

nym okresie życia. Dodatkowo ich wzór aktywności okazał się być odmienny od pozostałych linii. Nie stwierdzono natomiast różnic istotnych statystycznie między linią ciężką a kontrolną [5].

Myszy z linii lekkiej potrzebowały więcej czasu na przejście labiryntu, a także popełniały więcej błędów. Natomiast u osobników z linii ciężkiej zaobserwowano sprawniejszy proces uczenia się, czyli krótszy czas przejścia przez labirynt za drugim razem, jak również mniejszą liczbę błędów. Stwierdzono również brak różnic pomiędzy samcami i samicami dla wszystkich linii oraz wpływ wieku na proces uczenia się (starsze osobniki uczyły się wolniej) [5].

W kolejnych badaniach behawioralnych na 113. pokoleniu, w których analizowano aktywność i procesy lokomotoryczne mieszańców F1 obu linii selekcyjnych oraz ich potomstwo F2 za pomocą OFT, potwierdzono wnioski z poprzednich badań o mniejszej aktywności myszy z linii lekkiej oraz o ich większej emocjonalności. Aktywność mieszańców F1 (matki z linii ciężkiej a ojcowie z lekkiej) była bardziej zbliżona do tej, która charakteryzuje myszy z linii ciężkiej, lecz malała wraz z czasem trwania obserwacji. Dodatkowo osobniki o mniejszej masie ciała, zarówno z pokolenia F1, jak i F2, zachowywały się podobnie do tych z linii lekkiej. Ponadto zasugerowano, że wzór aktywności myszy w pokoleniu F1 i F2 (stworzony na podstawie liczby punktów zdobytych w OFT) może być uwarunkowany działaniem genów addytywnych, a aktywność charakteryzująca obie linie rodzicielskie ma podobny wpływ na wartość badanych cech w pokoleniu potomnym [5, 12].

Test otwartego pola został wykorzystany także w badaniach mających na celu ocenę wpływu położenia w rogu macicy (skrajnie w rogu lub pomiędzy dwoma innymi płodami) oraz sąsiednich zarodków (samcze lub samicze) na zachowania eksploracyjne oraz macierzyńskie. Te ostatnie zostały zbadane na podstawie liczby punktów przyznanych na podstawie takich zachowań, jak: obwąchiwanie oseska, lizanie i przenoszenie oseska, pozycja karmienia oraz budowanie gniazda. Odnotowywano również występowanie zachowań agresywnych. W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono, że sąsiedztwo płodów samczych i samiczych nie wpływa na

zachowania macierzyńskie samic, może natomiast mieć istotny wpływ na zachowania opiekuńcze samców. Na zróżnicowanie aktywności i zachowań eksploracyjnych większy wpływ mają uwarunkowania genetyczne niż sąsiedztwo płodów tej samej lub przeciwnej płci. Nie stwierdzono istotnej zależności między poziomem zachowań macierzyńskich wśród samic z linii ciężkiej i lekkiej a położeniem wewnątrz macicy. Dodatkowo zaobserwowano wyższy poziom agresji wobec osesków wśród samców z linii ciężkiej, niezależnie od położenia wewnątrzmacicznego. Większość samców z linii lekkiej przejawiała zachowania opiekuńcze [1].

Literatura: 1. Bagier A., 2006 – Praca magisterska, SGGW. 2. Komosa D., 2004 – Praca magisterska, SGGW. 3. Kossowska A., 2004 – Praca magisterska, SGGW. 4. Krysiak E., Czarnomska A., Wirth-Dzięciołowska E., 1992 – Gen. Pol. 33, 1, 51-55. 5. Lipska A., 2002 – Praca magisterska, SGGW. 6. Łukasiewicz-Śmietanańska D., 2008 – Rozprawa doktorska, SGGW. 7. Martyniuk E., 1986 – Rozprawa doktorska, SGGW. 8. Michalska E., 1980 – Rozprawa doktorska, SGGW. 9. Radomska M.J., Sławiński T., Wirth-Dzięciołowska E., 1970 – Genet. Pol. 11, 1, 131-143. 10. Radomska M.J., Sławiński T., Wirth-Dzięciołowska E., 1970 – Genet. Pol. 11, 1, 145-153. 11. Radomska M. J., Klewiec J., 1977 – Zwierzęta Lab. 14, 2, 107-111. 12. Rybicka M., 2003 – Praca magisterska, SGGW. 13. Sokołowski G., Strzałkowska A., Świderek W., Fiszdron K., Gajewska M., 2013 – Ann. WULS 52. 14. Urbańska G., 1981 – Praca magisterska, SGGW. 15. Wirth-Dzięciołowska E., 1992 – Gen. Pol. 33, 1, 57-62. 16. Wirth-Dzięciołowska E., 1973 – Prace i Materiały Zoot. 4, 23-32. 17. Wirth-Dzięciołowska E., Czumińska K., Reklewska B., Katkiewicz M., 1996 – Animal Sci. Papers and Reports 14, 3, 187. 18. Wirth-Dzięciołowska E., Reklewska B., Czumińska K., Zalewska B., 1996 – Animal Sci. Papers and Reports 14, 3, 177-186. 19. Wirth-Dzięciołowska E., Fabijańska M., Karaszewska J., Czumińska K., 1997 – Ann. Warsaw Agricult. Univ. Anim. Sci. 33, 55-67. 20. Wirth-Dzięciołowska E., Czumińska K., 2000 – Biogerontology 2, 169-176. 21. Wirth-Dzięciołowska E., Lipska A., Węsierska M., 2005 – Acta Neurobiol. Exp. 65, 243-253. 22. Wirth-Dzięciołowska E., Zimowska M., Gajewska M., Żmuda M., Rosochacki S.J., 2011 – Animal Sci. Papers and Reports 29, 2, 161-177.

Effect of divergent selection for body weight on 21th day to some features of the laboratory mice

Summary

Long-term selection for body weight, which affecting changes in life span and time of puberty, has resulted different reproductive strategy in mice divergently selected for body weight at the 21st day of age. Heavy mice (C) are typically rapidly maturing animals, with a shorter but more intense reproductive period. Light mice (L) are more long-lived so that mature later than C mice. Due to the longer period of reproduction L mice are capable of more litters, which are also less numerous. Moreover, long-term selection may changes of mice. L mice showed lower activity in the open field test. Light mice are more susceptible to stress, and they have higher excitability, than heavy mice.

KEY WORDS: mice, selection, body weight, reproduction, behaviour



Poszukiwania i identyfikacja QTL u przepiórki japońskiej (*Coturnix japonica*)

Joanna Gruszczyńska, Beata Grzegorzółka

Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt SGGW w Warszawie

Przepiórka japońska (*Coturnix japonica*) została udomowiona na Dalekim Wschodzie między XI a XV wiekiem jako ptak śpiewają-

cy, a obecnie w wielu krajach jest gatunkiem drobiu o dosyć znaczącym znaczeniu gospodarczym, dzięki użytkowaniu mięsnemu i nieśnemu. Ze względu na małe rozmiary ciała oraz możliwość uzyskania w krótkim czasie nowych pokoleń, przepiórka japońska jest wykorzystywana jako modelowe zwierzę laboratoryjne [19] w badaniach naukowych z zakresu żywienia, fizjologii, genetyki molekularnej i populacji, rozwoju embrionalnego, behawioru, mikrobiologii oraz w badaniach biomedycznych [9, 11, 12]. Wielu autorów prowadziło analizy dotyczące cech ilościowych tego gatunku (szczególnie dotyczące masy ciała, wzrostu, rozwoju, nieśności czy cech jaja) także w warunkach selekcji w kierunku zwiększonej masy ciała w 1., 4. i 5. tygodniu życia [1, 2, 3, 6, 10, 12, 13, 20, 21, 23, 26, 29].

U ptaków wykazano stosunkowo małą podatność na rearanżacje chromosomowe, a przede wszystkim odnotowano występowanie wysokiej stałości liczby chromosomów w obrębie danego gatunku [15]. Zarówno kura, jak i przepiórka japońska należą do

rodziny *Phasianidae*, oba gatunki mają kariotyp składający się z $2n=78$ chromosomów i podobną wielkość genomu $1,2 \times 10^9$ pz [19]. Badania zmierzające do poznania genomu przepiórki japońskiej trwają stosunkowo od niedawna. Kayang i wsp. [15] stwierdzili nadzwyczaj duże podobieństwo kury i przepiórki japońskiej w ko-

lejności ułożenia markerów w makrochromosomach (CJA01-CJA08, CJAZ) oraz w mikrochromosomach (CJA09-CJA11, CJA13-CJA15, CJA17-CJA20, CJA24, CJA26-CJA28). Wykorzystanie podobieństwa sekwencji mikrosatelitarnych pomiędzy blisko spokrewnionymi gatunkami zwierząt, których genom jest już całkowicie (kura) lub częściowo (indyk) znany, umożliwiło szybsze poznanie genomu przepiórki japońskiej [9, 14, 15, 16, 17, 18].

Tabela

Lokalizacja chromosomowa QTL oraz sprzężonych z nimi markerów przepiórki japońskiej

Chromosom	Symbol QTL ^{a)}	Lokalizacja QTL (cM)	Markery flankujące/ marker cechy ^{b)}	p ^{c)}	Źródło
CJA01	CL	0	GUJ0055	***	24
	W5	0	GUJ0055	**	5
	W6	3	GUJ0055	**	5
	W6	4	GUJ0055	**	5
	G06	4	GUJ0055	**	5
	KR	5	GUJ0055	**	5
	KR	6	GUJ0055	**	5
	W6	7	GUJ0055	**	5
	G06	8	GUJ0055	**	5
	W4	11	GUJ0055-GUJ0052	**	5
	W5	11	GUJ0055-GUJ0052	**	5
	G34	16	GUJ0055-GUJ0052	**	5
	G34	16	GUJ0052	**	5
	W3	16	GUJ0052	*	5
	W3	18	GUJ0052	*	5
	BW2	18	GUJ0055-GUJ0052	***	24
	KR	18	GUJ0052	**	5
	G06	19	GUJ0052	**	5
	BWI	19	GUJ0052	ns	24
	FI	19	GUJ0052	**	24
	W4	23	GUJ0052	*	5
	KR.3-4	34	GUJ0048	*	28
	KR.1-2	44	GUJ0048	*	28
	ADG.1-2	49	GUJ0048	**	28
ADG.3-4	49	GUJ0048	*	28	
TI	91	ADL0037	ns	24	
SLWT	91	GUJ0013	*	28	
ADG.4-5	97	GUJ0013	*	28	
KR.4-5	97	GUJ0013	*	28	
ADG.0-5	98	GUJ0013	*	28	
W5	98	GUJ0013	*	28	
W0	103	GUJ0013	**	28	
BT	180	GUJ0062	ns	24	
SW	191	GUJ0062-GUJ0068	**	24	
CJA02	BWI	54	GUJ0063-GUJ0027	ns	24
CJA03	BT	1	GUJ0099	ns	24
CJA05	SW	12	GUJ0049	ns	24
CJA06	EN	32	GUJ0087	*	24
	EN (3 w)	32	GUJ0087	ns	5
	AFE	34	GUJ0087-GUJ0054	ns	24
CJA09	BWI	25	GUJ0071	ns	24
CJA14	BW2	7	GUJ0023-GUJ0097	ns	24
CJA20	FI	2	GUJ0065-GUJ0083	**	24
	SW	21	GUJ0065-GUJ0083	**	24
	RFI	25	GUJ0065-GUJ0083	**	24

^{a)}Nazwa cechy: AFE – wiek zniesienia pierwszego jaja; BT – temperatura rektalna w 5. tygodniu życia; BWI – masa ciała (w 5. tygodniu życia); BW2 – masa ciała (w 70. tygodniu życia); CL – długość wylęgu; EN – liczba jaj (do 69. tygodnia); EN (3 w) – liczba jaj zniesionych w 3. tygodniu nieśności obserwowana na krzywej nieśności; FI – spożycie paszy (w 30. tygodniu życia); G01-G06 – przyrost masy ciała w ciągu 1. do 6. tygodnia życia, odpowiednio; KR – wskaźnik Kleiber'a; KR.01-05 – wskaźnik Kleiber'a w ciągu 1. do 5. tygodnia; TI – bezruch toniczny w 8.-9. dniu życia; W0 – masa ciała w momencie wylęgu; W1-W6 – masa ciała od 1. do 6. tygodnia życia, odpowiednio; SW – masa skorupy jaja w wieku 30 tygodni (g); RFI – efektywność wykorzystania dawki pokarmowej w wieku 30 tygodni (g/d); ADG.01-ADG.05 – średni przyrost dzienny (g) w ciągu 1. do 5. tygodnia; SLWT – przedubojowa masa ciała (g)

^{b)}Poziomy istotności markerów flankujących/markera cechy: $p \leq 0,05$

^{c)}Poziomy istotności QTL: * $p \leq 0,05$; ** $p \leq 0,01$; *** $p \leq 0,001$; ns – nieistotne

Kayang i wsp. [17, 19] zidentyfikowali ponad 100 sekwencji mikrosatelitarnych u przepiórki japońskiej. Napotkali jednak problem w zastosowaniu markerów STR (*short tandem repeat*) do mapowania mikrochromosomów, a to ze względu na fakt, iż zawierają one niewielką liczbę tego typu powtórzeń. Stwierdzono występowanie wysoce konserwatywnych sekwencji w obrębie chromosomów homologicznych u kury i przepiórki japońskiej [18]. W badaniach Kayang i wsp. [15] wskazano na obecność w genomie kury mikrosatelitarnych sekwencji charakterystycznych dla przepiórki japońskiej (88,4%) oraz ich wysokie wzajemne podobieństwo (63,6-100%) u obu gatunków. Cechuje je ponadto wysoki polimorfizm, który jest średnio dwa razy wyższy niż u kury domowej [9, 15]. Okazało się jednak, że informacja genetyczna, dotycząca wykorzystania sekwencji mikrosatelitarnych dotychczas stosowanych u kur, w poznaniu zmienności genetycznej przepiórki japońskiej jest niewystarczająca [14, 27]. Wyniki badań Minvielle i wsp. [24] wskazały na istnienie potwierdzonego statystycznie związku między GUJ0052 i GUJ0055 z QTLs, które wpływały ujemnie na ilość pobieranego pokarmu w 30. tygodniu życia oraz masę ciała w 5. i 70. tygodniu życia. Dlatego też do badań dotyczących poznania genomu przepiórki japońskiej prowadzonych od 2004 roku w Katedrze Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt SGGW, włączono sekwencje mikrosatelitarne (GUJ0001, GUJ0014, GUJ0052, GUJ0055, GUJ0087) specyficzne dla przepiórki japońskiej [8].

Mimo dużego zainteresowania badaczy poszukiwaniem QTL u drobiu, zwłaszcza u kur, niewiele prac badawczych dotyczyło identyfikacji regionów QTL u przepiórki japońskiej. Minvielle i wsp. [24] byli jednymi z pierwszych, którzy poszukiwali genów odpowiedzialnych za wzrost, jakość i liczbę jaj oraz wykorzystanie i spożycie paszy przez przepiórkę japońską. W swych badaniach zastosowali sekwencje mikrosatelitarne kury, ale także specyficzne dla przepiórki japońskiej. W tabeli przedstawiono zgromadzone informacje literaturowe dotyczące lokalizacji chromosomowej QTL oraz sprzężonych z nimi markerów przepiórki japońskiej. Minvielle i wsp. [24] przypuszczają, że położenie QTL (91 cM) odpowiedzialnego za nadmierną odpowiedź na stres wyklucza jego sprzężenie z ważnymi cechami produkcyjnymi. Natomiast, skoro QTL masy ciała (18 cM, 19 cM) i spożycia paszy (19 cM) zostały zmapowane w niewielkiej odległości od siebie, to cechy te mogą być kodowane przez jeden gen. W niedalekiej odległości od siebie zostały zlokalizowane w chromosomie CJA06 (32 cM i 34 cM, odpowiednio), QTL wieku rozpoczęcia nieśności, masy jaja i liczby zniesionych jaj (markery flankujące GUJ0087 i GUJ0054). Jednakże Minvielle i wsp. [24] zaobserwowali negatywny addytywny efekt QTL wieku rozpoczęcia nieśności i pozytywny liczby zniesionych jaj. Dalsze ich badania [25] wykazały, iż występuje niewielki addytywny wpływ QTL na nieśność obserwowaną na krzywej nieśności w 3. tygodniu (tab.). Kolejne lata poszukiwania genów cech ilościowych u przepiórki japońskiej przyniosły doniesienia o identyfikacji w chromosomie CJA01 QTL masy ciała w dniu wyklucia i cech związanych z przyrostem masy ciała (efekt addytywny

ny wahał się od 1,0 do 3,7) [28]; QTL masy ciała w dniu wyklućcia, w 1. i 4. tygodniu życia [26] oraz QTL masy ciała w 3., 4., 5. i 6. tygodniu życia, średniego przyrostu dziennego oraz wykorzystania paszy (wskaźnik Kleiber'a) [5] – tabela. Beaumont i wsp. [4] zidentyfikowali QTL odpowiedzialne za masę ciała w 2. tygodniu życia, bezruchu tonicznego i liczbę bodźców do momentu reakcji. Wykorzystując metodę sekwencjonowania nowej generacji, która pozwoliła na identyfikację ogromnej liczby SNP w chromosomie 1, Fresard i wsp. [7] wykazali istotny związek między czasem trwania bezruchu tonicznego u przepiórki japońskiej a regionem genu DMD (dystrofiny).

W stadzie doświadczalnym przepiórki japońskiej, należącym do Katedry Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt Wydziału Nauk o Zwierzętach SGGW, podlegającym selekcji w kierunku zwiększonej masy ciała [22], od 2004 roku prowadzony jest molekularny monitoring [8]. Przy wyborze sekwencji mikrosatelitarnych do badań kierowano się ich lokalizacją w pobliżu genów, które mogą mieć powiązanie z cechami obserwowanymi i podlegającymi selekcji [8]. Dotyczyło to zarówno 25 sekwencji zaczerpniętych z genomu kury domowej (13 markerów mikrosatelitarnych, które w badaniach prowadzonych przez innych autorów wykazały związek z masą ciała lub otluszczeniem u kur oraz 12, które mogły być traktowane jako „neutralne” ze względu na kierunek selekcji), jak i 5 sekwencji mikrosatelitarnych specyficznych dla przepiórki japońskiej [8]. Przeprowadzona analiza powiązań cech ilościowych z genotypem pod względem sekwencji mikrosatelitarnych wykazała, iż w pokoleniu dziesiątym po selekcji nosiciele niektórych alleli następujących sekwencji STR: ADL0024, ADL0106, ADL0134, ADL0142, ADL0143, ADL0255, ADL0272, GUJ0001, GUJ0014, GUJ0052 i GUJ0087 odznaczyli się wyższymi wartościami analizowanych cech (masa ciała i długość skoku w 7. i 28. dniu życia) w porównaniu do ptaków, które w swym genotypie nie miały odpowiednich alleli sekwencji mikrosatelitarnych [8]. Dalsza ocena łączna genotypów markerowych wykazała prawdopodobne współdziałanie i związek niektórych alleli sekwencji: ADL0024, ADL0134, ADL0142, ADL0143, ADL0255 oraz GUJ0001 z QTLs wpływającymi na zwiększenie masy ciała ptaków w 28. dniu życia, która jest podstawą selekcji badanej populacji przepiórki japońskiej [8].

Przeprowadzone badania umożliwiły lepsze poznanie genomu przepiórki japońskiej (*Coturnix japonica*) i należy mieć nadzieję, że doprowadzą w najbliższej przyszłości do zsekwencjonowania jej genomu, przez co przyczynią się do bardziej wszechstronnego wykorzystania tego gatunku jako zwierzęcia modelowego.

Literatura: 1. Bartyl B.J., Grzegorzóka B., Gołębiewski M., Szaro P., Bakoń L., Szal B., Gruszczynska J., 2013 – Mat. konf. XXV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie WPSA, Zegrze 2-4 września, 38-39. 2. Baylan M.,

Canogullari S., Sahin A., Copur G., 2009 – J. Anim. Vet. Adv. 8 (7), 1385-1391. 3. Baylan M., Canogullari S., Sahinler S., Uluocak A.N., Copur G., 2009 – J. Anim. Vet. Adv. 8 (5), 962-970. 4. Beaumont C., Roussot O., Feve K., Vignoles F., Leroux S., Pitel F., Faure J.M., Mills A. D., Guemene D., Sellier N., Mignon-Grasteau S., Le Roy P., Vignal A., 2005 – Anim. Genet. 36, 401-407. 5. Esmailzadeh A.K., Baghizadeh A., Ahmadzadeh M., 2012 – Anim. Prod. Sci. 52, 64-68. 6. Farahat G.S., El-Full E.A., 2012 – Egypt. Poultr. Sci. 32 (III), 443-456. 7. Frésard L., Leroux S., Dehais P., Servin B., Gilbert H., Bouchez O., Klopp C., Cabau C., Vignoles F., Feve K., Ricros A., Gourichon G., Diot C., Richard S., Leterrier C., Beaumont C., Vignal A., Minvielle F., Pitel F., 2012 – BMC Genomics 13, 551. 8. Gruszczynska J., 2013 – Molekularny monitoring doświadczalnej populacji przepiórki japońskiej (*Coturnix japonica*) w warunkach selekcji kierunkowej. Rozprawa habilitacyjna. Wydawnictwo SGGW. 9. Gruszczynska J., Michalska E., 2013 – Anim. Sci. Pap. Rep. 31 (1), 73-84. 10. Grzegorzóka B., Michalska E., 2005 – Roczn. Nauk. PTZ 1, supl. 2, 117-127. 11. Grzegorzóka B., Michalska E., 2008 – Ann. Warsaw Univ. of Life Sci. – SGGW, Anim. Sci. 45, 47-52. 12. Grzegorzóka B., Tarasiuk K., Tryc K., 2012 – Mat. konf. XXIV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie PO WPSA, Kołobrzeg 12-14 września, 69-70. 13. Grzegorzóka B., Tryc K., 2013 – Mat. konf. XXV Międzynarodowe Sympozjum Drobiarskie WPSA, Zegrze 2-4 września, 46-47. 14. Inoue-Murayama M., Kayang B.B., Kimura K., Ide H., Takahashi H., Nagamine Y., Takeda T., Hanada H., Tadsuda K., Tsudzuki M., Matsuda Y., Murayama M., Ito S., 2001 – Anim. Genet. 32(1), 7-11. 15. Kayang B.B., Fillon V., Inoue-Murayama M., Miwa M., Leroux S., Fève K., Monvoisin J.L., Pitel F., Vignoles M., Mouilhayrat C., Beaumont C., Ito S., Minvielle F., Vignal A., 2006 – BMC Genomics 7, 101. 16. Kayang B.B., Inoue-Murayama M., Hoshi T., Matsuo K., Takahashi H., Minezawa M., Mizutani M., Mizutani M., Ito S., 2002 – Genet. Sel. Evol. 34, 233-253. 17. Kayang B.B., Inoue-Murayama M., Nomura A., Kimura K., Takahashi H., Mizutani M., Ito S., 2000 – J. Hered. 91 (6), 502-505. 18. Kayang B.B., Inoue-Murayama M., Takahashi H., Minezawa M., Tsudzuki M., Mizutani M., Ito S., 2003 – Anim. Sci. J. 74, 255-259. 19. Kayang B.B., Vignal A., Inoue-Murayama M., Miwa M., Monvoisin L., Ito S., 2004 – Anim. Genet. 35, 195-200. 20. Marks H.L., 1996 – Poult. Sci. 75 (10), 1198-1203. 21. Michalska E., 1992 – Anim. Sci. Pap. Rep. 10, 27-34. 22. Michalska E., 2009 – Znaczenie selekcji i dryfu w zamkniętych populacjach. Sprawozdanie z grantu MEiN nr 2P06D01329. Dane niepublikowane. 23. Michalska E., Korzyńska-Nowak R., 1992 – Prac. Mat. Zoot. 42, 91-101. 24. Minvielle F., Kayang B.B., Inoue-Murayama M., Miwa M., Vignal A., Gourichon D., Neau A., Monvoisin J.L., Ito S., 2005 – BMC Genomics 6, 87-96. 25. Minvielle F., Kayang B.B., Inoue-Murayama M., Miwa M., Vignal A., Gourichon D., Neau A., Monvoisin J.L., Ito S., 2006 – BMC Genetics. 7, 26 doi:10.1186/1471-2156-7-26. 26. Nejad E.R., Pakdel A., Miraei S., Yagane H.M., Yaghoobi M.M., 2013 – Iranian J. Anim. Sci. 43 (3), 307-315. 27. Pang S.W.Y., Ritland C., Carlson J.E., Cheng K.M., 1999 – Anim. Genet. 30, 195-199. 28. Sohrabi S.S., Esmailzadeh A.K., Baghizadeh A., Moradian H., Mohammadabadi M.R., Askari N., Nasirifar E., 2012 – Anim. Prod. Sci. 52 (11), 1012-1018. 29. Vali N., 2009 – Asian J. Poultr. Sci. 3 (4), 132-137.

Finding and identifying QTLs in Japanese quail (*Coturnix japonica*)

Summary

The Japanese quail genome has received relatively little study. Despite significant interest in the search for QTL in poultry, particularly chickens, there has been little research devoted to the identification of QTL regions in Japanese quail. Studies by various researchers have led to the identification of QTLs for laying capacity, body weight, feed efficiency and growth in Japanese quail. Molecular monitoring has been conducted since 2004 in an experimental herd of Japanese quail selected for increased body weight, belonging to the Department of Genetics and Animal Breeding, Faculty of Animal Sciences, SGGW. Analysis of relationships between quantitative traits and genotype with regard to microsatellite sequences confirmed that a given allelic form usually occurred in birds with higher or lower values for these traits. In the 10th generation, carriers of some alleles of ADL0024, ADL0106, ADL0134, ADL0142, ADL0143, ADL0255, ADL0272, GUJ0001, GUJ0014, GUJ0052 and GUJ0087 had higher values for the traits analysed than birds which did not have these alleles in their genotype. Analysis of marker genotypes demonstrated that some alleles of ADL0024, ADL0134, ADL0142, ADL0143, ADL0255 and GUJ0001 were associated with increased body weight at 28 days of age, which was the basis for selection in the population investigated. These findings have enabled the genome of the Japanese quail to become better known and in the near future may lead to sequencing of its genome, thus contributing to a more comprehensive use of this species as an animal model in research.

KEY WORDS: Japanese quail, QTL, microsatellite sequences