

وزارت جهاد کشاورزی
سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور - مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردابی
شهید مطهری

عنوان:

نقشه‌یابی لوکوس‌های صفت کمی (QTL) مرتبط با رشد در
قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) در
برنامه انتخاب به کمک نشانگر (MAS)

مجری:

سجاد نظری

شماره ثبت

۶۷۴۷۳

وزارت جهاد کشاورزی
سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی
موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور- مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردابی شهید
مطهری

عنوان طرح/پروژه: نقشه‌یابی لوکوس‌های صفت کمی (QTL) مرتبط با رشد در قزل‌آلای رنگین‌کمان
(*Oncorhynchus mykiss*) در برنامه انتخاب به کمک نشانگر (MAS)

کد مصوب: ۲-۸۸-۱۲-۰۱۹-۹۹۰۶۸۱

نام و نام خانوادگی نگارنده/نگارندگان: سجاد نظری

نام و نام خانوادگی مجری مسئول (اختصاص به پروژه‌ها و طرح‌های ملی و مشترک دارد): -

نام و نام خانوادگی مجری: سجاد نظری

نام و نام خانوادگی همکار(ان): مصطفی قادری زفره‌ای، سلمان ملک پور کلبادی نژاد، الهام جرفی، محمد میثم

صلاحی اردکانی، ابوالحسن راستیان نسب، علیرضا قاندي، مریم میربخش، اسماعیل کاظمی، مهدی گلشن

نام و نام خانوادگی مشاور(ان): مجیدرضا خوش خلق

محل اجرا: استان کهگیلویه و بویراحمد

تاریخ شروع: ۱۳۹۹/۰۶/۰۱

مدت اجرا: ۱ سال و ۶ ماه

ناشر: موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور

تاریخ انتشار: سال ۱۴۰۴

حق چاپ برای مؤلف محفوظ است. نقل مطالب، تصاویر، جداول، منحنی‌ها و نمودارها با ذکر مأخذ بلامانع است.

«سوابق طرح یا پروژه و مجری مسئول / مجری»

طرح/پروژه: نقشه‌یابی لوکوس‌های صفت کمی (QTL) مرتبط با
رشد در قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) در برنامه
انتخاب به کمک نشانگر (MAS)

کد مصوب: ۶۸۱-۹۹۰-۱۹-۰۱۲-۸۸-۲

شماره ثبت (فروست): ۶۷۴۷۳ تاریخ: ۱۴۰۴/۳/۱۵

با مسئولیت اجرایی جناب آقای سجاد نظری دارای مدرک تحصیلی
دکتری تخصصی در رشته شیلات است.

پروژه توسط داوران منتخب بخش زیست‌فناوری و فراوری آبزیان در

تاریخ ۱۴۰۴/۰۳/۰۴ مورد ارزیابی و بارتبه عالی تأیید گردید.

در زمان اجرای پروژه، مجری در:

ستاد ☐ پژوهشکده ☐ مرکز ☒ ایستگاه ☐

با سمت عضو هیئت علمی در مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد

ماهیان سردابی شهید مطهری مشغول بوده است.

عنوان	«فهرست مندرجات»	صفحه
چکیده		۱
۱-مقدمه		۲
۱-۱-ژنتیک صفات کمی		۲
۱-۲-ژنتیک مولکولی و برنامه اصلاح نژاد		۴
۱-۲-۱-بهبود ژنتیکی		۴
۱-۳-جایگاههای صفات کمی (QTL)		۵
۱-۴-صفت رشد		۶
۱-۵-ژنهای کاندیدا		۷
۱-۶-نقشه یابی ژنتیکی		۸
۱-۶-۱-نقشه یابی پیوستگی		۸
۱-۶-۲-نقشه یابی یا تجزیه ارتباطی		۸
۱-۷-منابع ژنومی ماهی قزل الای رنگین کمان		۱۱
۱-۸-مراحل انجام یک آزمایش نقشه یابی		۱۲
۱-۸-۱-انتخاب گروهی از لاین ها		۱۲
۱-۸-۲-جمعیت های مورد نیاز برای نقشه یابی QTL		۱۳
۱-۸-۳-جمعیت های لاین خالص:		۱۷
۱-۹-ثبت ارزیابی های فنوتیپی صفات		۱۹
۱-۱۰-ارزیابی ژنوتیپی جمعیت با استفاده از نشانگرهای پس زمینه ای یا نشانگرهای پیوسته احتمالی به ژن		۱۹
۱-۱۰-۱-تعیین میزان عدم تعادل پیوستگی		۲۰
۱-۱۰-۲-صحت برآورد QTL		۲۳
۱-۱۰-۳-ارزیابی ساختار و روابط خویشاوندی جمعیت (ضریب رابطه بین دو به دوی افراد)		۲۳
۱-۱۰-۴-کنترل ژنومی		۲۴
۱-۱۰-۵-روش ارتباط ساختاری		۲۴
۱-۱۰-۶-مطالعات ارتباطی صفت کمی		۲۵
۱-۱۱-فن آوری های پیشرفته ژنومی		۲۶
۱-۱۱-۱-روش های توالی یابی		۲۶
۱-۱۲-متاآنالیز		۲۷

۱۳-۱- انتخاب به کمک نشانگر (MAS)	۲۸
۱۴-۱- سوابق تحقیق در داخل و خارج از کشور با تاکید بر نتایج آنها	۲۸
۱۵-۱- اهداف و فرضیات	۳۴
۱-۱۵-۱- فرضیات پروژه	۳۴
۲-۱۵-۱- اهداف پروژه	۳۴
۲- مواد و روش ها	۳۵
۱-۲- جستجوی مقالات	۳۵
۲-۲- تهیه QTL ها در پایگاههای ژنومی واستخراج داده ها	۳۶
۳-۲- روش تجزیه وتحلیل آماری داده ها	۳۷
۱-۳-۲- محاسبه شاخص های ارثی و شاخص های ژنتیکی	۳۹
۲-۳-۲- مدل انتخاب	۴۰
۳- نتایج و بحث	۴۲
۱-۳- نقشه نشانگرهای مولکولی	۴۲
۲-۳- توزیع جایگاههای صفات کمی	۴۳
۴- نتیجه گیری	۷۱
پیشنهادها	۷۴
منابع	۷۵
چکیده انگلیسی	۸۵

چکیده

زمینه مطالعاتی نقشه‌یابی ارتباطی اخیراً توجه زیادی را برای مطالعه ژنتیکی صفات کمی در بسیاری از گونه‌های آبزیان مهم به خود جلب کرده است. دسترسی به فناوریهای نسل جدید توالی‌یابی، حجم بالایی داده‌های فنوتیپی و تنوع زیاد ابزارهای آماری موجب شده است که مطالعات نقشه‌یابی ارتباطی در آبزیان بتواند موفقیت‌های فراوانی را در شناسایی مکانهای ژنی کنترل‌کننده صفات کمی به همراه داشته باشد. با توجه به اهمیت این روش در مطالعات نقشه‌یابی صفات کمی، پروژه حاضر انجام شد که هدف از آن، توضیح روش نقشه‌یابی ارتباطی و استفاده از آن در به‌نژادی قزل‌آلای رنگین‌کمان و سپس انجام متاآنالیز QTL (MQTL) برای شناسایی نواحی از ژنوم قزل‌آلای رنگین‌کمان که با صفت کمی رشد پیوستگی داشته باشند، بود. به منظور شناسایی جایگاه‌های صفات کمی داده‌های QTL از بیش از ۱۴۰۰ QTL ثبت شده در بانک پایگاه‌های اطلاعاتی برای ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. همچنین، برخی از اطلاعات مربوط به نرم افزارهای آماری مورد استفاده در نقشه‌یابی ارتباطی ارائه و پس از آن در مورد فرصت‌ها و چالش‌های نقشه‌یابی ارتباطی و مطالعات پسا نقشه‌یابی در سطح کل ژنوم مورد بحث قرار گرفت. برای نقشه‌های جایگاه‌های صفات کمی مرتبط با یک نشانگر، توالی نوکلئوتیدی نشانگر مولکولی از پایگاه‌های اطلاعاتی مربوطه استخراج شدند و علاوه بر این برای نقشه‌های جایگاه‌های صفات کمی مرتبط با دو نشانگر مجاور، توالی نوکلئوتیدی هر دو نشانگر مجاور یکدیگر بدست آمدند. مکان‌یابی هر QTL بر اساس نقشه ژنتیکی و بر اساس سطح اطمینان ۹۵ درصد برای هر جایگاه صفت کمی مورد بررسی قرار گرفت. بعد از مکان‌یابی هر QTL نرم افزار Biomercator برای پیش‌بینی مکان و سطح اطمینان MQTL بر اساس روش حداکثر احتمال محاسبه شد. در مجموع ۲۸۰ QTL برای صفت طول رشد روزانه (ADG)، ۱۶ برای صفت وزن بدن (BW)، ۹ مورد برای صفت ضریب چاقی (CF) و ۷ QTL برای صفت طول چنگالی (FL) دسته‌بندی شده‌اند. در مجموع ۲۷ QTL در چهار گروه پیوستگی برای صفات مورد مطالعه شناسایی شد که از ۲ تا ۲۳/۸ درصد از تغییرات فنوتیپی (LOD) را توجیه می‌نمودند. بیشترین تعداد QTL شناسایی شده در گروه پیوستگی ۱۳ قرار دارند. در این مطالعه برای صفت ارتفاع بدن QTL شناسایی نگردید. نتایج نشان داد که QTL‌های هم مکان برای صفات مورد مطالعه وجود دارد که وجود چنین حالتی می‌تواند باعث افزایش کارایی انتخاب به کمک نشانگر و پیشبرد برنامه‌های به‌نژادی در قزل‌آلای رنگین‌کمان گردد.

کلمات کلیدی: قزل‌آلای رنگین‌کمان، نشانگرهای مولکولی، صفات کمی، متا آنالیز QTL