوشت در یک جمعیت F_2 حاصل از تلاقی دوطرفه مرغ بومی ارومیه و لاین B سویه گوشتی آرین می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق با توجه به اینکه والدین انتخابی باید از نظر بسیاری از صفات موردنظر اختلاف فنوتیپی داشته باشند، لاین B سویه گوشتی آرین و مرغ بومی آذربایجان غربی انتخاب شدند. برای ایجاد نسل F_1 از آمیزش دوطرفه استفاده شد. از آمیزش دو خروس با ۸ مرغ به صورت دوطرفه (یک خروس به ازای ۴ مرغ) نسل F_1 ایجاد شد. از طرف دیگر، به دلیل جثه متفاوت دو گروه والدینی، از روش تلقیح مصنوعی برای تولید جوجه‌های نسل اول استفاده شد. تعداد ۳۲ مرغ با رعایت کمترین رابطه خویشاوندی به همراه هشت خروس انتخابی جهت ایجاد

تولیدات دامی

افزار PLINK 1.07 [۱۵] و با استفاده از مقیاس گذاری چندبعدی (آنالیز MDS) بررسی شد. تعداد SNP مستقل براساس همه کروموزوم‌های غیرجنسی با استفاده از اندازه پنجره ۳۰ نشانگر SNP با گام‌های پنج‌تایی و r^2 با سطح آستانه ۰/۲ انجام شد. با استفاده از تعداد SNP مستقل، ماتریس تشابه ناشی از موقعیت ژنومی (IBS) محاسبه شد و براساس این ماتریس اجزای MDS برآورد گردید. همچنین، ماتریس خویشاوندی ژنومی با استفاده از نشانگرهای SNP مستقل تشکیل شد [۱۹]. آماره‌های توصیفی رکوردهای فنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار Minitab (نسخه ۱۶) آنالیز شدند.

پس از انجام کنترل کیفی بر روی داده‌های ژنومی و رکوردهای فنوتیپی، مطالعه پویش ژنومی با استفاده از نرم‌افزار Tassel 5.0 [۳] به ترتیب برای مدل‌های ۱ و ۲ انجام شد [۲۲]. مدل ۱ مربوط به مدل خطی معمول یا GLM و مدل ۲ مربوط به مدل خطی مختلط فشرده یا Compressed MLM می‌باشد. در رویه Compressed MLM، با استفاده از الگوریتم خوشه‌بندی افراد جمعیت گروه-بندی می‌شوند. به این ترتیب در این مدل، روابط خویشاوندی بین گروه‌ها به جای روابط خویشاوندی هر جفت از افراد برای اثرات تصادفی در نظر گرفته می‌شود و ابعاد ماتریس خویشاوندی کاهش می‌یابد. در نتیجه سرعت محاسبات و قدرت آماری برای آنالیز مطالعه پویش کل ژنومی بهبود می‌یابد. در هر دو مدل اولین جزء MDS به عنوان یک عامل کواریت (اثر کمکی)، جنس و نوبت جوجه‌کشی به عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شد. در رویه Compressed MLM، اثرات پلی‌ژنیک به عنوان اثر تصادفی در نظر گرفته شد.

$$Y_{ijkl} = \mu + C1_i + S_j + H_k + G_l + e_{ijkl} \quad \text{رابطه (۱)}$$

$$\text{رابطه (۲)}$$

$$Y_{ijklm} = \mu + C1_i + S_j + H_k + G_l + U_m + e_{ijklm}$$

نسل دوم انتخاب و در جایگاه‌های جداگانه پرورش داده شدند. آمیزش مرغ‌های نسل اول با خروس انتخابی به صورت جفت‌گیری طبیعی انجام گرفت. برای ایجاد جمعیت نسل دوم دو بار جوجه‌کشی انجام گرفت (دو هج) و به این ترتیب تعداد ۹۶ پرنده نسل F_2 ایجاد شد. این پرنده‌ها با استفاده از ۳ جیره آغازین، رشد و پایداری به مدت ۱۲ هفته تغذیه و سپس کشتار شدند. به منظور ارزیابی کیفیت گوشت، نمونه‌های گوشت از هر پرنده تهیه و در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. صفات کیفی گوشت نظیر: ظرفیت نگهداری آب، رنگ گوشت (روشنایی، قرمزی و زردی)، میزان نیروی برشی و pH نهایی گوشت در آزمایشگاه اندازه‌گیری شد [۲].

به منظور مطالعه پویش ژنومی ابتدا نمونه‌های خون از پرنده‌های نسل دوم تهیه شد و پس از استخراج DNA ژنومی و اطمینان از کیفیت مطلوب نمونه‌های DNA، با آب دوبار تقطیر غلظت هر یک از نمونه‌های DNA با ۵۰ نانوگرم در هر میکرولیتر رقیق شدند. با استفاده از یک تراشه SNP تجاری ژنوم مرغ (SNP Beadchip Illumina 60k Chicken) هر یک از افراد، تعیین ژنوتیپ شدند. پس از کنترل کیفی داده‌های اولیه، تعداد ۳ پرنده به دلیل اینکه بیش از ۱۰ درصد ژنوتیپ از دست رفته داشتند، حذف شدند. سپس با در نظر گرفتن SNP‌های با حداقل فراوانی آلی کمتر از ۳ درصد، SNP‌هایی که در کمتر از ۹۵ درصد افراد تعیین ژنوتیپ شده بودند و SNP‌هایی که در جمعیت مورد مطالعه در سطح احتمال کمتر از 10^{-6} در تعادل هاردی-واینبرگ نبودند، تعداد ۷۸۷۱ نشانگر SNP حذف شدند. در نهایت تعداد ۴۶۴۶۹ نشانگر SNP مربوط به ۲۹ جفت کروموزوم (۲۸ جفت کروموزوم غیرجنسی و یک جفت کروموزوم جنسی) و دو گروه لینکاژی (LGE22 و LGE64) برای آنالیزهای نهایی مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۱). ساختار جمعیتی با استفاده از نرم-

تولیدات دامی

P-value تعداد SNP مستقل و بلوک‌های LD بر روی کروموزوم‌های غیرجنسی محاسبه شد. برای این کار، از مجموعه SNP‌های مجاور با مقادیر r^2 بالاتر از ۰/۴ استفاده شد. در مجموع تعداد ۱۱۲۹۷ نشانگر SNP مستقل و بلوک‌های LD به دست آمد. دو سطح آستانه احتمال شامل سطح احتمال معنی‌داری ($10^{-6} \times 4/426$) و سطح احتمال پیشنهادی ($10^{-5} \times 8/851$) برای P-value در سطح ژنوم مشخص شد. براساس نتایج P-value، پلات منهن و پلات Q-Q برای هر یک از صفات کیفیت گوشت با استفاده از بسته qqman نرم‌افزار R 3.2.2 ترسیم شد [۱۷].

در این رابطه‌ها، Y_{ijklm} ارزش فنوتیپی صفات، μ میانگین صفات، Cl_i اثر اولین جزء MDS، S_j اثر جنس، H_k اثر نوبت جوجه‌کشی، G_l اثر SNP، U_m مربوط به اثرات تصادفی پلی‌ژنیک و e_{ijkl} و e_{ijklm} اثر تصادفی باقیمانده می‌باشند. ساختار واریانس - کوواریانس اثرات پلی‌ژنیک به صورت $U_m \sim N(0, G\delta^2 a)$ بوده که G ماتریس خویشاوندی ژنومی و $\delta^2 a$ واریانس ژنتیکی افزایشی می‌باشد.

مقدار P-value با روش بنفرونی با سطح معنی‌داری ۵ درصد که برای عدم تعادل پیوستگی (LD) در سطح ژنوم تصحیح شده بود، محاسبه شد. به منظور تعیین سطح آستانه

جدول ۱. تعداد نشانگرهای SNP قبل و بعد از کنترل کیفی

تعداد کل نشانگر SNP قبل از کنترل کیفی	تعداد کل نشانگر SNP بعد از کنترل کیفی
۵۴۳۴۰	۷۵۴۶
	۴۰۱
	۰
	۳

نظر می‌رسد این ژن از طریق اتصال آهن دوظرفیتی در پروتئین میوگلوبین عضلات نقش داشته باشد. نشانگر Gga_rs16536585 بر روی کروموزوم شش و در داخل ژن‌های CTNNA3 و LRRTM3 قرار گرفته است. این دو ژن نقش خاصی در ارتباط با صفت رنگ گوشت ندارند، اما ژن DNAJC12 در ناحیه بالادست SNP پیشنهادی قرار گرفته است که در اتصال مستقیم یون‌های فلزی به پروتئین هدف فعالیت می‌کند [۲۱]. همچنین، نشانگر Gga_rs14059418 در موقعیت ۱۰/۳۴ میلیون بازی، بر روی کروموزوم ۱۳ و با فاصله ۷۷/۱۲ کیلوبازی در بالادست ژن EBF1 قرار گرفته است. EBF1 در اتصال یون‌های فلزی نقش ایفا می‌کند [۱۲].

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی صفات کیفیت گوشت اندازه‌گیری شده در نسل F_2 در جدول ۲ نشان داده شده است. نتایج آنالیز GWAS برای صفت رنگ گوشت (فاکتور قرمزی گوشت) با استفاده از مدل GLM، وجود ۳ نشانگر SNP را در سطح احتمال پیشنهادی ($10^{-5} \times 8/851$) بر روی کروموزوم‌های ۶، ۱۳ و ۱۴ را نشان داد (جدول ۳). نشانگر GGAluGA102453 در موقعیت ۱۲/۷ میلیون بازی، بر روی کروموزوم ۱۴ و در داخل ژن HS3ST4 قرار گرفته است. این ژن انتقال گروه سولفات به گروه هیدروکسیل را کاتالیز می‌کند. در پایین دست این ژن، ژن KDM8 با فاصله ۱۳۹/۲۰ کیلوبازی از نشانگر مورد نظر قرار گرفته است که یکی از نقش‌های اصلی این ژن اتصال‌دهنده فلزات سنگین بوده و به عنوان کوفاکتور Fe^{2+} عمل می‌کند [۲۴]. لذا به

تولیدات دامی

مطالعه پویش کل ژنومی صفات کیفی گوشت در جمعیت F_2 حاصل از مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آربین

جدول ۲. آماره‌های توصیفی رکوردهای فنوتیپی صفات کیفیت گوشت

ضرب تغییرات	حداکثر	حداقل	انحراف معیار	میانگین	صفت
۴۸/۸۱	۶/۷۲	۰/۰۰	۱/۳۷۸	۲/۸۲۴	فاکتور قرمزی گوشت
۱۳/۲۳	۱۶/۷۷	۷/۱۹	۱/۳۲۵	۱۰/۰۲	فاکتور زردی گوشت
۵/۵۲	۵۷/۵۳	۴۴/۱۴	۲/۸۸	۵۲/۳۴	فاکتور سفیدی گوشت
۳۹/۰۱	۹/۸۴	۱/۷۱	۱/۷۰	۴/۳۷	ظرفیت نگهداری آب (درصد)
۵/۶۸	۶/۲۱	۵/۰۵	۰/۳۱	۵/۵۴	pH نهایی گوشت
۴۷/۱۷	۷۵/۹۰	۸/۷۸	۱۰/۸۳	۲۲/۹۶	نیروی برشی (نیوتن بر سانتی متر مربع)

جدول ۳. موقعیت SNP و ژن‌های مرتبط براساس سطح معنی‌داری برای صفت رنگ گوشت (فاکتور قرمزی) با روش GLM

-log10(p)	P-value	نام ژن	موقعیت و فاصله SNP نسبت به ژن	نوع آلل	موقعیت ژنومی SNP (جفت باز)	شماره کروموزوم	نام SNP
۴/۳۶	$۴/۳۲ \times ۱۰^{-۵}$	HS3ST4	داخل ژن	A/G	۷۱۲۴۴۹۷	۱۴	GGaluga102453
۴/۲۵	$۵/۶۷ \times ۱۰^{-۵}$	CTNNA3-LRRTM3	داخل ژن	A/G	۶۲۹۸۷۵۸	۶	Gga_rs16536585
۴/۱۷	$۶/۷۸ \times ۱۰^{-۵}$	EBF1	پایین دست - ۷/۱۲ کیلوباز	C/T	۱۰۳۴۱۳۱۳	۱۳	Gga_rs14059418

انتقال پیام و ایجاد کانال‌های یونی نقش ایفا می‌کند [۴]. بیشترین میزان بیان ژن ARHGAP8 مربوط به عضلات اسکلتی می‌باشد و لذا به نظر می‌رسد با تبادل یونی در ایجاد رنگ گوشت نقش داشته باشد. عملکرد ژن KIAA1644 در دام‌های اهلی و طیور مشخص نشده است. ژن WNT7B عملکرد مختلفی شامل: تمایز سلول‌های عضلات صاف، شکل‌دهی غضروف، تمایز فیبروبلاست و پاسخ سلولی به اسید رتینوئیک دارد. اسید رتینوئیک یک متابولیت از ویتامین A (رتینول) می‌باشد. این ویتامین در رشد سلول‌های اپیتلیال نقش دارد و ترکیبی از آن به نام رتینوئید، مسئول ایجاد رنگ زرد در سلول‌ها می‌باشد [۲۴]. نشانگر SNP معنی‌دار GGAluga300726 به همراه دو

برای صفت رنگ گوشت (فاکتور زردی)، تعداد ۳ نشانگر SNP معنی‌دار با استفاده از مدل Compressed MLM شناسایی شد (جدول ۴). این SNP‌های معنی‌دار بر روی کروموزوم‌های یک و شش قرار دارند. نشانگرهای معنی‌دار GGAluga024649 و Gga_rs13884143 به همراه یک نشانگر پیشنهادی به نام Gga_rs13885659، یک محدوده ۱/۶ میلیون بازی را بر روی کروموزوم یک تشکیل می‌دهند. این نشانگرها به ترتیب در بالادست ژن PRR5، داخل ژن KIAA1644 و پایین‌دست ژن WNT7B قرار گرفته‌اند. ژن PRR5 در تنظیم رشد سلولی نقش دارد. در ناحیه پایین‌دست این ژن، ژن ARHGAP8 قرار دارد که در تنظیم فعالیت آنزیم GTPase نقش دارد. این آنزیم در

تولیدات دامی

دوره ۱۸ ■ شماره ۴ ■ زمستان ۱۳۹۵

گلوبولین با مولکول‌های اکسیژن، کربن، نیتروژن، گوگرد و هیدروژن باعث تغییر رنگ گوشت می‌شود، لذا به نظر می‌رسد این ژن نیز در تغییر رنگ گوشت نقش داشته باشد. ژن ADARB2 در پیوند یون‌های فلزی مشارکت دارد [۷]. باتوجه به نقش یون‌های فلزی از جمله یون آهن در ایجاد رنگ گوشت، احتمالاً این ژن نیز در فرایند رنگ گوشت نقش دارد.

همچنین، نشانگرهای پیشنهادی Gga_rs16507038 و Gga_rs14547172 بر روی کروموزوم پنجم، یک محدوده ۱/۵۹ میلیون بازی را تشکیل می‌دهند. این نشانگرها به ترتیب در داخل ژن EVL و پایین دست ژن CDC42BPB قرار گرفته‌اند. ژن EVL در پلیمریزه کردن و تجزیه پروتئین اکتین در سلول‌های عضلانی نقش دارد [۶]. باتوجه به نقش پروتئین اکتین در اتصال به پروتئین میوزین و ایجاد نوارهای روشن و تیره در فیبرهای عضلانی، می‌توان به نقش این ژن در ارتباط با رنگ گوشت پی برد. ژن CDC42BPB نیز در سازماندهی پروتئین اکتین در سلول‌های عضلانی، سازماندهی ساختار پروتئین‌های اکتین و میوزین، در اتصال مولکول ATP و فسفوریلاسیون پروتئین‌ها و همچنین اتصال یون‌های فلزی نقش دارد [۲۴]. لذا این ژن هم می‌تواند در ایجاد رنگ گوشت نقش داشته باشد. پلات منهن برای صفت رنگ گوشت (فاکتور زردی) با روش Compressed MLM در شکل ۱ نشان داده شده است.

برای صفت رنگ گوشت (فاکتور روشنایی)، با روش GLM تعداد چهار SNP پیشنهادی بر روی کروموزوم‌های دو، ۱۵ و ۲۶ شناسایی شد (جدول ۵). نشانگرهای Gga_rs15235010 و Gga_rs14300199 یک محدوده ژنومی ۷۳/۸۷ کیلوبازی را بر روی کروموزوم ۲۶ تشکیل می‌دهند. این نشانگرها به ترتیب در داخل ژن‌های RSBN1 و SYT6 قرار گرفته‌اند. برای ژن RSBN1 عملکرد

نشانگر پیشنهادی دیگر Gga_rs16548338 و Gga_rs14579437 بر روی کروموزوم شش، یک محدوده ۲/۰۵ میلیون بازی را تشکیل می‌دهند. این نشانگرها به ترتیب در داخل ژن FAS، پایین دست ژن PAX2 و پایین دست ژن RBP3 قرار گرفته‌اند. ژن FAS در طیور باعث تشکیل اسیدهای چرب زنجیر بلند از مولکول‌های استیل کوآنزیم‌آ و مالونیل کوآنزیم‌آ می‌شود [۱۱]. ژن PAX2 نیز عملکردهای مختلفی از جمله: پاسخ سلولی به تحریک مکانیکی، همکاری در واکنش‌های احیاء با اکسیژن و توسعه رنگدانه رتینال در سلول‌های اپیتلیال دارد [۵].

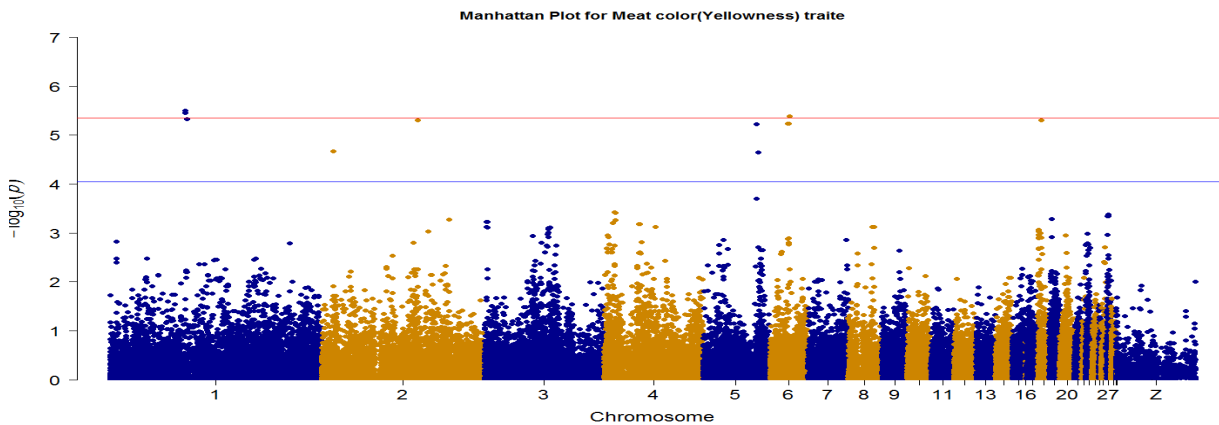
ژن RBP3 ژن اختصاصی برای ایجاد رنگدانه می‌باشد که باعث ایجاد رنگ زرد و نارنجی می‌شود. همچنین این ژن در متابولیسم چربی‌ها نقش ایفا می‌کند [۵]. نشانگر پیشنهادی Gga_rs15038344 در موقعیت ۳/۶۱ میلیون بازی، بر روی کروموزوم ۱۸ و در پایین دست ژن OGFOD3 قرار گرفته است و با صفت رنگ زردی گوشت ارتباط دارد. ژن OGFOD3 دارای نقش کوفاکتوری جهت پیوند یون آهن دو ظرفیتی می‌باشد. همچنین این ژن دارای فعالیت دی‌اکسی ژناز و اکسیدوردوکتاز می‌باشد [۱]. دو نشانگر پیشنهادی Gga_rs16059979 و GGAluGA133538 بر روی دو موقعیت مختلف کروموزوم دو قرار دارند (به ترتیب در موقعیت‌های ۸۹/۱۹ و ۱۰/۸۶ میلیون بازی). این دو نشانگر به ترتیب در بالادست ژن ERP44 و پایین دست ژن ADARB2 قرار دارند. عملکرد بیولوژیکی ژن ERP44 شامل: کاتالیز پیوند دی‌سولفیدی در داخل و بین زنجیره‌های پروتئینی، فراهم کردن شرایط اکسیداسیون - احیاء در سلول، همکاری در تشکیل ساختار سوم پروتئین‌ها و ایجاد منفذ خاص در سطح غشای سلول می‌باشد [۶]. باتوجه به اینکه واکنش‌های اکسیداسیون و احیای یون آهن در مولکول

تولیدات دائمی

مطالعه پویش کل ژنومی صفات کیفی گوشت در جمعیت F_2 حاصل از مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آرین

منفذهای انتقال مولکول در سطح غشای سلولی و اتصال فسفولیپیدهای حاوی کلسیم در سطح سلول می‌باشد [۱۰]. از طرف دیگر، یک QTL در موقعیت ۲/۶ میلیون بازی بر روی کروموزوم ۲۶ وجود دارد که تقریباً یک میلیون باز از دو نشانگر شناسایی شده در این تحقیق فاصله دارد و با صفت رنگ گوشت ارتباط دارد [۲۱].

مشخصی در طیور و سایر گونه‌ها گزارش نشده است، اما در بالادست این ژن، با فاصله ۱۰۹/۱۰ کیلوبازی از نشانگر موردنظر، ژن SLC16A1 قرار دارد که انتقال چربی در غشای پلاسما را کاتالیز می‌کند. این ژن باعث افزایش بافت چربی سفید می‌شود [۲۱]. لذا به نظر می‌رسد این ژن در ایجاد رنگ سفید گوشت مؤثر باشد. عملکرد ژن SYT6 شامل: ایجاد



شکل ۱. پلات منهن ترسیم شده برای صفت رنگ گوشت (فاکتور زردی) با روش Compressed MLM

جدول ۴. موقعیت SNP و ژن‌های مرتبط بر اساس سطح معنی‌داری برای صفت رنگ گوشت (فاکتور زردی) با روش Compressed MLM

-log10(p)	P-value	نام ژن	موقعیت و فاصله SNP نسبت به ژن	نوع آلل	موقعیت ژنومی SNP (جفت باز)	شماره کروموزوم	نام SNP
۵/۴۹	$3/19 \times 10^{-6}$	<u>PRR5</u>	بالادست - ۲۵/۷۵ کیلوباز	C/T	۶۹۸۲۶۵۵۴	۱	Gga_rs13884143
۵/۴۵	$3/54 \times 10^{-6}$	KIAA1644	داخل ژن	C/T	۶۹۴۳۲۲۵۲	۱	GGaluGA024649
۵/۳۳	$4/67 \times 10^{-6}$	<u>WNT7B</u>	پایین‌دست - ۲۲/۱۷ کیلوباز	C/T	۷۱۰۳۶۴۷	۱	Gga_rs13885659
۵/۳۸	$4/09 \times 10^{-6}$	FAS	داخل ژن	C/T	۱۸۸۰۴۴۴۹	۶	GGaluGA300726
۵/۲۳	$5/80 \times 10^{-6}$	<u>PAX2</u>	پایین‌دست - ۲۸/۱۲ کیلوباز	A/G	۱۶۷۵۲۷۱۹	۶	Gga_rs16548338
۵/۲۳	$5/83 \times 10^{-6}$	<u>RBP3</u>	پایین‌دست - ۶۴/۴۱ کیلوباز	C/T	۱۷۶۰۷۲۹۰	۶	Gga_rs14579437
۵/۳۰	$4/91 \times 10^{-6}$	<u>OGFOD3</u>	پایین‌دست - ۸۹/۸۹ کیلوباز	C/T	۳۶۱۵۸۴۲	۱۸	Gga_rs15038344
۵/۳۰	$4/92 \times 10^{-6}$	<u>ERP44</u>	بالادست - ۸۳/۷۰ کیلوباز	A/G	۸۹۱۹۸۰۵۲	۲	Gga_rs16059979
۴/۶۷	$2/12 \times 10^{-5}$	<u>ADARB2</u>	پایین‌دست - ۱۲۶/۷۸ کیلوباز	A/G	۱۰۸۶۳۲۲۱	۲	GGaluGA133538
۵/۲۲	$5/90 \times 10^{-6}$	EVL	داخل ژن	A/C	۴۸۳۷۶۳۴۸	۵	Gga_rs16507038
۴/۶۴	$2/24 \times 10^{-5}$	<u>CDC42BPB</u>	پایین‌دست - ۷۵/۰۱ کیلوباز	C/T	۴۹۹۱۳۸۱۹	۵	Gga_rs14547172

تولیدات دامی

دوره ۱۸ ■ شماره ۴ ■ زمستان ۱۳۹۵

کروموزوم شماره دو قرار گرفته است. تنظیم فعالیت آنزیم GTPase و همکاری در انتقال پیام و ایجاد کانال‌های یونی از وظایف مولکولی ژن PREX2 می‌باشد [۹]. از طرفی، یک QTL در محدوده ژنومی ۱۲۰/۳-۱۰۸/۹ میلیون بازی، بر روی کروموزوم دو وجود دارد که با صفت رنگ گوشت ارتباط دارد [۱۸]. لذا به نظر می‌رسد این ژن با تبادل یونی در تغییر رنگ گوشت مؤثر باشد.

نشانگر Gga_rs14090620 بر روی کروموزوم ۱۵ و در داخل ژن KDM2B قرار گرفته است. این ژن دارای چند جایگاه اتصال آهن دوظرفیتی بوده و به عنوان کوفاکتور Fe^{2+} عمل می‌کند [۸]. باتوجه به نقش کوفاکتوری این ژن در اتصال یون آهن، به نظر می‌رسد این ژن نیز در فرایند اکسیداسیون-احیاء یون آهن در مولکول گلوبولین و تغییر رنگ گوشت مشارکت داشته باشد. همچنین، نشانگر Gga_rs14239031 در داخل ژن PREX2 و بر روی

جدول ۵. موقعیت SNP و ژن‌های مرتبط براساس سطح معنی‌داری برای صفت رنگ گوشت (فاکتور روشنایی) با روش GLM

نام SNP	شماره کروموزوم	ژنومی SNP (جفت باز)	نوع آلل	موقعیت و فاصله SNP نسبت به ژن	نام ژن	P-value	-log10(p)
Gga_rs14300199	۲۶	۳۶۷۶۷۱۸	C/T	داخل ژن	RSBN1	$6/39 \times 10^{-5}$	۴/۱۹
Gga_rs15235010	۲۶	۳۷۵۰۵۹۲	C/T	داخل ژن	SYT6	$7/92 \times 10^{-5}$	۴/۱۰
Gga_rs14090620	۱۵	۵۵۵۹۶۵۰	A/G	داخل ژن	KDM2B	$2/43 \times 10^{-5}$	۴/۶۱
Gga_rs14239031	۲	۱۱۵۳۹۲۰۰۷	C/T	داخل ژن	PREX2	$8/21 \times 10^{-5}$	۴/۰۸

کروموزوم ۲۵ و در داخل ژن LOC100858504 قرار گرفته است. این ژن متعلق به گروه ژنی کراتین طیور می‌باشد و در تشکیل ساختار سلول‌های عضلانی و پرنفش دارند [۱۱]. میزان بیان این ژن در سلول‌های عضلانی بالا می‌باشد و لذا ممکن است این ژن به طور غیرمستقیم بر روی این صفت مؤثر باشد. نشانگر GGaluga061287 در موقعیت ۱۸۵/۳ میلیون بازی، بر روی کروموزوم یک و در داخل ژن SLC36A4 قرار گرفته است. این ژن به عنوان انتقال‌دهنده اسیدهای آمینه تریپتوفان، آلانین و پرولین در سطح غشای سلول عمل می‌کند و برای انجام فعالیت نیاز به pH مناسب دارد [۱۰]. نشانگر Gga_rs13952858 در موقعیت ۱۴۴/۲۱ میلیون بازی، بر روی کروموزوم یک و در داخل ژن FARP1 قرار گرفته است. این ژن نیز با تنظیم

pH نهایی گوشت یکی از فاکتورهای مهم کیفیت گوشت می‌باشد که قابلیت حل پروتئین و ظرفیت نگهداری آب را تحت تأثیر قرار می‌دهد. نتایج آنالیز GWAS برای صفت pH نهایی گوشت با استفاده از روش GLM وجود یک SNP معنی‌دار بر روی کروموزوم شماره دو را نشان داد. نشانگر Gga_rs14239031 در موقعیت ۱۱۵/۴ میلیون بازی، بر روی کروموزوم دو و در داخل ژن PREX2 قرار گرفته است. لذا، این ژن در تنظیم فعالیت آنزیم GTPase و در انتقال پیام و ایجاد کانال‌های یونی به داخل سلول نقش ایفا می‌کند [۲۴]. تعداد شش نشانگر SNP در سطح احتمال پیشنهادی بر روی کروموزوم‌های ۱، ۳، ۷ و ۲۵ شناسایی شد (جدول ۶). نشانگر Gga_rs16074635 در موقعیت ۰/۸۶ میلیون بازی، بر روی

تولیدات دامی

مطالعه پویش کل ژنومی صفات کیفی گوشت در جمعیت F_2 حاصل از مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آرین

[۱۱]. نشانگر Gga_rs13599025 بر روی کروموزوم هفت و در داخل ژن NCKAP5 قرار گرفته است. این ژن در تشکیل دوک و سازماندهی میکروتوبول در تقسیم سلولی نقش دارد، اما ژن GPR39 با فاصله ۳۴۰/۶۲ کیلوبازی، در ناحیه پایین دست این نشانگر قرار دارد. این ژن در ترشح انسولین در پاسخ به تحریک گلوکز نقش تنظیمی مثبت دارد. همچنین در پایداری گلوکز، تنظیم بار الکتریکی غشای سلولی و اتصال یونهای فلزی نقش ایفاء می‌کند [۴]. یک QTL در محدوده ژنومی ۲۸/۷-۲۲/۹ میلیون بازی بر روی کروموزوم هفت وجود دارد که با صفت pH عضله سینه ارتباط دارد [۲۰]. ژن GPR39 با فاصله ۰/۵ میلیون بازی در نزدیکی این QTL قرار گرفته است. با توجه به نقش ژنهای شناسایی شده در تنظیم بار الکتریکی، ایجاد کانالهای یونی، ترشح انسولین و انتقال گروه فسفات به نظر می‌رسد که این ژن‌ها با صفت pH نهایی گوشت ارتباط داشته باشند.

فعالیت آنزیم GTPase، در انتقال مواد و یون‌ها به داخل سلول نقش دارد [۱۲]. یک QTL در محدوده ژنومی ۱۴۹/۸-۱۲۰/۳ میلیون بازی بر روی کروموزوم یک وجود دارد که با صفت pH عضله سینه در مرغ ارتباط دارد [۱۴]. نشانگر GGaluGA219038 بر روی کروموزوم سه و در داخل ژن FGFR1OP قرار دارد. عملکرد اصلی ژن FGFR1OP در فعال نمودن آنزیم‌های پروتئین کیناز می‌باشد که انتقال گروه فسفات از مولکول ATP به پروتئین هدف را کاتالیز می‌کند [۱۶]. با توجه به بیان بالای این ژن در سلولهای عضلانی و نقش این ژن در انتقال گروه فسفات، احتمالاً این ژن در تغییرات pH عضلات نقش دارد. نشانگر GGaluGA216427 بر روی کروموزوم سه و در داخل ژن LOC101750782 قرار دارد. این ژن نقش خاصی در طیور ندارد، اما ژن AKT3 با فاصله ۰/۳۸ میلیون بازی از نشانگر در ناحیه پایین دست قرار دارد. این ژن به عنوان تنظیم‌کننده هورمون انسولین عمل کرده و باعث سنتز گلیکوژن و مصرف گلوکز در بدن می‌شود

جدول ۶. موقعیت SNP و ژنهای مرتبط براساس سطح معنی‌داری برای صفت pH نهایی گوشت با روش GLM

نام SNP	شماره کروموزوم	موقعیت ژنومی SNP (جفت باز)	نوع آلل	موقعیت و فاصله SNP نسبت به ژن	نام ژن	P-value	$-\log_{10}(p)$
Gga_rs14239031	۲	۱۱۵۳۹۲۰۰۷	C/T	داخل ژن	PREX2	$۳/۳۱ \times ۱۰^{-۷}$	۶/۴۸
Gga_rs16074635	۲۵	۸۶۳۷۲۲	A/G	داخل ژن	LOC100858504	$۴/۹۲ \times ۱۰^{-۶}$	۵/۳۱
GGaluGA061287	۱	۱۸۵۲۸۵۹۸۲	A/G	داخل ژن	SLC36A4	$۴/۹۰ \times ۱۰^{-۵}$	۴/۳۱
Gga_rs13952858	۱	۱۴۴۲۱۰۴۷۶	A/G	داخل ژن	FARP1	$۲/۱۱ \times ۱۰^{-۵}$	۴/۶۸
GGaluGA219038	۳	۴۱۸۰۲۸۲۰	C/T	داخل ژن	FGFR1OP	$۱/۵۷ \times ۱۰^{-۵}$	۴/۸۰
GGaluGA216427	۳	۳۴۶۹۹۸۹۴	A/G	داخل ژن	LOC101750782	$۷/۰۷ \times ۱۰^{-۵}$	۴/۱۵
Gga_rs13599025	۷	۲۹۶۱۲۷۸۰	A/G	داخل ژن	NCKAP5	$۷/۷۴ \times ۱۰^{-۵}$	۴/۱۱

تولیدات دامی

دوره ۱۸ ■ شماره ۴ ■ زمستان ۱۳۹۵

در میکروفیلامنت‌ها و میکروتوبول‌ها می‌باشد [۲۴]. ژن FGD6 در اتصال به یون‌های فلزی، شکل‌دهی سلول‌های عضلانی و سازماندهی پروتئین اکتین نقش دارد [۶]. نشانگر Gga_rs14162376 بر روی کروموزوم دو و در پایین‌دست ژن TRIL قرار گرفته است. این ژن با صفات ایمنی در بدن مرتبط می‌باشد، اما ژن WIPF3 با فاصله ۷۶/۳۱ کیلوبازی، در پایین‌دست ژن TRIL قرار گرفته است و در سازماندهی سلول‌های عضلانی و اتصال فیلامنت‌های اکتین نقش ایفاء می‌کند. باتوجه به نقش ژن-های شناسایی‌شده در تشکیل سلول‌های عضلانی و انتقال مواد و یون‌ها می‌توان ارتباط این ژن‌ها با صفت تردی گوشت را توجیه نمود.

برای صفت نیروی برشی گوشت به منظور نشان دادن فاکتور تردی گوشت با روش Compressed MLM، تعداد ۴ نشانگر SNP بر روی کروموزوم‌های یک و دو در سطح احتمال پیشنهادی شناسایی شد (جدول ۷). البته این SNP‌ها با روش GLM معنی‌دار شدند. نشانگرهای Gga_rs14930816، GGaluga047257 و Gga_rs15252268 بر روی کروموزوم یک قرار دارند و به ترتیب در بالادست ژن MTMR2، داخل ژن MYO16 و داخل ژن FGD6 قرار گرفته‌اند. ژن MTMR2 در متابولیسم فسفولیپید، تشکیل ساختار چهارم پروتئین‌ها و انتقال مواد به داخل سلول نقش ایفاء می‌کند [۱۰]. عملکرد مولکولی ژن MYO16 شامل: اتصال به فیلامنت‌های اکتین، اتصال به مولکول ATP و تولید نیرو

جدول ۷. موقعیت SNP و ژن‌های مرتبط براساس سطح معنی‌داری برای صفت نیروی برشی گوشت با روش Compressed MLM

نام SNP	شماره کروموزوم	موقعیت ژنومی SNP (جفت باز)	نوع آلل	SNP سبب به ژن	نام ژن	P-value	-log10(p)
Gga_rs14930816	۱	۱۸۳۶۹۳۳۰۰	C/T	بالادست - ۷۳۰ کیلوباز	MTMR2	$1/58 \times 10^{-5}$	۴/۸۰
GGaluGA047257	۱	۱۳۷۶۳۳۷۴۱	A/C	داخل ژن	MYO16	$6/32 \times 10^{-5}$	۴/۲۰
Gga_rs15252268	۱	۴۵۲۷۹۸۷۱	A/G	داخل ژن	FGD6	$6/39 \times 10^{-5}$	۴/۱۹
Gga_rs14162376	۲	۳۴۰۴۲۴۰۸	A/G	پایین‌دست - ۳/۶۱ کیلوباز	TRIL	$7/42 \times 10^{-5}$	۴/۱۳

پایین‌دست ژن SHROOM2 و در داخل ژن DGKI قرار دارند. ژن CHCHD3 در احیای مولکول ATP، مصرف اکسیژن، تاخوردگی کمپلکس پروتئینی و اتصال آنزیم فسفاتاز نقش دارد و در عضلات اسکلتی بیان ژن بالایی دارد [۱]. ژن SHROOM2 در انتقال یون سدیم در سطح غشای سلول و فعال کردن مولکول میوزین نقش دارد [۲۴]. یک QTL در محدوده ژنومی ۱۳۰/۷-۱۱۱/۳ میلیون بازی، بر روی کروموزوم یک وجود دارد که با صفت ظرفیت

برای صفت ظرفیت نگهداری آب گوشت با استفاده از مدل Compressed MLM، تعداد هفت SNP بر روی کروموزوم‌های یک، دو و ۲۸ در سطح احتمال پیشنهادی شناسایی شد (جدول ۸). سه نشانگر GGaluga002767، Gga_rs14884428 و GGaluga019963 در ۳ موقعیت ژنومی مختلف بر روی کروموزوم یک قرار گرفته‌اند (به ترتیب در موقعیت‌های ۱/۹، ۱۲۴/۷۶ و ۵۷/۶۱ میلیون بازی). این نشانگرها به ترتیب در داخل ژن CHCHD3،

تولیدات دامی

مطالعه پویش کل ژنومی صفات کیفی گوشت در جمعیت F₂ حاصل از مرغ بومی آذربایجان غربی و سویه گوشتی آرین

PARD3 قرار دارد. ژن PARD3 در ایجاد بار الکتریکی، تشکیل اتصالات قوی در بین سلول‌های اپیتلیال و در سازماندهی فیلامنت‌های اکتین در سلول‌های عضلانی نقش دارد [۲۴].

همچنین، نشانگر GGaluGA202485 بر روی کروموزوم ۲۸ و در موقعیت ۳/۵۹ میلیون بازی قرار دارد. این نشانگر در داخل ژن CRTC1 قرار گرفته است. ژن CRTC1 در هیپریلاریزه کردن غشای سلول، ایجاد ساختار چهارم پروتئین‌ها و اتصال به مولکول آدنوزین مونوفسفات حلقوی و انتقال پیام در بین سلول‌ها نقش ایفا می‌کند [۲۴].
باتوجه به نقش ژن‌های شناسایی شده در ایجاد بار الکتریکی در سطح غشای سلول، تنظیم کانال‌های یونی و انتقال یون‌ها، ایجاد ساختارهای مختلف پروتئینی و تشکیل اتصالات بین سلولی می‌توان ارتباط این ژن‌ها با صفت ظرفیت نگهداری آب گوشت را تا حدودی توجیه نمود

نگهداری آب گوشت ارتباط دارد [۱۴]. عملکرد مولکولی ژن DGKI شامل: رشد عضلات اسکلتی و اتصال به مولکول ATP و تبدیل آن به مولکول ADP می‌باشد [۱۰].
[نشانگرهای GGaluGA147597 و Gga_rs14185180 در یک محدوده ژنومی به طول ۰/۷۶ میلیون بازی، بر روی کروموزوم دو قرار دارند که به ترتیب در بالادست ژن ADCY1 و در داخل ژن SLC12A7 قرار گرفته‌اند. نقش مولکولی ژن ADCY1 شامل: کاتالیز مولکول ATP و تبدیل آن به آدنوزین مونوفسفات حلقوی به عنوان یک پیام‌رسان ثانویه مهم در بین سلول‌ها، به عنوان کوفاکتور در اتصال دو یون منیزیم و تنظیم کانال‌های یونی در سطح غشای سلول می‌باشد [۹]. ژن SLC12A7 در انتقال فعال یون‌های پتاسیم و انتقال همزمان یون‌های کلر و پتاسیم نقش دارد [۱۱]. نشانگر Gga_rs15894768 در موقعیت ۱۳/۱۹ میلیون بازی، بر روی کروموزوم دو و در داخل ژن

جدول ۸. موقعیت SNP و ژن‌های مرتبط براساس سطح معنی‌داری برای صفت ظرفیت نگهداری آب با روش Compressed MLM

نام SNP	شماره کروموزوم	موقعیت ژنومی SNP (جفت باز)	نوع آلل	موقعیت و فاصله SNP نسبت به ژن	نام ژن	p-value	-log ₁₀ (p)
GGaluGA002767	۱	۱۹۰۶۶۷۴	A/G	داخل ژن	CHCHD3	$1/31 \times 10^{-5}$	۴/۸۸
Gga_rs14884428	۱	۱۲۴۷۶۱۸۷۶	C/T	بالا دست - ۲۲۰/۷۵ کیلوباز	SHROOM2	$2/60 \times 10^{-5}$	۴/۵۹
GGaluGA019963	۱	۵۷۶۱۰۸۵۱	A/G	داخل ژن	DGKI	$7/40 \times 10^{-5}$	۴/۱۳
Gga_rs15894768	۲	۱۳۱۹۴۷۹۰	A/G	داخل ژن	PARD3	$2/80 \times 10^{-5}$	۴/۵۵
GGaluGA147597	۲	۵۴۷۸۱۱۵	C/T	بالادست - ۶/۱۱ کیلوباز	ADCY1	$8/35 \times 10^{-5}$	۴/۰۸
Gga_rs14185180	۲	۵۵۵۵۰۹۷۴	C/T	داخل ژن	SLC12A7	$8/86 \times 10^{-5}$	۴/۰۵
GGaluGA202485	۲۸	۳۵۹۴۶۰۱	C/T	داخل ژن	CRTC1	$8/66 \times 10^{-5}$	۴/۰۶

جهت بهبود کیفیت گوشت، در برنامه‌های انتخاب طیور استفاده نمود.

باتوجه به نقش مولکولی ژن‌های شناسایی شده در این تحقیق تا حدودی می‌توان بروز فنوتیپی هر یک از صفات کیفیت گوشت را توجیه نمود و به عنوان ژن‌های کاندیدا

تولیدات دامی

دوره ۱۸ ■ شماره ۴ ■ زمستان ۱۳۹۵

cytoskeletal dynamics and transsynaptic organization. *The Journal of Cell Biology*. 199: 985-1001.

7. Chen MH, Kabir K and Yang JH (2000) Editing activity of mouse RED2 (ADAR3) in vitro. Submitted to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
8. Chen S, An J, Lian L, Qu L, Zheng J, Xu G and Yang N (2013) Polymorphisms in AKT3, FIGF, PRKAG3, and TGF- β genes are associated with myofiber characteristics in chickens. *Poultry Science*. 92(2): 325-330.
9. Church DM, Goodstadt L, Hillier LW, Zody MC, Goldstein S, She X, Bult CJ, Agarwala R, Cherry L, DiCuccio M, Hlavina W, Kapustin Y, Meric P, Maglott D, Birtle Z, Marques AC, Graves T, Zhou S, Teague B, Potamouisis K, Churas C, Place M, Herschleb J, Runnheim R, Forrest D, Amos-Landgraf J, Schwartz DC, Cheng Z, Lindblad-Toh K, Eichler EE and Ponting CP (2009) Lineage-specific biology revealed by a finished genome assembly of the mouse. *PLoS Biology*. 7(5): e1000112.
10. Harhay GP, Sonstegard TS, Keele JW, Heaton MP, Clawson ML, Snelling WM, Wiedmann RT, Van Tassell CP and Smith TP (2005) Characterization of 954 bovine full-CDS cDNA sequences. *BMC Genomics*. DOI: 10.1186/1471-2164-6-166.
11. Hillier LW, Miller W, Birney E, Warren W, Hardison RC, Ponting CP, Bork P, Burt DW, Groenen MAM, Delany ME, Dodgson JB, Chinwalla AT, Cliften PF, Clifton SW, Delehaunty KD, Fronick C, Fulton RS and Graves TA (2004) Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*. 432: 695-716.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از پروفسور Just Jensen از دانشگاه Aarhus دانمارک برای فراهم نمودن هزینه تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها و از شرکت کاب نیز برای در اختیار قرار دادن تراشه 60 k قدردانی می‌شود.

منابع

1. Archibald AL, Cockett NE, Dalrymple BP, Faraut T, Kijas JW, Maddox JF, McEwan JC, Hutton Oddy V, Raadsma HW, Wade C, Wang J, Wang W and Xun X (2010) The sheep genome reference sequence: a work in progress. *Animal Genetics*. 41: 449-453 .
2. Bihan-Duval EL, Debut M, Berri CM, Sellier N, Lhoutellier VS, Jégo Y and Beaumont C (2008) Chicken meat quality: genetic variability and relationship with growth and muscle characteristics. *BMC Genetics*. 9: 53-58.
3. Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, Casstevens TM, Ramdoss Y and Buckler ES (2007) TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*. 23(19): 2633-2635.
4. Burkard TR, Planyavsky M, Kaupe I, Breitwieser FP, Bürckstümmer T, Bennett KL, Superti-Furga G and Colinge J (2011) Initial characterization of the human central proteome. *BMC System Biology*. 5: 17.
5. Chaurasia SS, Haque R, Pozdeyev N, Jackson CR and Iuvone PM (2006) Temporal coupling of cyclic AMP and Ca/calmodulin-stimulated adenylyl cyclase to the circadian clock in chick retinal photoreceptor cells. *Journal of Neurochemistry*. 99(4): 1142-1150.
6. Cheadle L and Biederer T (2012) The novel synaptogenic protein Farp1 links postsynaptic

تولیدات دائمی

12. Huttlin EL, Jedrychowski MP, Elias JE, Goswami T, Rad R, Beausoleil SA, Villén J, Haas W, Sowa ME and Gygi SP (2010) A tissue-specific atlas of mouse protein phosphorylation and expression. *Cell*. 143(7): 1174-89 .
13. Liu R, Sun Y, Zhao, G, Wang F, Wu D, Zheng M, Chen J, Zhang L, Hu Y and Wen J (2013) Genome-Wide Association Study Identifies Loci and Candidate Genes for Body Composition and Meat Quality Traits in Beijing-You Chickens. *PLOS ONE*. 8(4): e61172.
14. Nadaf J, Gilbert H, Pitel F, Berri CM, Fève K, Beaumont C, Duclos MJ and Vignal A (2007) Identification of QTL controlling meat quality traits in an F_2 cross between two chicken lines selected for either low or high growth rate. *BMC Genomics* DOI: 10.1186/1471-2164-8-155.
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 tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*. 81(3): 559-75.
16. Sun Y, Zhao G, Liu R, Zheng M, Hu Y, Wu D, Zhang L, Li P and Jie Wen (2013) The identification of 14 new genes for meat quality traits in chicken using a genome-wide association study. *BMC Genomics*. 14: 458
17. Turner S (2014) Package qqman: Q-Q and manhattan plots for GWAS data.
18. Van Kaam JB, Groenen MA, Bovenhuis H, Veenendaal A, Vereijken AL and Van Arendonk JA (1999) Whole genome scan in chickens for quantitative trait loci affecting carcass traits. *Poultry Science*. 78(8): 1091-9.
19. VanRaden PM (2008) Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. *Journal of Dairy Science*. 91: 4414-4423.
20. Wright D, Kerje S, Lundström K, Babol J, Schütz K, Jensen P and Andersson L (2006) Quantitative trait loci analysis of egg and meat production traits in a red jungle fowl White Leghorn cross. *Animal Genetics*. 37(6): 529-534.
21. Zeng F, Xie L, Pang X, Liu W, Nie Q and Zhang X (2011) Complementary deoxyribonucleic acid cloning of avian G0/G1 switch gene 2, and its expression and association with production traits in chicken. *Poultry Science*. 90(7): 1548-54.
22. Zhang Z, Ersoz E, Lai CQ, Todhunter RJ, Tiwari HK, Gore MA, Bradbury PJ, Yu J, Arnett DK, Ordovas JM and Buckler ES (2010) Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. *Nature Genetics*. 42(4): 355-60 .
23. Zhang T, Fan QC, Wang JY, Zhang GX, Gu YP and Tang Y (2015) Genome-wide association study of meat quality in chicken. *Genetics and Molecular Research*. 14(3): 10452-10460 .
24. Zimin AV, Delcher AL, Florea L, Kelley DR, Schatz MC, Puiu D, Hanrahan F, Pertea G, Van Tassell CP, Sonstegard TS, Marçais G, Roberts M, Subramanian P, Yorke JA and Salzberg SL (2009) A whole-genome assembly of the domestic cow, *Bos taurus*. *Genome Biology*. 10(4): R42.