

پیش‌بینی مؤلفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات وزن بدن آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی با در نظر گرفتن آثار ژنتیکی غیرافزایشی

• خدیجه ابراهیمی

دانش آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

• غلامرضا داشاب (نویسنده مسئول)

دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

• هادی فرجی آروق

استادیار ژنتیک و اصلاح دام، پژوهشکده دام‌های خاص، دانشگاه زابل

• علی مقصودی

استادیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل تاریخ دریافت: تیر ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش: مهر ۱۳۹۷

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۵۵۴۴۱۴۷۹

• محمد رکوعی

دانشیار اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

Email: dashab@uoz.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.122530.1737

چکیده

صفات رشد در پرندگان گوشتی از صفات مهم اقتصادی در برنامه‌های اصلاح نژادی هستند. بخش قابل توجهی از عملکرد رشد در پرندگان نتیجه اثر ترکیبی ژن‌ها است، که بهره‌گیری از این اثرات ترکیبی نیازمند طراحی یک سیستم مطلوب جفت‌گیری جهت استفاده از قابلیت ترکیبی عام و خاص ژن‌ها می‌باشد. این مطالعه با هدف پیش‌بینی مؤلفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات وزن بدن در جمعیت آمیخته حاصل از تلاقی دی آلل کراس چهار سوبه بلدرچین با استفاده از مدل‌هایی شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی غیرافزایشی انجام شد. برآورد مؤلفه‌های واریانس برای صفات وزن شامل وزن هج، وزن‌های ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۳۰، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی با مدل دام تک-صفتی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس انجام گرفت. نمونه‌گیری گیبس با ۱۵۰۰۰۰ سیکل، دور سوخته ۱۵۰۰۰ و فواصل ۱۰۰ انجام شد. وراثت‌پذیری صفات فوق به ترتیب ۰/۲۲۶، ۰/۲۰۱، ۰/۰۲۲، ۰/۰۵۳، ۰/۰۰۴، ۰/۱۲۹، ۰/۰۸۷، ۰/۴۱۷ و ۰/۰۴۶ برآورد شدند. در صفات وزن مربوط به سنین اولیه رشد، سهم اثرات ژنتیکی مستقیم کم بود و با افزایش سن پرنده به سهم واریانس افزایشی پرنده افزوده شد. افزودن اثرات ژنتیکی غیرافزایشی شامل غلبه و ایستاتیک در مدل باعث کاهش واریانس خطا و افزایش دقت برآورد‌های واریانس ژنتیک افزایشی گردید. هرچند نسبت واریانس‌های غلبه و ایستاتیک برای صفات وزن مورد بررسی کمتر از ۴ درصد واریانس کل بود، اما ورود این اثرات در مدل باعث گردید تا واریانس ژنتیکی افزایشی دقیق‌تر برآورد گردد.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی، ایستاتیک، غلبه، دی آلل کراس

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 123 pp: 285-300

Estimation of variance components and genetic parameters of body weight traits in crossbreds of Japanese quail with considering non-additive genetic effects.

By: Khadijeh Ebrahimi¹, Gholam Reza Dashab², Hadi Faraji- Arough³, Ali Maghsoudi⁴, Mohammad Rokouei⁵

1. MSc of Animal Breeding, Department of Animal Science, Agriculture Faculty, University of Zabol, Zabol, Iran

2. Associate Professor of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science, Agriculture Faculty, University of Zabol, Zabol, Iran

3. Assistant Professor of Animal Breeding and Genetic, Research Center of Special Domestic Animals, University of Zabol, Zabol, Iran.

4. Assistant Professor of Animal Breeding and Genetic, Department of Animal Science and Bioinformatics, Agriculture Faculty, University of Zabol, Zabol, Iran

5. Associate Professor of Animal Breeding, Department of Animal Science and Bioinformatics, Agriculture Faculty, University of Zabol, Zabol, Iran

Received: July 2018

Accepted: October 2018

Growth traits in broiler chicken are important economic traits in breeding programs. A major part of the growth performance in birds is the result of the gens combination, which use of these combined effects requires the optimal design for mating system to use the general and specific genes' combining ability. The aim of this study was to estimate variance components and genetic parameters for body weight traits in a crossbred population of four Japanese quail strains from of partial diallel cross design using an animal model includes direct additive and non-additive genetic effects. The estimation of variance components for body weight traits, including hatch weight and weights at 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40 and 45 days-old were performed using a single-trait animal model via Gibbs sampling. Gibbs chains with 1,500,000 iterations were generated, with an initial discard of 150,000 samples and a sampling interval of 100 iterations. The estimated heritability of the above mentioned traits were 0.655, 0.276, 0.201, 0.022, 0.053, 0.04, 0.129, 0.087, 0.417 and 0.046, respectively. The contribution of direct additive genetic variance was lower in early weighting traits and the additive variance contribution was incremented with an increase in the bird's age. Adding non-additive genetic effects, including dominance and epistasis in the model, reduced the error variance and increased the accuracy of additive genetic variance estimates. Although, the ratio of dominance and epistatic variances for studying body weight traits was less than 4% of the total variance, but fitting of these effects in model led to a more accurate estimate of the direct additive genetic.

Key words: Japanese quail, epistatic, dominance, diallel cross.

مقدمه

عوامل متعددی از قبیل روش و مدل آماری، ساختار ژنتیکی پرنده، اندازه جمعیت، روابط خویشاوندی بین افراد، مدیریت، تغذیه و دیگر عوامل محیطی، مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی وزن بدن بلدرچین ژاپنی را تحت تأثیر قرار می‌دهند (Mielenz و همکاران، ۲۰۰۶؛ Sezer، ۲۰۰۷).

تاکنون در مطالعات متعدد در جمعیت‌های انتخابی و غیرانتخابی

ویژگی‌هایی نظیر رشد سریع، فاصله نسلی کوتاه، بلوغ جنسی زودرس، توانایی تولید تخم بالا و مقاومت در برابر بیماری‌ها باعث شده است که بلدرچین در اروپا جهت تولید گوشت، در ژاپن جهت تولید تخم و در سایر کشورهای آسیایی به عنوان پرنده دو منظوره پرورش داده شود (Narinc و همکاران، ۲۰۱۴؛ Narinc و همکاران، ۲۰۱۶؛ Molino و همکاران، ۲۰۱۵).

محققین اصلاح نژاد بوده و در این ارتباط، روش بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس به عنوان روشی نوین و قدرتمند در سرتاسر دنیا مورد توجه قرار گرفته است (جسوری و همکاران، ۱۳۹۱). نمونه‌گیری گیبس روش انتگرال‌گیری عددی و یکی از روش‌های زنجیره مارکوف مونت کارلو (MCMC) است. به دلیل ساختن اعدادی تصادفی از توزیع‌های خاص، هر نمونه به نمونه قبلی خود بستگی دارد که آن را زنجیره مونت کارلو نامیده‌اند. نمونه‌گیری گیبس، نمونه‌های تصادفی از توزیع‌های پسین حاشیه‌ای، با استفاده از نمونه‌گیری تکراری از توزیع‌های پسین شرطی تولید می‌شوند. در این الگوریتم، نمونه‌های ابتدایی حذف می‌شوند (دوره‌های سوخته). به طور خلاصه، کاربرد نمونه‌گیری گیبس شامل تعریف توزیع‌های پیشین و چگالی پسین توأم و سپس تشکیل توزیع‌های پسین شرطی کامل و نمونه‌گیری از آنهاست. روش بیزی به طور موفقیت‌آمیزی در برآورد پارامترهای ژنتیکی در اصلاح دام و طیور مورد استفاده قرار گرفته است. یک مزیت مهم روش بیزی فواصل قابل اعتماد برآوردهای پارامترهای ژنتیکی هستند (Sorensen و Gianola، ۲۰۰۲). عمده پژوهش‌های تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی در بلدرچین ژاپنی بر اساس روش حداکثر درستنمایی محدود شونده (REML) و مدل افزایشی انجام گرفته (Aggrey و Cheng، ۱۹۹۴؛ Saatci و همکاران، ۲۰۰۳)، لذا هدف از مطالعه حاضر پیش‌بینی مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و غیرژنتیکی صفات وزن در بلدرچین ژاپنی با روش بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس در قالب مدل با اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها می‌باشد.

مواد و روش‌ها

تحقیق حاضر روی داده‌های وزن بدن جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی انجام شد. بدین منظور جهت ایجاد جمعیت آمیخته، از چهار سویه بلدرچین ژاپنی موجود در پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل استفاده شد. سویه‌های مورد استفاده برای تلاقی چهار نسلی شامل سویه‌های خالدار ایتالیایی^۱ (A)، تکسدو^۲ (B)، وحشی^۳ (C) و ای ام تگزاس (D) بودند. طرح تلاقی مورد استفاده برای

برای صفات تولیدی از جمله صفات رشد و وزن، این پرند مورد توجه محققین قرار گرفته است (Siegel و همکاران، ۲۰۰۶). صفات رشد از جمله وزن بدن و افزایش وزن روزانه مانند دیگر صفات کمی، تحت تأثیر عوامل ژنتیکی و غیرژنتیکی مانند سال و فصل تولید، جنس، تغذیه، سازگاری، مدیریت و شرایط آب و هوایی قرار دارد (Hussain و همکاران، ۲۰۱۴). انتخاب برای یک یا چند صفت ممکن است اثر منفی بر بهبود صفاتی داشته باشد که با هم تضاد ژنتیکی دارند (Silva و همکاران، ۲۰۱۳).

هدف برنامه‌های اصلاح نژادی در طیور، بهبود ظرفیت ژنتیکی جوجه‌ها از طریق انتخاب و برنامه‌های آمیخته‌گری است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۴). بخشی از توانایی تولید پرندگان در نتیجه دورگ‌گیری بین لاین‌ها و سویه‌های مختلف حاصل می‌شود که نتیجه آثار ژنتیکی غیرافزایشی شامل غالبیت و اپیستازی هستند که تحت عنوان هتروزیس شناخته می‌شوند (Li و همکاران، ۲۰۰۶). حداکثر دسترسی به این ظرفیت ژنتیکی مستلزم طراحی سیستم جفت‌گیری مناسب جهت استفاده از قابلیت ترکیب عام و خاص بین ژن‌ها است. گزارشات مختلفی در مورد آثار ترکیبی ژن‌ها (هتروزیس) بروی صفات درصد جوجه درآوری، نرخ بقا و زنده‌مانی و سن اولین تخمگذاری نیز گزارش شده است (Piao و همکاران، ۲۰۰۴).

هتروزیس مثبت در تلاقی بین سویه‌هایی که انتخاب دو طرفه برای افزایش و کاهش وزن داشته‌اند، برای صفات وزن در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (Moritsu و همکاران، ۱۹۹۷). گزارشاتی مبنی بر نقش ترکیبی ژن‌ها (عمدتاً از طریق غلبه) روی تمام پارامترهای ژنتیکی جمعیت‌های آمیخته نیز وجود دارد (Rohe و همکاران، ۲۰۰۰). Mielenz و همکاران (۲۰۰۶) نسبت غالبیت (d^2) برای صفات وزن را در دامنه بین ۰/۲۳ تا ۰/۳۵ گزارش نمودند که بالا بودن این نسبت می‌تواند به واسطه عوامل محیطی ناشناخته، اثر تنی‌های غیرخویشاوند، عواملی محیطی مشترک و دائمی مادر و ناکافی بودن تعداد مشاهدات در تحقیق باشند.

توسعه روش‌های آماری در چند دهه گذشته مورد نظر اکثر

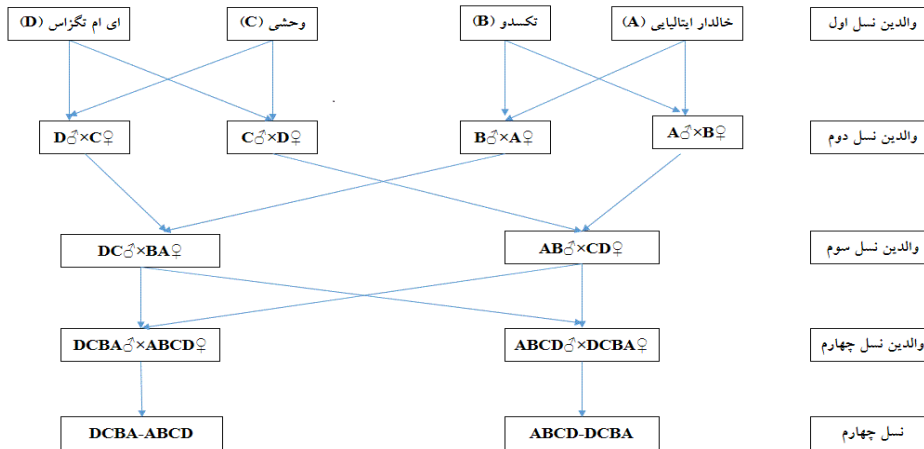
¹Italian Speckled

²Tuxedo

³Wild

جهت تولید جمعیت آمیخته در این تحقیق را نشان می‌دهد.

ایجاد جمعیت آمیخته، تلاقی دی آلل کراس جزئی بود که در طی چهار نسل ایجاد شد. شکل ۱ طرح آمیخته‌گری مورد استفاده



شکل ۱- طرح آمیخته‌گری دی آلل جزئی چهار نسلی چهار سویه بلدرچین ژاپنی

ژاپنی استفاده شد:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2d + Z_3ad + e \quad (\text{مدل ۱})$$

در معادله بالا y بردار مشاهدات وزن بدن در سنین مختلف، b بردار اثرات ثابت (ماه جوجه درآوری، دوره هج، جنس و ترکیبات ژنی)، a ، d و ad به ترتیب بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، غلبه و اپیستازی (غلبه × افزایشی)، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده مشاهدات به اثرات ثابت، Z_1 ، Z_2 و Z_3 به ترتیب ماتریس‌های ضرایب که مشاهدات را به ترتیب به اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، غلبه و اپیستازی (غلبه × افزایشی) ارتباط می‌دهند و e بردار اثرات تصادفی عوامل غیرقابل کنترل یا خطاهای آزمایشی هستند.

مؤلفه‌های واریانس-کواریانس و پارامترهای ژنتیکی از طریق نمونه‌گیری گیبس و با استفاده از نرم‌افزار GIBBS3F90 پیش-

در هر نسل، جوجه‌ها بعد از تفریح و اندازه‌گیری وزن توسط سنجاق قفلی در روز اول جهت ثبت شماره‌گذاری گردیدند. جوجه‌ها از روز اول تا ۴۵ روزگی با جیره متعادل شده استاندارد های NRC (شامل ۲۵ درصد پروتئین و ۲۹۰۰ کیلوکالری انرژی متابولیسمی بر کیلوگرم) تغذیه شدند. در طول مدت رشد آب و خوراک به صورت آزاد در اختیار جوجه‌ها قرار داده شد و از برنامه نوری ۲۴ ساعت برخوردار بودند. دمای اتاق پرورش جوجه در هفته اول ۳۵، هفته دوم ۳۰ و برای بقیه هفته‌ها ۲۰-۲۵ درجه سانتی‌گراد در نظر گرفته شد. جوجه‌ها از روز هج تا ۴۵ روزگی به فاصله پنج روز توسط ترازوی دیجیتالی با دقت یک صدم وزن‌کشی شدند. در کل ۱۷۹۴ رکورد حاصل از ۷۰ نر و ۷۲ ماده بدست آمدند.

از یک مدل حیوانی که معادله آن در ادامه ارائه شده، برای تجزیه و تحلیل تک متغیره صفات وزن بدن جمعیت آمیخته بلدرچین

ارائه شده است. میانگین وزن آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی در زمان تفریح برابر ۹ گرم و در ۴۵ روزگی حدود ۲۳۱ گرم بودند. میزان تنوع (ضریب تغییرات) صفات وزن با افزایش تا پایان دو هفتهگی افزایش یافت (حدود ۳۳ درصد) و بعد از آن رو به کاهش بود. به طور کلی دامنه ضریب تغییرات بین ۱۲/۷۹ تا ۳۳ درصد متغیر بود. میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا ۳۰ روزگی افزایش یافت و به ۷/۲۱ گرم در روز رسید و بعد از این سن مقداری کاهش یافت.

بینی شدند (Misztal و همکاران، ۲۰۰۲) و ماتریس‌های غلبه و ایستازی توسط بسته نرم‌افزاری nadiv (Wolak، ۲۰۱۲) ایجاد گردید. در کل ۱۵۰۰۰۰۰ نمونه، با دوره سوخته ۱۵۰۰۰۰ نمونه و فاصله نمونه‌گیری ۱۰۰ تولید شدند و همگرایی پارامترها نیز توسط الگوریتم Geweke با استفاده از نرم افزار POSTGIBBSF90 انجام شد (Misztal و همکاران، ۲۰۰۲).

نتایج و بحث

ویژگی‌های توصیفی صفات وزن در سنین مختلف در جدول ۱

جدول ۱- آمار توصیفی صفات وزن بدن در آمیخته‌های چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی

صفات	تعداد رکورد	میانگین	میانگین افزایش وزن روزانه	انحراف استاندارد	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات
W ₀	۱۷۹۴	۸/۵۲	۰	۱/۰۹	۴/۸۵	۱۱/۹۱	۱۲/۷۹
W ₅	۱۳۱۹	۱۶/۹۸	۱/۶۸	۴/۱۵	۵/۶۴	۳۲/۴۸	۲۴/۴۴
W ₁₀	۱۰۱۶	۳۱/۶۹	۲/۹۴	۱۰/۴۶	۱۰/۰۴	۷۵/۵۶	۳۳/۰۰
W ₁₅	۸۶۶	۵۵/۲۶	۴/۷۱	۱۸/۲۴	۱۳/۶۴	۱۱۲/۱۸	۳۳/۰۰
W ₂₀	۷۸۴	۸۶/۴۵	۶/۲۳	۲۴/۶۹	۱۵/۵۶	۱۸۵/۴۴	۲۸/۵۶
W ₂₅	۷۴۴	۱۱۷/۳۱	۶/۱۷	۲۹/۲۴	۳۷/۴۰	۲۰۴/۰۹	۲۴/۹۲
W ₃₀	۷۳۰	۱۵۳/۳۵	۷/۲۱	۳۵/۲۳	۵۰/۰۶	۲۵۹/۹۸	۲۲/۹۷
W ₃₅	۷۱۸	۱۷۸/۴۳	۵/۰۲	۳۵/۰۷	۶۲/۰۶	۲۹۵/۸۶	۱۹/۶۵
W ₄₀	۷۰۷	۲۰۵/۸۷	۵/۴۹	۶۹/۳۶	۸۳/۷۱	۳۱۴/۱۲	۱۲/۸۲
W ₄₅	۷۰۶	۲۳۰/۷۲	۴/۹۷	۴۰/۷۷	۱۱۰/۱۴	۴۶۷/۷۷	۱۷/۶۷

از W₀ تا W₄₅ صفات وزن بدن از یک‌روزگی تا ۴۵ روزگی می‌باشد و همه اعداد به گرم می‌باشند.

هفته‌ای حدود ۸۸/۴۲ درصد گزارش شده است (Magda و همکاران، ۲۰۱۰)، در مطالعه دیگری افزایش وزن تا سن ۵ هفتهگی سعودی، اما بعد از این سن نزولی گزارش شده است (Momoh و همکاران، ۲۰۱۴).

نتایج تجزیه واریانس و میانگین حداقل مربعات اثرات محیطی شامل ماه، دوره هج و جنسیت و نیز اثرات ترکیب‌های ژنی بر

Jones و Hughes (۱۹۷۸) میانگین افزایش وزن روزانه بلدرچین‌ها را در نسل دوم ۴/۸ گرم گزارش کردند. Hassen و همکاران (۲۰۰۳) نیز مشابه مطالعه حاضر سرعت رشد افزایشی تا بلوغ در جمعیت‌های خالص و تحت انتخاب دو طرفه بلدرچین ژاپنی را گزارش نمودند (۰/۳۵ تا ۷ گرم در روز). همچنین، در یک مطالعه ضریب تنوع صفات وزن بلدرچین در یک دوره ۲ تا ۴

در یک مطالعه اثر هتروزیس برای وزن بدن در نرها در ابتدای تولد و سنین ۲، ۱ و ۳ هفتگی و برای ماده‌ها در سنین ۱ و ۲ هفتگی منفی بود، اما برای نرها اثر هتروزیس در سن ۴ هفتگی و برای ماده‌ها در سن ۳ و ۴ هفتگی مثبت گزارش شد (Rezvannejad و همکاران، ۲۰۱۳). همچنین، در مطالعه دیگری اثر هتروزیس برای وزن بدن در ماده‌ها طی سن ۶-۴ هفتگی معنی‌دار، اما در سنین ۱۵-۱۰ هفتگی غیرمعنی‌دار گزارش شده است (Piao و همکاران، ۲۰۰۴).

میانگین حداقل مربعات اثرات ثابت بر صفات وزن در سنین مختلف در جدول ۲ ارائه شده است. میانگین حداقل مربعات ماه پرورش بر اکثر صفات وزن معنی‌دار بود. براساس نتایج پژوهش حاضر، پرنده‌ها در ماه‌های فصل زمستان کمترین نرخ رشد و در ماه‌های بهار بالاترین نرخ رشد را در اکثر صفات نشان دادند. در مورد تمام صفات مورد بررسی جنس ماده وزن بالاتری نسبت به جنس نر داشت و میزان تفاوت وزنی بین دو جنس با افزایش سن بیشتر شد (جدول ۲). بخشی از تفاوت‌های وزن در دو جنس نر و ماده بعد از ۳۵ روزگی که نزدیک بلوغ پرندگان است ممکن است مربوط به توسعه و تکامل سیستم تولید مثلی شامل تخمدان‌ها و لوله اویداکت جهت شروع تولید تخم در جنس ماده باشد (Minvielle، ۲۰۰۴). عوامل زیادی نظیر عوامل محیطی، ژنتیکی و فتوتروپی می‌تواند سن بلوغ جنسی را تحت تاثیر قرار دهد. بر اساس گزارش Meyer (۱۹۸۹) تغییرات فصلی و حتی تغییرات در طول شبانه روز می‌تواند در نرخ رشد پرندگان مؤثر باشد. ماده‌ها معمولاً دارای وزن بیشتری نسبت به نرها بوده و با انتخاب حیوانات برتر، می‌توان نرخ رشد و تولید در پرندگان را بهبود بخشید (Sahitya Rani و Krishna، ۲۰۱۷).

Manaa و همکاران (۲۰۱۵) نرخ رشد نسبی را در دو نسل بلدرچین مورد بررسی قرار دادند، که بالاترین مقدار برای صفت

صفات وزن بلدرچین ژاپنی در جداول ۲ و ۳ ارائه شده است. بر اساس نتایج این پژوهش، اثرات ماه پرورش بر تمام صفات وزن معنی‌دار بود ($P < 0/01$). این تغییرات به واسطه تغییرات شرایط محیطی و مدیریت پرورشی است. دوره هیچ و جنسیت پرنده نیز اثرات معنی‌داری بر تمام صفات وزن داشت ($P < 0/01$). تأثیر جنسیت بر وزن پرندگان، به واسطه تغییرات هورمونی و اسکلتی و دوشکلی بودن ساختار ژنتیکی در جنس نر و ماده پرندگان ایجاد می‌شود (Sezer، ۲۰۰۷).

توان تولیدی پرندگان در نتیجه اثرات مربوط به ترکیب پذیری عام ژن‌ها به واسطه اثرات افزایشی و ترکیب پذیری خاص ژن‌ها به واسطه اثرات غیرافزایشی تحت تأثیر قرار می‌گیرد. اثرات ترکیبی ژن‌ها در چهار سویه بلدرچین ژاپنی طی نسل‌های مختلف بر اکثر صفات وزن بجز وزن ۱۵، ۲۰ و ۴۵ روزگی معنی‌دار بود ($P < 0/01$).

تأثیر عوامل محیطی بر وزن بدن در زمان هیچ بسیار زیاد است، اما با افزایش سن پرنده از سهم اثرات محیطی کم می‌شود (Saatci و همکاران، ۲۰۰۳). Minvielle (۲۰۰۴) گزارش کرد که جنس پرنده اثر قابل ملاحظه‌ای بر وزن بدن در سن ۴ هفتگی دارد، زیرا بلوغ جنسی از ۳ الی ۴ هفتگی شروع می‌شود و این زمان مقارن با حداکثر رشد پرنده ماده در ۴ هفتگی است که عمدتاً به واسطه تجمع بافت‌های تخمدانی است. Rezvannejad و همکاران (۲۰۱۳) گزارش کردند که ماده‌ها در سن ۴ هفتگی دارای وزن بالاتری نسبت به نرها بوده و اختلاف معنی‌داری بین جنس‌ها در ۴ هفتگی و بالاتر وجود دارد. همچنین، اثرات متقابل (سن با جنسیت پرنده) برای وزن بدن در نرها و ماده‌ها در تمام سنین به جز سن ۴ هفتگی در نرها و سن ۳-۴ هفتگی در ماده‌ها معنی‌دار بود ($P < 0/01$) که این موضوع نشان‌دهنده حضور اثرات مادری در این صفات است.

است. بر اساس نتایج پژوهش حاضر، روند تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی از هج تا ۴۵ روزگی افزایشی بود. کمترین مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مربوط به وزن هج و بیشترین مقدار در صفت وزن ۴۰ روزگی مشاهده گردید. با توجه به این که صفت وزن هج بیشتر تحت تاثیر اثرات مادری از جمله اندازه تخم، نسبت سفیده به زرده، کیفیت تخم از نظر مقدار و ترکیب غذایی و همچنین شرایط هج قرار دارد کاملاً منطقی است که نسبت واریانس به واسطه پرندگی کمتر از سنین بالاتر باشند (Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲). با افزایش سن پرندگی از اثرات مادری کاسته شده و پرندگی قابلیت‌های شخصی خود را بروز می‌دهد، لذا با افزایش سن بر واریانس ژنتیکی افزایشی افزوده شده است (Meyer، ۱۹۸۹؛ Clement و همکاران، ۲۰۰۱). البته در مطالعه حاضر واریانس افزایشی سن ۴۵ روزگی کمتر از ۴۰ روزگی بود، اما نسبت به سایر صفات وزن در سنین پایین‌تر بیشتر بود که احتمالاً این کاهش به واسطه سن بلوغ و کاهش افزایش وزن نسبت به سنین پایین‌تر باشد.

مذکور را در سنین ۳-۴ هفتگی و به میزان ۳۶ تا ۸۰ درصد گزارش کردند. میانگین حداقل مربعات اثرات دوره تفریح و ترکیبات ژنی حاصل از تلاقی چهار سویه بلدرچین ژاپنی بر صفات وزن در جدول ۳ آورده شده است. نتایج اثرات دوره هج بر صفات وزن بدن در دوره‌های مختلف حیات متفاوت بود. دوره‌های هج ابتدایی موجب کاهش وزن در اکثر صفات و نتایج هج‌های میانی بر صفات وزن مثبت بود که احتمالاً به واسطه شرایط مادری یعنی کمیت و کیفیت تخم تولیدی از نظر اندازه و میزان ذخیره مواد غذایی و آثار آنها بر تمام طول عمر پرندگی باشد (Aggrey و Cheng، ۱۹۹۴؛ Saatci و همکاران، ۲۰۰۳).

همانطور که مشاهده می‌شود (جدول ۳)، اثرات ترکیبات ژنی بر صفات وزن بلدرچین ژاپنی نیز معنی‌دار بود. در صفات مربوط به سنین انتهایی ترکیبات ژنی ABCD و ABCD-DCBA میانگین وزن بالاتری داشتند، اما در مورد وزن تولد پرندگی ترکیبات دو سویه‌ای وزن بالاتری را نشان دادند ($P < 0.01$).

مؤلفه‌های واریانس صفات وزن بعلاوه خطای استاندارد از هج تا ۴۵ روزگی آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی در جدول ۴ ارائه شده

جدول ۲- مقادیر میانگین حداقل مرعات صفت وزن بدن برای سطوح مختلف ماه جوجه‌داری و جنس بلدرچین

اثر	W ₀	W ₅	W ₁₀	W ₁₅	W ₂₀	W ₂₅	W ₃₀	W ₃₅	W ₄₀	W ₄₅
ماه	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰
فروردین	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰
اردیبهشت	۰/۴۷۸	-۷/۲۳۳*	۳/۴۸۴	۲/۲۲۸**	۱۹/۱۱۰	۲۰/۵۳۷	۷۸/۰۵۴*	۳۷/۵۹۷**	۴۹/۵۷۰**	۲۹/۳۳۷
خرداد	۰/۴۲۲	-۷/۵۷۳**	-۱۰/۸۵	-۱۰/۷۷	۵/۵۹۱	۵۴/۸۹۱**	۷۰/۹۹۷**	۴۳/۹۵۹*	۳۳/۱۵۳	۱/۵۶۱
شهریور	-۱/۱۷۶***	۳/۴۹۷**	۱۰/۵۶۷**	-۴/۱۴۵	۹/۰۴۸	-۴۴/۴۹۷**	-۱۰۰/۱۲۷**	-۵۰/۶۰۲**	-۲۰/۵۱۶	-۱۸/۰۳۴
مهر	-۰/۳۳۵*	۱/۱۴۰	۱۰/۵۱۱**	۷/۲۹۰	۲۱/۵۶۷**	۷۸/۵۳۳**	-۱۹/۲۶۶*	۳/۴۶۷	۱۵/۲۸۴	۱۰/۰۹۳
دی	-۰/۱۸۷**	۴/۴۹۷**	۰/۴۵۹	۹/۵۷۳*	-۰/۱۹۳	-۴۵/۱۸۱**	-۵۰/۳۳۶**	-۲۷/۱۲۷**	-۱۵/۷۰۳	-۸/۹۸۰
اسفند	-۱/۱۱۴**	-۱/۳۵۱	-۱/۸۸۱	۷/۳۷۱	-۱۰/۹۴۱	-۱۵/۵۵۳*	۱۹/۱۰۳*	-۱۸/۱۹۷*	-۳۸/۳۳۴**	-۴۷/۴۹۰**
جنس	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰
ماده	۰/۳۲۸**	۰/۹۴۵**	۱/۳۷۰*	۳/۳۵۹**	۹/۲۹۴**	۹/۳۹۷**	۹/۹۳۰**	۱۰/۹۲۰**	۱۲/۲۳۰**	۱۷/۹۹۲**
نر	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰

* و ** معنی‌داری میانگین حداقل مرعات به ترتیب در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ می‌باشند
 W₀ تا W₄₅ صفت وزن بدن از یک روزگی تا ۴۵ روزگی می‌باشند و همه اعداد به گرم می‌باشند.

جدول ۳- مقادیر میانگین حداقل مربعات صفات وزن بدن برای سطوح مختلف ترکیب آمیخته‌ها و دوره هج

W ₄₅	W ₄₀	W ₃₅	W ₃₀	W ₂₅	W ₂₀	W ₁₅	W ₁₀	W ₅	W ₀	سطح	اثر
۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۱	دوره هج
-۲/۹۳۸	-۲۱/۲۹۳**	-۵/۹۶۶	۲/۹۵۲	۵/۲۶۸	۵/۲۶۸	۹/۹۹۴**	۴/۸۴۳**	۳/۵۲۸	۰/۶۶۱**	۲	
-۳۲/۰۶۶	-۴۴/۴۲۷**	-۴۸/۸۳۴**	-۴۵/۸۴۹**	-۴۷/۳۴۰**	-۱۳/۴۶۹	-۶/۰۹۰	۰/۱۲۶	۷/۰۶۷**	۰/۲۸۴	۳	
۹/۴۸۸	-۲۲/۸۲۷	-۳۵/۸۰۳**	-۵۹/۵۵۸**	-۵۹/۶۰۸**	-۲/۵۹۸	۵/۶۷۴	۰/۵۵۱	۶/۴۹۷**	-۰/۱۲۰	۴	
۷/۷۱۱	-۱۹/۲۸۳	-۴۴/۳۴۷**	-۴۶/۵۵۴**	-۴۳/۳۸۵**	۹/۸۵۱	۰/۲۲۲	۹/۴۹۵**	۶/۱۵۸**	۰/۸۲۵**	۵	
۱۹/۸۸۳	-۵/۵۱۸	-۲۹/۵۷۵*	-۶۴/۰۹۶**	-۱۸/۹۴۱	۱۹/۰۴۷	-۱/۸۳۳	۱۲/۶۹۶**	۹/۰۷۳**	۰/۹۸۹**	۶	
-۵/۴۸۱	-۲۲/۵۴۸	-۵۲/۲۴۶**	-۹۱/۴۵۸**	-۳۷/۵۶۹**	۲۰/۰۱۹*	۵/۰۳۷	۱۷/۸۶۷**	۷/۸۳۰**	۰/۷۱۳**	۷	
-۵۶/۳۲۱**	-۷۹/۹۰۲**	-۸۶/۸۵۰**	-۷۹/۳۷۲**	-۵۸/۱۳۰**	-۶/۶۲۸	-۱/۲۲۳	-۱/۹۷۵	۴/۰۲۷**	۰/۱۶۶	۸	
۷۸/۱۰۰۲**	-۱۱۷/۹۲۱**	-۱۱۰/۸۷۶**	-۹۴/۴۳۷**	-۷۰/۹۱۸**	-۸/۷۸۴	-۲۵/۹۹۰*	۰/۶۷۰	۶/۱۰۰۷**	-۱/۰۸۰**	۹	
-۷۴/۳۲۶*	-۱۲۴/۱۰۲**	-۱۴۵/۱۷۴**	-۱۶۷/۹۳۸**	-۱۲۹/۶۶۲**	-۱۱/۷۵۵	۶/۲۷۵	۲/۰۱۳	۹/۸۲۷**	-۰/۷۴۴	۱۰	
-۱۳/۸۰۱	-۸/۸۶۳	-۱۰/۸۸۸	-۷/۱۲۹	-۵/۰۴۲	-۶/۵۷۸	-۶/۰۹۱	-۳/۳۸۴	-۱/۷۱۵	-۰/۴۱۹	AB	ترکیب
۲۱/۹۸۹	۳۵/۳۱۹	۴۸/۳۲۴**	۸۳/۴۲۱**	۲۷/۲۷۸	-۳/۰۶۰	۵/۷۶۶	-۱۷/۰۱۸**	-۱۱/۲۹۹**	-۰/۶۹۷	ABCD	
۳۰/۳۲۵	۴۷/۵۱۹**	۵۳/۱۸۳**	۵۵/۲۷۴**	۴۲/۳۸۴**	-۰/۶۹۸	۰/۵۵۷	-۸/۲۸۷*	-۷/۶۰۶**	۰/۷۱۷*	ABCD-DCBA	
-۱۵/۳۵۵	-۱۵/۸۰۹	-۱۶/۷۰۱	-۱۴/۵۰۹	-۱۳/۳۲۱	-۸/۹۹۴	-۷/۲۸۴	-۴/۰۴۱	-۲/۱۸۲*	-۰/۹۱۳**	BA	
۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	CD	
-۱۵/۵۴۳	-۱۱/۹۶۹	-۱۳/۱۲۳	-۱۲/۳۷۳	-۱۲/۸۰۸	-۷/۱۲۱	-۴/۳۱۰	-۱/۷۱۷	-۰/۸۹۵	-۰/۸۸۰	DC	
۱۵/۸۶۹	۲۴/۴۷۲	۳۵/۶۵۸	۷۸/۱۱۲**	۲۱/۶۶۸	-۳/۰۱۵	۵/۷۷۸	-۱۸/۴۰۶**	-۱۱/۲۲۵**	-۰/۸۳۷*	DCBA	
۲۸/۶۸۰	۴۶/۷۱۲**	۴۸/۶۰۷**	۵۴/۷۶۶**	۴۳/۷۵۲**	-۰/۸۴۵	۰/۰۸۴	-۱۰/۱۲۷**	-۷/۹۱۲**	۰/۲۰۶	DCBA-ABCD	

* و ** معنی‌داری میانگین حداقل مربعات به ترتیب در سطوح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ می‌باشد

W₄₅ تا W₀ صفات وزن بدن از یک‌روزگی تا ۴۵ روزگی می‌باشد و همه اعداد به گرم می‌باشند.

خطا می‌گردد بلکه می‌تواند بخشی از وراثت پذیری پنهان به ویژه برای صفاتی که وراثت پذیری پایین دارند را نیز آشکار نماید. اثرات ترکیبی ژن‌ها به عنوان اثرات متقابل در بین آلل‌های موجود در جایگاه‌های ژنی مختلف نیز بخشی از واریانس ژنتیکی کل را تشکیل می‌دهد که معمولاً در مدل‌ها جهت سادگی نادیده گرفته می‌شود و می‌تواند موجب برآورد اربب فراسنجه های ژنتیکی شود (Rohe و همکاران، ۲۰۰۰). سهم واریانس اثرات اپیستاتیک در مدل از هیچ تا ۴۵ روزگی در جدول ۴ آورده شده که روند تغییرات افزایشی است. بیشترین واریانس اپیستاتیک مربوط به وزن ۴۵ روزگی بود. نتایج این تحقیق اهمیت اثرات ژنتیکی غیرافزایشی شامل غلبه و اپیستاتیک در برآورد دقیق‌تر واریانس ژنتیکی افزایشی را تاکید دارد که اگر در مدل‌ها گنجانده نشوند موجب افزایش واریانس خطا و کاهش برآورد پارامترهای ژنتیکی و کاهش صحت و دقت برآورد ارزش‌های اصلاحی می‌گردند. میزان واریانس خطا یا مجموعه عوامل غیرقابل کنترل از هیچ تا ۴۵ روزگی افزایش یافت. بالاترین میزان واریانس خطا مربوط به وزن ۴۰ روزگی و کمترین آن مربوط به وزن هیچ بود. شرایط یکنواخت قبل از هیچ مربوط به مدیریت هجری شامل دما، رطوبت و تهویه می‌تواند موجب کاهش واریانس به واسطه عوامل محیطی گردد، اما بعد از زمان هیچ شرایط متفاوت در مدیریت، تغذیه و آب و هوایی می‌تواند بر دامنه تغییرات بیفزاید (Narinc و همکاران، ۲۰۱۴). همچنین، در بررسی تغییرات محیطی یا واریانس باقیمانده توجه به تأثیر عواملی مانند محیط دائمی مادر، محیط مشترک، اثرات ژنتیکی مادر، اثرات اپیستاتیک بین ژن‌ها و سایر عوامل دخیل مفید است. همچنین، روند تغییرات واریانس فوتویی نیز همانند سایر مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و غیرژنتیکی افزایشی بود و از زمان هیچ تا ۴۵ روزگی افزایش یافت. میزان تنوع فوتویی در صفت وزن ۴۰ روزگی نسبت به سایر صفات بالاتر بود.

نتایج برخی مطالعات نشان می‌دهد که واریانس ژنتیکی افزایشی از یک تا چهار هفتگی به تدریج افزایش پیدا می‌کند. برای مثال در سویه بلدرچین سیاه این مقادیر از ۰/۱۴ تا ۰/۵۵ و در سویه قهوه‌ای از ۰/۰۹ تا ۰/۵۱ تغییر نمود که این تغییرات بر وزن بدن در سنین مختلف بیانگر اثرات پلیوتروپی ژن‌ها است (Devi و همکاران، ۲۰۱۰). بنابراین، انتخاب در سنین کمتر منجر به بهبود در صفات وزن در سنین بالاتر خواهد شد. در یک مطالعه واریانس ژنتیکی افزایشی جمعیت بلدرچین ژاپنی با روش آماری بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس، برای صفات وزن هیچ، ۷، ۱۴، ۲۱ و ۲۸ روزگی به ترتیب ۰/۱۵، ۴/۱۸، ۱۴/۶۲، ۲۷/۸ و ۳۲/۶۸ گزارش گردید، که روند منظمی را نشان می‌دهد (Resende و همکاران، ۲۰۰۵). بر اساس برخی مشاهدات در مطالعاتی که علاوه بر اثرات ژنتیکی افزایشی، اثرات غلبه نیز به مدل پیش‌بینی اضافه گردیده است، سهم واریانس ژنتیکی افزایشی نسبت به مدل دارای صرفاً اثرات افزایشی کمتر برآورد شده است (Mielenz و همکاران، ۲۰۰۶)، که این به خاطر تفکیک واریانس غلبه از واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی می‌باشد. در مطالعه حاضر نیز چنین نتایجی برای جمعیت آمیخته بلدرچین بدست آمد.

در مطالعه حاضر میزان واریانس غلبه ژنی به عنوان بخشی از واریانس ژنتیکی کل که سهم به سزایی در پرندگی‌های آمیخته دارد، با افزایش سن پرندگی‌ها افزایش یافت. لذا پرندگی جهت دستیابی به حداکثر توان رشد از تمام قابلیت‌های خود استفاده می‌نماید. کمترین مقدار واریانس غلبه مربوط به صفت وزن هیچ و بالاترین مقدار مربوط به وزن ۴۵ روزگی بود. طی دهه‌های گذشته توجه خاصی به توانایی ترکیبی سویه‌های طیور یا آمیخته شده است تا بتوان مجموعه‌ای از ویژگی‌های مطلوب را در یک پرندگی جمع نمود. لذا اضافه کردن اثرات غلبه در مدل‌های برآورد به ویژه در جمعیت‌های آمیخته نه تنها موجب بهبود مدل و کاهش واریانس

جدول ۴- مؤلفه‌های واریانس بعلاوه خطای استاندارد صفات وزن از هیچ تا ۴۵ روزگی آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی

صفات	واریانس افزایشی	واریانس غلبه	واریانس اپیستازی	واریانس باقیمانده	واریانس فنوتیپی
W ₀	۰/۵۶۸±۰/۰۰۰	۰/۰۰۷±۰/۰۰۰	۰/۰۰۷±۰/۰۰۰	۰/۲۹۳±۰/۰۰۰	۰/۸۹۳±۰/۰۰۰
W ₅	۲/۶۰۵±۰/۰۰۷	۰/۱۱۴±۰/۰۰۴	۰/۱۰۲±۰/۰۰۳	۶/۵۲۷±۰/۰۰۷	۹/۳۴۵±۰/۰۰۵
W ₁₀	۸/۴۳۳±۰/۰۳۵	۰/۴۹۶±۰/۰۱۸	۰/۵۸۲±۰/۰۱۸	۳/۶۶۲±۰/۰۳۶	۴۱/۱۷۴±۰/۰۲۲
W ₁₅	۱/۸۶۶±۰/۰۱۶	۱/۱۱۴±۰/۰۴۲	۱/۰۲۹±۰/۰۳۷	۷۸/۵۱۱±۰/۰۶۸	۸۲/۵۲۱±۰/۰۳۸
W ₂₀	۶/۶۶۹±۰/۰۴۷	۲/۰۳۸±۰/۰۶۵	۲/۷۲۶±۰/۰۷۹	۱۱۲/۰۷۳±۰/۱۲۴	۱۲۳/۵۰۶±۰/۰۵۹
W ₂₅	۵/۱۰۱±۰/۰۳۹	۲/۸۷۷±۰/۰۹۳	۲/۵۳۳±۰/۰۸۵	۱۱۴/۵۹۱±۱/۴۳	۱۲۵/۱۰۳±۰/۰۶۷
W ₃₀	۲۱/۹۷۱±۰/۱۳۰	۳/۵۳۷±۰/۱۱۷	۰/۵۵۲±۰/۱۱۶	۱۳۷/۴۱۰±۰/۲۱۰	۱۶۶/۴۷۰±۰/۰۹۳
W ₃₅	۱۲/۷۹۳±۰/۰۸۵	۵/۰۸۴±۰/۱۴۰	۳/۷۹۹±۰/۱۲۱	۱۲۲/۶۲۲±۰/۲۱۳	۱۴۴/۲۹۹±۰/۰۸۰
W ₄₀	۳۹۳/۸۲۲±۱/۷۱۸	۱۹/۶۰۱±۰/۵۷۳	۱۵/۹۳۴±۰/۴۵۶	۴۷۹/۵۷۸±۱/۱۹۱	۹۰۸/۹۱۲±۰/۰۹۰۲
W ₄₅	۱۱/۰۳۵±۰/۱۱۵	۴۱/۳۷۲±۰/۶۴۵	۲۹/۵۲۴±۰/۵۵۸	۲۳۹/۵۹۳±۰/۹۷۷	۳۲۵/۵۲۴±۰/۲۷۵

W₀ تا W₄₅ صفات وزن بدن از یک‌روزگی تا ۴۵ روزگی می‌باشد و همه اعداد به گرم می‌باشند.

از زمان هیچ تا ۴۵ روزگی افزایش یافت. هر چند سهم واریانس غلبه و اپیستاتیک در آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی پایین بودند، اما موجب گردید تا سهم واریانس افزایشی از غیر افزایشی شفاف‌تر گردد. واریانس ژنتیکی غیرافزایشی یکی از منابع مهم هتروزیس برای صفات مرتبط با رشد و تولید مثل در تلاقی بین حیوانات حاصل از جمعیت‌ها و سویه‌های مختلف هستند (Moritsu و همکاران، ۱۹۹۷؛ Mielenz و همکاران، ۲۰۰۶). دلایل متعددی مبنی بر این که چرا بایستی واریانس غالبیت در قالب مدل‌های مختلف برآورد گردد، وجود دارد که شامل برآورد وراثت‌پذیری ناریب، پیش‌بینی دقیق‌تر اثرات افزایشی ژن‌ها و کاربرد اثرات غالبیت در استراتژی‌های آمیخته‌گری هستند (Rohe و همکاران، ۲۰۰۰).

در مطالعه دو سویه UFV1 و UFV2 با مدل چند صفتی وراثت-پذیری صفات وزن در دامنه بین ۰/۲۵ تا ۰/۵۳ برای سویه UFV1 و در دامنه ۰/۲۷ تا ۰/۵۳ برای سویه UFV2 گزارش شد و همبستگی ژنتیکی با افزایش فاصله رکوردها کاهش یافت (Silva و همکاران، ۲۰۱۳). وراثت‌پذیری مستقیم صفات وزن در مطالعه

پارامترهای ژنتیکی افزایشی و غیرافزایشی صفات وزن در آمیخته-های بلدرچین ژاپنی در جدول ۵ ارائه شده است. میزان وراثت-پذیری افزایشی برای وزن هیچ بالاتر از مابقی صفات بود، اما بعد از وزن هیچ وراثت‌پذیری افزایشی تا سن ۲۵ روزگی کاهش یافت و سپس تا سن ۴۵ روزگی روند افزایشی داشت. تغییرات وراثت-پذیری در صفات وزن در سنین مختلف روند نامنظم داشت. میزان وراثت‌پذیری بالای وزن هیچ نسبت به سایر صفات وزن به واسطه یکنواختی شرایط قبل از هیچ شامل مدیریت دستگاه هجری، دما و رطوبت محیط است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۴).

در مطالعه حاضر نسبت واریانس غلبه به واریانس فنوتیپی در صفات وزن از هیچ تا ۴۵ روزگی افزایش یافت. کمترین میزان مربوط به وزن هیچ بود و بیشترین مربوط به وزن ۴۵ روزگی مشاهده گردید. سهم واریانس غلبه در اکثر صفات کمتر از ۲ درصد بود، به جزء وزن ۴۵ روزگی که سهمی حدود ۱۴ درصد داشت. همچنین، سهم واریانس غلبه نسبت به واریانس افزایشی کمتر بود. روند تغییرات نسبت واریانس اپیستاتیک به واریانس فنوتیپی نیز مشابه با نسبت واریانس غلبه به واریانس فنوتیپی بود و

داد (Magda و همکاران، ۲۰۱۰). نتایج برآورد وراثت پذیری مستقیم در سنین مختلف متفاوت است. برای مثال در مطالعه‌ای در جمعیت بلدرچین ژاپنی برای صفات وزن از هج تا ۶ هفتگی به ترتیب ۰/۲۲، ۰/۳۹، ۰/۳۱، ۰/۳۸، ۰/۴۶، ۰/۵ و ۰/۵۶ گزارش شد که روند افزایشی را نشان می‌دهد (Sezer، ۲۰۰۷). چنین روند افزایشی وراثت‌پذیری صفات وزن با افزایش سن در مطالعات دیگری نیز در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (Aggrey و Cheng، ۱۹۹۴؛ Minvielle، ۱۹۹۸؛ Resende و همکاران، ۲۰۰۵)، اما برخی از محققین روند تغییرات وراثت‌پذیری در صفات وزن در بلدرچین ژاپنی را کاهشی گزارش نمودند (Saatci و همکاران، ۲۰۰۳) که احتمالاً دلیل نتایج متضاد وراثت‌پذیری مستقیم مربوط به آمیخته بودن اثرات محیطی مادری با اثرات ژنتیکی افزایشی باشد (Resende و همکاران، ۲۰۰۵). در برخی از گزارشات برآورد وراثت‌پذیری مستقیم در بلدرچین ژاپنی روند خاصی را نشان نداده است (Mielenz و همکاران، ۲۰۰۶). نتایج یک مطالعه نشان داده است وراثت‌پذیری برآورد شده صفات وزن از تولد تا ۴۵ روزگی با مدل‌هایی که شامل اثرات غلبه و افزایشی هستند، نسبت به مدل‌های افزایشی کوچک-تر باشند (Mielenz و همکاران، ۲۰۰۶). تداخل اثرات افزایشی با غیرافزایشی و توزیع نامتعادل رکوردهای مربوط به ترکیبات ژنی متفاوت در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی در طی نسل‌های مختلف در مطالعه حاضر می‌تواند منجر به تغییر در برآورد پارامترهای ژنتیکی گردد.

حاضر مشابه با برآوردهای بدست آمده با مدل رگرسیون تصادفی و واریانس خطای نامتجانس در بلدرچین ژاپنی بود (Bonafé و همکاران، ۲۰۱۱). وراثت‌پذیری بالا برای وزن هج می‌تواند به واسطه اثرات محیطی پایین باشد، زیرا مدیریت هجری شرایط یکسان در هر نسل و هج ایجاد می‌کند. برآورد وراثت‌پذیری وزن هج تحت تأثیر اثرات مادری و محیط دائمی مادر قرار می‌گیرد (Meyer، ۱۹۸۹؛ Clement و همکاران، ۲۰۰۱). Tigli و همکاران (۱۹۹۷) گزارش کردند که برآوردهای بیشتر از محدوده پارامتری وراثت‌پذیری در جمعیت بلدرچین به واسطه وجود اثرات مادری و محیط دائمی مادر برای صفات وزن در سنین پایین است. Aggrey و Cheng (۱۹۹۴) پیشنهاد کردند که برآورد بیش از حد وراثت‌پذیری وزن هج در پرندگان می‌تواند به واسطه تنوع مادری یکسان پیش از تشکیل تخم (اندازه تخم تقریباً یکسان و با واریانس اندک) باشد. نتایج یک مطالعه نشان داد که وراثت-پذیری برآورد شده صفات وزن در سنین مختلف در اولین و دومین نسل انتخاب برای اکثر صفات وزن به جز وزن‌های ۵ و ۶ هفتگی بالا (در دامنه بین ۰/۳۵ تا ۰/۵۵) بود، وراثت‌پذیری وزن هج و ۴ هفتگی در حد متوسط (به ترتیب ۰/۲۹ و ۰/۲۱) و وزن-های ۵ و ۶ هفتگی پایین (به ترتیب ۰/۰۷ و ۰/۰۹) گزارش گردید (Manaa و همکاران، ۲۰۱۵). نتایج مشابهی برای صفات وزن در سنین مختلف در پارامترهای ژنتیکی در جمعیت بلدرچین گزارش شده است (Vali و همکاران، ۲۰۰۵؛ Shokoohmand و همکاران، ۲۰۰۷). در مطالعه دیگر در بلدرچین ژاپنی وراثت‌پذیری وزن بدن در نسل‌های بعدی نسبت به نسل پایه افزایش نشان

جدول ۵- پارامترهای ژنتیکی بعلاوه خطای استاندارد صفات وزن از هج تا ۴۵ روزگی آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی

وراثت پذیری عام	نسبت ایستازی	نسبت غلبه	وراثت پذیری افزایشی	صفات
۰/۶۷۲	۰/۰۰۸±۰/۰۰۰	۰/۰۰۸±۰/۰۰۰	۰/۶۵۵±۰/۰۰۰	W ₀
۰/۳۰۲	۰/۰۱۱±۰/۰۰۰	۰/۰۱۲±۰/۰۰۰	۰/۲۷۶±۰/۰۰۱	W ₅
۰/۲۳۱	۰/۰۱۴±۰/۰۰۰	۰/۰۱۲±۰/۰۰۰	۰/۲۰۱±۰/۰۰۱	W ₁₀
۰/۰۴۸	۰/۰۱۳±۰/۰۰۱	۰/۰۱۴±۰/۰۰۱	۰/۰۲۲±۰/۰۰۰	W ₁₅
۰/۰۹۲	۰/۰۲۳±۰/۰۰۱	۰/۰۱۷±۰/۰۰۱	۰/۰۵۳±۰/۰۰۰	W ₂₀
۰/۰۸۴	۰/۰۲۱±۰/۰۰۱	۰/۰۲۴±۰/۰۰۱	۰/۰۴۰±۰/۰۰۰	W ₂₅
۰/۱۷۴	۰/۰۲۲±۰/۰۰۱	۰/۰۲۲±۰/۰۰۱	۰/۱۲۹±۰/۰۰۰۱	W ₃₀
۰/۱۵۰	۰/۰۲۷±۰/۰۰۱	۰/۰۳۶±۰/۰۰۱	۰/۰۸۷±۰/۰۰۱	W ₃₅
۰/۴۷۲	۰/۰۱۸±۰/۰۰۱	۰/۰۲۳±۰/۰۰۱	۰/۴۱۷±۰/۰۰۱	W ₄₀
۰/۲۵۲	۰/۱۰۱±۰/۰۰۲	۰/۱۴۱±۰/۰۰۲	۰/۰۴۶±۰/۰۰۰	W ₄₅

W₀ تا W₄₅ صفات وزن بدن از یک‌روزگی تا ۴۵ روزگی می‌باشد و همه اعداد به گرم می‌باشند.

واریانس خطای باقیمانده کاسته گردیده و برآوردها با دقت بالاتری انجام شود.

نتیجه‌گیری کلی

هرچند اثرات ژنتیکی غیر افزایشی سهم کمی از میزان تنوع فنوتیپی کل را در مورد وزن بلدرچین‌ها در سنین مختلف به خود اختصاص داد، اما ورود این اثرات در مدل موجب شد تا از سهم

منابع

- curve of meat quails. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 40: 765- 771.
- Clement, V., Bibe, B., Verrier, E., Elsen, J. M., Manfredi, E., Bouix, J. and Hanocq, E. (2001). Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genetic Selection Evolution*. 33: 369-395.
- Devi, K. S., Gupta, B. R., Prakash, M. G., Qudratullah, S. and Reddy, A. R. (2010). Genetic studies on growth and production traits in two strains of japanese quails. *Tamilnadu Journal of Veterinary & Animal Sciences*. 6(5): 223-230.
- جسوری، م.، علیجانی، ص.، پیرانی، ن.، شجاع، ج.، پورطهماسیان، م.، دقیق کیا، ح.، یوسفی زنور، ا.، جعفرزاده قدیمی، ر. و کریمی، س. م. (۱۳۹۱). برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی مازندران با استفاده از روش آماری بیزی. *علوم دامی ایران*، ۲۲(۴): ۱۷۲-۱۶۳.
- Aggrey, S. E. and Cheng, K. M. (1994). Animal model analysis of genetic (co)variances for growth traits in Japanese quail. *Poultry Science*. 73: 1822-1828.
- Bonafé, C. M., Torres, R. A., Sarmento, J. L. R., Silva, L. P., Ribeiro, J. C., Teixeira, R. B., Silva, F. G. and Sousa, M. F. (2011). Random regression models for description of growth

- Hassen, Y., Fuerst-Waltl, B. and Sölkner, J. (2003). Genetic parameter estimates for birth weight, weaning weight and average daily gain in pure and crossbred sheep in Ethiopia. *Journal of Animal Breeding Genetic*. 120: 29-38.
- Hussain, J., Akram, M., Sahota, A. W., Javed, K., Ahmad, H. A., Mehmood, S., Jatoi, A. S. and Ahmad, S. (2014). Selection for higher three-week body weight in Japanese Quail: 2. Estimation of Genetic Parameters. *Journal of Animal and Plant Sciences*. 24: 869-873.
- Jones, J. and Hughes, B. (1978). Comparison of growth rate, bodyweight, and feed conversion between Coturnix D1 Quail and Bobwhite Quail. *Poultry Science*. 57: 1471-1472.
- Krishna, D. and Sahitya Rani, M. (2017). Selective Breeding of Japanese Quails for Improvement of Performance. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 6(4): 2500-2506.
- Li, Y., Van Der Werf, J. H. and Kinghorn, B. P. (2006). Optimization of a crossing system using mate selection. *Genetics Selection Evolution*. 38: 147-165.
- Lotfi, E., Zerehdaran, S. and Ahani Azari, M. (2012). Direct and maternal genetic effects of body weight traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Arch. Geflügelk.* 76(3): 150-154.
- Magda, I. Samaha, A., Sharaf, M. M. and Hemeda, S. A. (2010). Phenotypic and genetic estimates of some productive and reproductive traits in Japanese quails. *Egyptian Poultry Science*. 30(3): 875-892.
- Manaa, E. A., El-Bayomi, K. M. and Sosa, G. A. (2015). Genetic evaluation for growth traits in Japanese quail. *Benha Veterinary Medical Journal*. 28: 8-16.
- Meyer, K. (1989). Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. *Genetique, Selection et Evolution*. 21: 317-340.
- Mielenz, N., Ronny, R. and Schuler, L. (2006). Estimation of additive and non-additive genetic variances of body weight, egg weight and egg production for quails (*Coturnix Coturnix Japonica*) with an animal model analysis. *Archives Animal Breeding*. 49(3): 300-307.
- Minvielle, F. (1998). Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world. In: Proceedings of the 6^o Asian Pacific Poultry Congress, Nagoya, Japan. p. 122-127.
- Minvielle, F. (2004). The future of Japanese Quail for research and production. *World's Poultry Science Journal*. 60: 8-13.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T. and Lee, D. H. (2002). BLUPF90 and related programs. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France.
- Momoh, O., Gambo, D. and Dim, N. (2014). Genetic parameters of growth, body and egg traits in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) reared in southern guinea savannah of Nigeria. *Journal of Applied Biosciences*. 79: 6947-6954.

- Moritsu, Y., Nestor, K. E., Noble, D. O., Anthony, N. B. and Bacon, W. L. (1997). Divergent selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix japonica*. 12. Heterosis in reciprocal crosses between divergently selected lines. *Poultry Science*. 76: 437-444.
- Narınç, D., Aksoy, T. and Kaplan, S. (2016). Effects of multi-trait selection on phenotypic and genetic changes in Japanese Quail (*Coturnix Coturnix Japonica*). *The Journal of Poultry Science*. 53: 103-110.
- Narinc, D., Karaman, E., Aksoy, T. and Firat, M. Z. (2014). Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. *Poultry Science*. 93: 24-30.
- Piao, J., Okamoto, S., Kobayashi, S., Wada, Y. and Maeda, Y. (2004). Purebred and crossbred performances from a Japanese quail line with very small body size. *Animal Research*. 53: 145-153.
- Resende, R. O., Martins, E. N., Georg, P. C., Paiva, E., Conti, A. C. M., Santos, A. I., Sakaguti, E. S. and Murakami, A. E. (2005). Variance components for body weight in Japanese quails (*Coturnix Japonica*). *Revista Brasileira de Ciência Avícola*. 7: 23-25.
- Rezvannejad, E., Pakdel, A., Ashtianee, S. M., Yeganeh, H. M. and Yaghoobi, M. (2013). Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail lines and their cross. *Journal of Applied Poultry Research*. 22: 663-670.
- Rohe, R., Krieter, J. and Preisinger, R. (2000). Bedeutung der Varianzkomponentenschätzung für die Zucht von landwirtschaftlichen Zuchttieren – Eine Übersicht. *Arch. Tierz. Dummerstorf*. 43: 523-534.
- Saatci, M., Ap Dewi, I. and Aksoy, A. (2003). Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweights in one- to- one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 120: 23-28.
- Sezer, M. (2007). Genetic parameters estimated for sexual maturity and weekly live weights of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Asian-Australian Journal of Animal Science*. 20(1): 19-24.
- Shokoohmand, M., Kashan, N. E. J. and Maybody, M. A. E. (2007). Estimation of heritability and genetic correlations of body weight in different age for three strains of Japanese quail. *International Journal of Agriculture and Biology*. 9(6): 945-947.
- Siegel, P. B., Dodgson, J. B., Andersson, L. (2006). Progress from chicken genetics to the chicken genome. *Poultry Science*. 85 (12): 2050-2060.
- Silva, P. L., Jeferson C. Ribeiro, J. C., Crispim, A. C., Silva, F. G., Bonafé, C. M., Silva, F. F. and Torres, R. A. (2013). Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. *Livestock Science*. 153: 27-32.
- Sorensen, D. A., Gianola, D. (2002). Likelihood, bayesian and MCMC methods in quantitative genetics: Statistics for biology and health. Springer-Verlag, New York.
- Tigli, R., Balcioglu, M. S. and Yaylak, E. (1997). Genetic and phenotypic parameters belong to different production traits of Japanese quail. IV. Estimation of heritability belong to body weight from Ebeveyn-offspring resemblance. Trakya Region II. In: Proceedings of the Animal Symposium. 9-10

