

تجزیه و تحلیل چند صفتی وزن بدن در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی با استفاده از روش آماری بیزی

• هادی فرجی آروق

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

• خدیجه ابراهیمی

دانشجوی 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

• محمد رکوعی

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

تاریخ دریافت: دی ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: اسفند ۱۳۹۶

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۵۵۴۴۱۴۷۹

Email: dashab@uoz.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.120148.1610

چکیده

وزن بدن یکی از صفات مهم اقتصادی در برنامه‌های اصلاح نژادی پرندگان گوشتی است. پارامترهای ژنتیکی هر جمعیت متأثر از شرایط محیطی مختلف می‌باشد. لذا لازمه هر فعالیت اصلاح نژادی در طیور برآورد این پارامترهاست. هدف این پژوهش برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات وزن بدن از هج تا ۴۵ روزگی جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی با استفاده از ۱۷۹۴ رکورد وزن بدن حاصل از ۷۰ پرنده نر و ۷۲ پرنده ماده بود. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی و غیرژنتیکی با استفاده از مدل چندصفتی در برگیرنده اثرات ژنتیکی افزایشی، ژنتیکی غیرافزایشی و اثرات مادری و تکنیک نمونه‌گیری گیبس انجام شد. وراثت‌پذیری به دست آمده برای صفات وزن بدن در روز هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵، ۳۰، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۱۱، ۰/۱۲، ۰/۱۴، ۰/۱۵، ۰/۱۸، ۰/۲۰، ۰/۱۹، ۰/۱۷ و ۰/۱۷ بود. وراثت‌پذیری مادری، نسبت واریانس محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی، نسبت واریانس غالبیت و ایستازی به واریانس فنوتیپی به ترتیب در دامنه ۰/۳۲ - ۰/۳۹، ۰/۲۳ - ۰/۳۶، ۰/۰۴ - ۰/۱۰ و ۰/۰۳ - ۰/۱۳ برآورد شدند. بیشترین مقدار همبستگی ژنتیکی بین وزن ۳۵ و ۳۰ روزگی (۰/۹۴) و کمترین مقدار آن بین وزن هج و ۵ روزگی (۰/۱۶) بود. نتایج نشان داد که اثرات مادری و ژنتیکی غیرافزایشی جهت برآورد دقیق‌تر پارامترهای ژنتیکی باید در مدل منظور شوند و همچنین، انتخاب بلدرچین‌ها برای وزن بدن ۲۵ روزگی به دلیل همبستگی بالای آن با ۴۵ روزگی و وراثت‌پذیری بالای آن می‌تواند باعث پیشرفت ژنتیکی خوب در وزن بدن ۴۵ روزگی شود.

واژه‌های کلیدی: سویه وحشی، همبستگی ژنتیکی، غالبیت، ایستازی، ژنتیک مادری

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 121 pp: 117-130

Multi- trait analysis of body weight in the crossbred population of Japanese quail using bayesian method

By: Hadi Faraji- Arough¹, Khadijeh Ebrahimi², Gholam reza Dashab^{3*}, Mohammad Rokouei⁴

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

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

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

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

Received: January 2018

Accepted: March 2018

Body weight is one of the important economic traits in the breeding program of broiler species. The genetic parameters of each population are affected by different environmental conditions. Therefore, each breeding activity in a poultry is required to estimate these parameters. The aim of this study was to estimate the genetic parameters of body weight from hatch to 45 days old of the crossbred population of Japanese quail by using of 1794 records of body weight from 70 males and 72 females. Estimation of genetic and non-genetic parameters was performed using a multi-trait model including additive, non-additive and maternal effects via Gibbs sampling. Estimated heritability for body weight in hatch, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, and 45 days' was 0.16, 0.11, 0.12, 0.14, 0.15, 0.18, 0.20, 0.19, 0.17 and 0.17, respectively. The range of heritability for maternal genetic, the ratio of maternal permanent environmental, dominance, and epistasis variance to phenotypic variance varied between 0.32-0.39, 0.23-0.36, 0.04-0.10, and 0.03-0.13, respectively. The highest value for genetic correlation was estimated between body weight in 35 and 30 days (0.94) and the lowest value was between hatching weight and 5 days (0.16). The results showed that the maternal and non-additive effects must be fit into the model for accurate estimation of genetic parameters, and the selection of quail for body weight of 25 days due to its high correlation with 45 days and its high heritability could result in a good genetic improvement in the body weight of 45 days.

Key words: Wild strain, Genetic correlation, Dominance, Epistasis, Maternal genetic

مقدمه

ویژگی‌های بلدرچین ژاپنی که عمدتاً برای تولید گوشت و تخم استفاده می‌شود شامل کوچک بودن اندازه بدن، رشد سریع، بلوغ جنسی زودتر، ظرفیت بالای تولید و تولید مثل و فاصله نسلی کوتاه می‌باشد (Narinc و همکاران، ۲۰۱۶). رشد صفت مهمی برای ارزیابی گونه‌های مختلف اهلی به خصوص در حیوانات و پرندگان گوشتی است. صفات رشد از جمله وزن بدن و افزایش وزن روزانه توسط عوامل

در سال‌های اخیر، تولید گوشت بلدرچین به دلیل جستجوی منابع حیوانی با کیفیت افزایش یافته است (Barbieri و همکاران، ۲۰۱۵). معرفی بلدرچین به عنوان یک پرنده آزمایشی جهت پژوهش‌ها در کنگره جهانی طیور سال ۲۰۰۴ (استانبول، ترکیه)، باعث جذب تعدادی از دانشمندان در سراسر جهان برای کار روی این پرنده شد (Minvielle, ۲۰۰۴; Hussain و همکاران، ۲۰۱۴).

Resende) ۰/۵-۰/۰۷ و (Foomani و همکاران، ۲۰۱۴) و (۲۰۰۷، Sezar، Foomani، Nasiri و همکاران، ۲۰۱۴) گزارش شده است. وراثت پذیری برای وزن بدن در سنین مختلف بلدرچین بین ۰/۰۳ تا ۰/۹۱ در پژوهش‌های مختلف متغیر بود و همبستگی ژنتیکی بین صفات در سنین مختلف در اکثر مطالعات مثبت و بالا گزارش شده است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۰؛ Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲؛ Silva و همکاران، ۲۰۱۳؛ Daikwo و همکاران، ۲۰۱۴؛ Barbieri و همکاران، ۲۰۱۵).

آگاهی از پارامترهای ژنتیکی صفات رشد جهت کسب موفقیت در انتخاب یک صفت خاص یا یک سری صفات مناسب و برآورد ارزش اصلاحی با روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی ضروری می‌باشد (Bijma و همکاران، ۲۰۰۷). بنابراین، این پژوهش با هدف برآورد اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، محیط دائمی مادری و غیر-افزایشی (غالبیت و اپیستازی) بر صفات وزن بدن و همبستگی ژنتیکی بین صفات در جمعیت آمیخته چهار-سویه‌ای بلدرچین ژاپنی در قالب طرح دی آلل^۱ کراس جزئی انجام شد.

مواد و روش‌ها

ساختار جمعیت و مدیریت جوجه‌ها

این پژوهش روی داده‌های وزن بدن جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی انجام شد. برای ایجاد جمعیت آمیخته از چهار سویه بلدرچین ژاپنی موجود در پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل استفاده شد. سویه‌های مورد استفاده برای تلاقی شامل سویه‌های خالدار ایتالیایی^۲ (A)، تکسدو^۳ (B)، وحشی^۴ (C) و ای ام تگزاس^۵ (D) بودند. طرح تلاقی مورد استفاده برای ایجاد جمعیت آمیخته، تلاقی دی آلل کراس جزئی^۶ بود که در طی چهار نسل ایجاد شد. شکل ۱ طرح آمیخته‌گری مورد استفاده جهت تولید جمعیت آمیخته در این پژوهش را نشان می‌دهد.

ژنتیکی و غیرژنتیکی مانند سال و فصل تولید، جنس، تغذیه، سازگاری، مدیریت و شرایط آب و هوایی تحت تأثیر قرار می‌گیرد (Hussain و همکاران، ۲۰۱۴). بیش از نیم قرن است که فشار انتخاب در برنامه‌های اصلاح نژادی در جوجه‌های گوشتی بر وزن بدن و صفات لاشه به عنوان صفات مهم اقتصادی بوده است (Nassar و همکاران، ۲۰۱۲).

هدف برنامه‌های اصلاح نژادی در طیور، بهبود پتانسیل ژنتیکی جوجه‌ها از طریق انتخاب و برنامه‌های آمیخته‌گری است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۴). آمیخته‌گری ابزار اصلی برای تولید افراد مطلوب و دستیابی به هتروزیس بوده که تحت تأثیر عوامل مختلف ژنتیکی و غیرژنتیکی قرار می‌گیرد (Li و همکاران، ۲۰۰۶). اگرچه برآوردهای قابل اعتماد هتروزیس، اثرات مستقیم افزایشی و مادری در آمیخته‌گری نیازمند طراحی برنامه مناسب آمیخته‌گری است. مقایسه عملکرد میان نژادها و آمیخته‌های آنها توسط تفاوت‌های ژنتیکی بین نژادها و تنوع ژنتیکی درون نژادها توجه می‌شود و این تفاوت‌ها منبع مهمی برای بهبود ژنتیکی گله‌ها از طریق اثرات هتروزیس و مکمل نژادی باشد (Dickerson، ۱۹۹۲).

تنوع ژنتیکی غیرافزایشی (غالبیت و اپیستازی) منبع مهمی از هتروزیس برای صفات مرتبط با رشد و تولید مثل در تلاقی بین حیوانات از جمعیت‌ها و لاین‌های مختلف می‌باشد. هتروزیس مثبت در تلاقی بین لاین‌های انتخابی و اگرای بلدرچین ژاپنی نه فقط برای تعداد تولید تخم بلکه برای وزن بدن و وزن تخم نیز مشاهده شده است (Moritsu و همکاران، ۱۹۹۷).

علاوه بر سهم ژنتیکی افزایشی مستقیم حیوان، مادر نیز می‌تواند بر عملکرد فرزندانش تأثیر بگذارد. این اثرات مادر می‌تواند به صورت اثرات توأم محیطی و ژنتیکی باشد. وارد کردن اثرات محیطی و ژنتیکی مادر تأثیر قابل توجهی بر دقت برآوردها دارد، اما سهم این اثر با افزایش سن حیوان کاهش می‌یابد (Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲). دامنه وراثت-پذیری غالبیت، ژنتیک مادری و نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی برای وزن بدن بلدرچین به ترتیب Nasiri (۰/۲۸-۰/۵۵، Mielenz، ۲۰۰۶)، ۰/۱۸-۰/۲۷)

¹ Di-allele

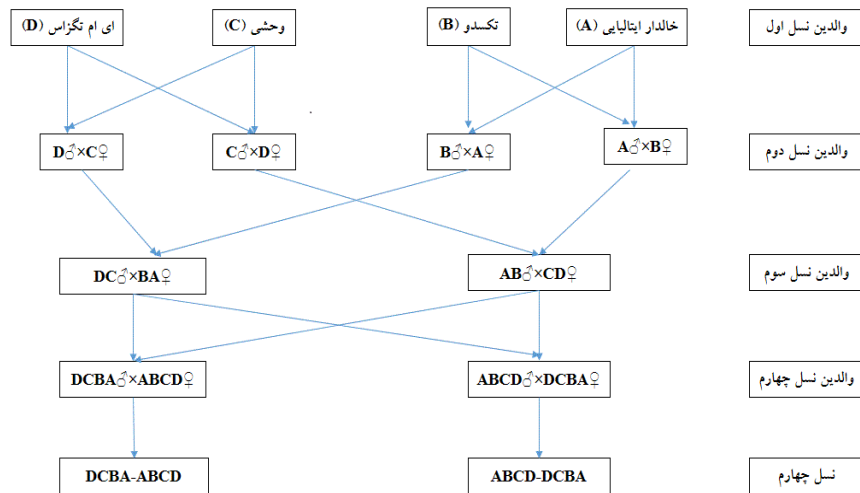
² Italian Speckled

³ Tuxedo

⁴ Wild

⁵ A&M Texas

⁶ Partial di-allele



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

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 آمد. آمار توصیفی صفات وزن بدن در سنین مختلف در جدول ۱ آورده شده است.

در هر نسل، جوجه‌ها بعد از هج شدن و اندازه‌گیری وزن توسط سنجاق قفلی در روز اول جهت ثبت شجره شماره-گذاری شدند. جوجه‌ها از روز اول تا ۴۵ روزگی توسط جیره متعادل شده توسط استانداردهای 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

جدول ۱- آمار توصیفی صفات وزن بدن

صفات ^a	تعداد رکورد	میانگین	انحراف استاندارد	ضریب تغییرات	حداقل	حداکثر
وزن هج	۱۷۹۴	۸/۵۲	۱/۰۹	۱۲/۷۹	۴/۸۵	۱۱/۹۱
وزن ۵ روزگی	۱۳۱۹	۱۶/۹۸	۴/۱۵	۲۴/۴۴	۵/۶۴	۳۲/۴۸
وزن ۱۰ روزگی	۱۰۱۶	۳۱/۶۹	۱۰/۴۶	۳۳/۰۰	۱۰/۰۴	۷۵/۵۶
وزن ۱۵ روزگی	۸۶۶	۵۵/۲۶	۱۸/۲۴	۳۳/۰۰	۱۳/۶۴	۱۱۲/۱۸
وزن ۲۰ روزگی	۷۸۴	۸۶/۴۵	۲۴/۶۹	۲۸/۵۶	۱۵/۵۶	۱۸۵/۴۴
وزن ۲۵ روزگی	۷۴۴	۱۱۷/۳۱	۲۹/۲۴	۲۴/۹۲	۳۷/۴۰	۲۰۴/۰۹
وزن ۳۰ روزگی	۷۳۰	۱۵۳/۳۵	۳۵/۲۳	۲۲/۹۷	۵۰/۰۶	۲۵۹/۹۸
وزن ۳۵ روزگی	۷۱۸	۱۷۸/۴۳	۳۵/۰۷	۱۹/۶۵	۶۲/۰۶	۲۹۵/۸۶
وزن ۴۰ روزگی	۷۰۷	۲۰۵/۸۷	۳۶/۶۹	۱۲/۸۲	۸۳/۷۱	۳۱۴/۱۲
وزن ۴۵ روزگی	۷۰۶	۲۳۰/۷۲	۴۰/۷۷	۱۷/۶۷	۱۱۰/۱۴	۴۶۷/۷۷

* همه اعداد (به استثنای ضریب تغییرات که درصد است) به گرم می‌باشند.

تجزیه و تحلیل آماری

و اپیستازی (غالیت × افزایشی)، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده مشاهدات به اثرات ثابت، Z_1, W, Z_2, Z_3 و Z_4 به ترتیب ماتریس های ضرایب که مشاهدات را به ترتیب به اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، محیط دائمی مادر، ژنتیک مادری، غالبیت و اپیستازی (غالیت × افزایشی) ارتباط می-دهند و e بردار اثرات تصادفی عوامل غیرقابل کنترل یا خطاهای آزمایشی هستند. برای مدل ۱ فرض بر این است که:

تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از مدل بیزی چند صفتی از طریق نمونه‌گیری گیبس انجام گرفت. از مدل حیوانی زیر برای تجزیه و تحلیل چندصفتی صفات وزن بدن جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی استفاده شد:

$$y = Xb + Z_1a + Wc + Z_2m + Z_3d + Z_4ad + e \quad \text{مدل ۱}$$

در مدل ۱، y بردار مشاهدات وزن بدن در سنین مختلف، b بردار اثرات ثابت (سال-ماه جوجه‌درآوری، هیچ، جنس و نسل)، a, c, m, d, ad به ترتیب بردار اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، محیط دائمی مادر، ژنتیک مادری، غالبیت

$$\text{Var} = \begin{bmatrix} a \\ c \\ m \\ d \\ ad \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & C \otimes I_c & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & M \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & G_d \otimes D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & G_{ad} \otimes AD & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & R \otimes I_e \end{bmatrix}$$

نتایج و بحث

در این پژوهش از هر سویه شش بلدرچین نر و شش بلدرچین ماده برای آمیخته‌گری استفاده شد و نسبت نر و ماده برای آمیزش به صورت ۱:۱ (نر: ماده) بود. میانگین وزن هیچ در نسل پایه برای سویه‌های خالدار ایتالیایی، تکسدو، وحشی و ای ام تگزاس به ترتیب ۹/۶۳، ۹/۴۲، ۸/۴۵ و ۸/۸۳ گرم بوده و این سویه‌ها به ترتیب دارای وزن ۴۵ روزگی ۲۱۲/۷۶، ۲۰۶/۷۶، ۲۰۷/۸۰ و ۱۸۶/۸۰ گرم بودند. میانگین وزن هیچ برای نسل اول، دوم و سوم ۸/۹۰، ۷/۷۸ و ۸/۸۸ گرم بود که نسبت به مانگین وزن هیچ سویه‌های خالدار ایتالیایی و تکسدو پایین بودند. با وجود پایین بودن وزن هیچ تمامی نسل‌ها نسبت به نسل پایه، وزن ۴۵ روزگی برای نسل اول، دوم و سوم به ترتیب ۲۲۴/۷۲، ۲۵۵/۰۴ و ۲۲۴/۶۹ گرم بدست آمد که نسبت به وزن ۴۵ روزگی در جمعیت پایه بالاتر بود و نسل دوم که ترکیب حاصل چهارتایی بود نسبت به دو نسل دیگر دارای وزن ۴۵ روزگی بالاتری بود. آمار توصیفی صفات وزن بدن در سنین

که G, C, M, G_d, G_{ad} و R به ترتیب ماتریس واریانس و کواریانس ژنتیک افزایشی مستقیم، محیط دائمی مادری، ژنتیک مادری، غالبیت، اپیستازی (غالیت × افزایشی) و باقیمانده می‌باشند. A, D و AD به ترتیب ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی، غالبیت و اپیستازی بوده و ماتریس های واحد برای محیط دائمی مادر و باقیمانده به ترتیب با I_c و I_e نشان داده شده است.

مؤلفه‌های واریانس - کواریانس و پارامترهای ژنتیکی از طریق نمونه‌گیری گیبس با استفاده از نرم‌افزار GIBBS3F90 برآورد گردید (Misztal و همکاران، ۲۰۰۲) و ماتریس های غالبیت و اپیستازی توسط بسته نرم-افزاری nadiv (Wolak، ۲۰۱۲) ایجاد شد. در کل ۱۵۰۰۰۰ نمونه، با دوره قلق گیری ۱۵۰۰۰۰ نمونه و فاصله نمونه گیری ۱۰۰ تولید شد و همگرایی پارامترها توسط الگوریتم Geweke با استفاده از نرم‌افزار POSTGIBBSF90 انجام شد (Misztal و همکاران، ۲۰۰۲).

داده‌های مورد استفاده برای برآوردها باشد (Daikwo و همکاران، ۲۰۱۴).

جدول ۲ مؤلفه‌های واریانس و وراثت پذیری برآورد شده صفات وزن بدن در سنین مختلف برای اجزای مدل را نشان می‌دهد. چنانچه مشاهده می‌شود برای تمامی صفات، واریانس اثرات ژنتیک مادری و محیط مادری نسبت به اثرات ژنتیک افزایشی حیوان، غالبیت و اپیستازی بیشتر بوده، اما سهم واریانس غالبیت و اپیستازی نسبت به واریانس افزایشی حیوان پایین بود. واریانس اپیستازی در تمامی صفات به استثنای وزن ۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی نسبت به واریانس غالبیت بیشتر بودند.

وراثت‌پذیری بدست آمده برای صفات وزن بدن در روز هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵، ۳۰، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۱۱، ۰/۱۲، ۰/۱۴، ۰/۱۵، ۰/۱۸، ۰/۲۰، ۰/۱۹، ۰/۱۷ و ۰/۱۷ محاسبه شدند. وراثت‌پذیری بعد از ۵ روزگی تا ۳۰ روزگی روند افزایشی داشته، اما برای صفات وزن بدن در ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی روند کاهش را نشان دادند، اما با این حال نسبت به وراثت‌پذیری صفات وزن بدن در سنین اولیه بالاتر بودند. دامنه وراثت‌پذیری مادری بین ۰/۳۲ (وزن ۵ روزگی) تا ۰/۳۹ (وزن ۱۵ روزگی) متغیر بود. نسبت واریانس محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برای وزن هج بالاترین مقدار را داشت (۰/۳۶)، اما برای سایر صفات وزن بدن مقدار آن کاهش یافت، و به ۲۳ درصد برای وزن ۳۰ روزگی کاهش یافت.

بالاترین مقدار نسبت واریانس غالبیت به واریانس فنوتیپی مربوط به وزن بدن در ۵ روزگی بود و برای بقیه صفات، تنها ۳ تا ۶ درصد تنوع فنوتیپی را شامل گردید. سهم واریانس اپیستازی برای صفات وزن بدن در روز هج، ۵، ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵، ۳۰، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی به ترتیب ۰/۰۴، ۰/۰۶، ۰/۱۰، ۰/۰۸، ۰/۰۷، ۰/۰۶، ۰/۰۵، ۰/۰۵ و ۰/۰۴ برآورد گردید.

مختلف برای جمعیت آمیخته بلدرچین در جدول ۱ آورده شده است. میانگین وزن بدن در روز هج برای این جمعیت ۸/۵۲ گرم بود و در طول ۴۵ روز میانگین وزن این بلدرچین‌ها به ۲۳۰/۷۲ گرم افزایش یافت و بلدرچین‌ها به طور متوسط روزانه ۴/۹۴ گرم افزایش وزن روزانه داشتند. میانگین کل داده‌های وزن هج نسبت به سویه وحشی جمعیت پایه بالاتر، اما نسبت به سه سویه دیگر دارای وزن هج پایین تری داشتند. میانگین وزن بدن ۲۸ روزگی برای جمعیت کنترل و انتخاب شده بعد از سه نسل انتخاب بلدرچین ژاپنی به ترتیب ۱۶۱/۲۰ و ۱۷۷/۶۰ گرم گزارش شده است (Varkoohi و Kaviani، ۲۰۱۴) که بالاتر از وزن بدن ۳۰ روزگی (۱۵۳/۳۵ گرم) در این پژوهش است. Pourtorabi و همکاران (۲۰۱۷) متوسط وزن ۳۵ روزگی بلدرچین ژاپنی را ۲۱۰/۶۰ گرم گزارش کردند که بالاتر از ۱۷۸/۴۳ گرم در این پژوهش بود. وزن بدن در روز هج در این پژوهش در دامنه گزارش شده ۶/۶ تا ۹/۶۹ گرم برای بلدرچین ژاپنی در سایر پژوهش‌ها بود (Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲؛ Silva و همکاران، ۲۰۱۳؛ Daikwo و همکاران، ۲۰۱۴؛ Barbieri و همکاران، ۲۰۱۵). نتایج بدست آمده در این پژوهش برای سایر وزن‌ها نسبت به نتایج Vali و همکاران (۲۰۰۵)، Daikwo و همکاران، ۲۰۱۴ و Nasiri و Foomani و همکاران (۲۰۱۴) بالاتر و نسبت به نتایج Silva و همکاران (۲۰۱۳) و Barbieri و همکاران (۲۰۱۵) پایین تر و مشابه پژوهش‌های Narinc و همکاران، ۲۰۱۰؛ Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲ برای بلدرچین ژاپنی بود. میانگین وزن ۴۵ روزگی برای کل جمعیت (۲۳۰/۷۲ گرم) نسبت به متوسط وزن بدن چهار سویه مورد استفاده برای آمیخته گری، نسل اول و سوم بالاتر و نسبت به نسل دوم پایین تر بود. تفاوت مشاهده شده بین برآوردهای مختلف گزارش شده برای سنین خاص می‌تواند به واسطه تفاوت‌های شرایط محیطی و مدیریتی که گله پرورش داده می‌شود و یا تفاوت در ساختار ژنتیکی گله و دستکاری آماری

با نتایج حاضر در برخی صفات پایین تر و برخی موارد مشابه نتایج پژوهش حاضر می‌باشد.

وراثت پذیری وزن بدن از هج تا هفته ششم بلدرچین بین ۰/۴۲ تا ۰/۶۲ گزارش شده است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۰). وزن بدن ۴۲ روزگی بلدرچین‌ها، با استفاده از آنالیز تک صفتی و مدل پدری توسط روش بیزی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته و وراثت پذیری ۰/۴۸ برای این صفت گزارش شد (Karaman و همکاران، ۲۰۱۴). دامنه وراثت‌پذیری وزن بدن برای دو سویه UFV1 و UFV2 به ترتیب ۰/۲۵ تا ۰/۵۳ و ۰/۲۷ تا ۰/۵۳ گزارش شد (Silva و همکاران، ۲۰۱۳) که بالاتر از نتایج بدست آمده در این پژوهش بود. مشابه پژوهش حاضر، افزایش در وراثت‌پذیری صفات وزن بدن از هج (۰/۳۳) تا ۲۸ روزگی (۰/۴۷) در بلدرچین گزارش شده است (Resende و همکاران، ۲۰۰۵). همچنین، Ltfi و همکاران (۲۰۱۲) نیز روند افزایشی وراثت‌پذیری تا وزن ۴۲ روزگی گزارش نمودند.

وراثت‌پذیری بالای وزن هج می‌تواند بدلیل کاهش تنوع محیطی به واسطه مدیریت یکسان در زمان هجری در هر نسل و هج باشد. بنابراین، برآورد وراثت‌پذیری وزن هج با استفاده از مدل حاوی مؤلفه‌های مادری و یا مادر به عنوان اثر محیط دائمی می‌تواند به صورت نااریب برآورد گردد (Silva و همکاران، ۲۰۱۳).

اثرات ژنتیک مادری و محیط دائمی مادر در این پژوهش سهم بسزایی در تنوع فنوتیپی صفات داشتند، لذا ضرورت داشت تا در مدل وارد گردند. Clement و همکاران (۲۰۰۱) نشان دادند که اگر اثر ژنتیک مادری وجود داشته باشد و در مدل نادیده گرفته شود وراثت‌پذیری مستقیم زیاد برآورد خواهد شد. همچنین، گزارش شده است که اثر محیط دائمی مادر برای وزن هج بیشتر از اثرات ژنتیک مادری است. بنابراین، در رابطه با وزن هج ژن‌های مادر مهم هستند، اما مدیریت و شرایط محیطی نیز تعیین کننده می‌باشند (Prado-Gonzalez و همکاران، ۲۰۰۳؛ Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲). وراثت‌پذیری مستقیم صفات وزن بدن

هر چند ممکن است مقدار مطلق وراثت‌پذیری صفت تأثیری بر تصمیم قرار دادن یک صفت در برنامه اصلاح نژادی نداشته باشد و حتی صفاتی با وراثت‌پذیری پایین را نیز بتوان با انتخاب بهبود داد. به هر حال آگاهی از مقدار وراثت‌پذیری برای تصمیم اینکه چه راهبرد انتخابی باید استفاده شود نیاز است. اگر صفت دارای وراثت‌پذیری بالا باشد پیشرفت ژنتیکی سریع با استفاده از ارزش اصلاحی انفرادی مورد انتظار است. مخصوصاً در اصلاح نژاد طیور، برای صفات با وراثت‌پذیری پایین مانند صفات تولیدمثلی انتخاب فامیلی ممکن است منجر به افزایش کارایی پیشرفت ژنتیکی شود (Karaman و همکاران، ۲۰۱۴).

وراثت‌پذیری بدست آمده برای صفات وزن بدن در سنین مختلف متوسط بودند. افزایش واریانس ژنتیک افزایشی از هفته اول تا چهارم برای سویه‌های بلدرچین سیاه از ۰/۱۴ تا ۰/۵۵ و قهوه ای از ۰/۰۹ تا ۰/۵۱ توسط Devi و همکاران (۲۰۱۰) گزارش شده است که مشابه یافته‌های پژوهش حاضر بود.

وراثت‌پذیری وزن بدن در هفته‌های سوم، چهارم و ششم در بلدرچین‌های ژاپنی که به مدت سه نسل برای وزن بدن بالا انتخاب شده بودند به ترتیب ۰/۱۲۶، ۰/۳۱۵ و ۰/۲ گزارش شده است (Hussain و همکاران، ۲۰۱۴)، که نتایج پژوهش حاضر برای وزن ۴ و ۵ هفتگی بیشتر و برای وزن ۶ هفتگی مشابه گزارش مذکور بود. دامنه وراثت-پذیری برای وزن هفته سوم، چهارم و ششم به ترتیب ۰/۱۸- ۰/۵۸، ۰/۱۹- ۰/۶۱ و ۰/۱۵- ۰/۴۴ گزارش شده است (Akbas و همکاران، ۲۰۰۴؛ Resende و همکاران، ۲۰۰۵؛ Saatci و همکاران، ۲۰۰۶؛ Varkoohi و همکاران، ۲۰۱۱؛ Ozsoy و Aktan، ۲۰۱۱؛ Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲) و یافته‌های پژوهش حاضر نیز در دامنه گزارش شده قرار داشتند. وراثت‌پذیری گزارش شده برای صفات وزن بدن بلدرچین در پژوهش Barbieri و همکاران (۲۰۱۵) بین ۰/۰۳ تا ۰/۲۳ متغیر بود که در مقایسه

غالیت برای وزن بدن ۴۲ روزگی ماده‌ها در لاین یک و دو بلدرچین با مدل‌های مختلف ۰/۳۳-۰/۳۸ و ۰/۴۶-۰/۳۵ و برای نرها ۰/۵۰-۰/۵۵ و ۰/۴۴-۰/۲۸ گزارش شده است (Mielenz, ۲۰۰۶) که بالاتر از مقادیر بدست آمده در این پژوهش بود.

تنوع ژنتیکی غیرافزایشی ناشی از غالبیت و ایستازی بیشتر در جمعیت‌های آمیخته که ناشی از تلاقی بین حیوانات از جمعیت‌ها و لاین‌های مختلف هستند، نمود پیدا می‌کند (Moritsu و همکاران، ۱۹۹۷). عمده تنوع غیرافزایشی توسط غالبیت ایجاد می‌شود که برآزش آن در مدل باعث برآورد نارایب وراثت‌پذیری، پیش‌بینی دقیق‌تر اثرات افزایشی و استفاده از آن از طریق آمیخته‌گری یا سیستم آمیزشی خاص می‌باشد (Rohel و همکاران، ۲۰۰۰). تفاوت در وراثت‌پذیری‌های برآورد شده در پژوهش‌های مختلف می‌تواند مربوط به روش برآورد، اثرات سویه و محیط، خطای نمونه‌گیری به خاطر داده‌های کوچک یا اندازه نمونه باشد (Mielenz, ۲۰۰۶). در این پژوهش نیز مدل مورد استفاده برای آنالیز چند صفتی و جمعیت مورد بررسی (جمعیت آمیخته حاصل از چهار سویه بلدرچین) باعث متفاوت بودن برخی نتایج بخصوص اثرات مادری و ژنتیک مادری برای وزن در سنین بالا نسبت به سایر گزارشات محققین شده است.

همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن بدن در سنین مختلف در جمعیت مورد مطالعه در جدول ۳ آورده شده است. همبستگی ژنتیکی بین وزن هج با سایر صفات نسبت به بقیه همبستگی‌ها پایین بود. به استثنای همبستگی ژنتیکی بین وزن هج با وزن ۵ روزگی که پایین بود (۰/۱۶)، همبستگی ژنتیکی وزن هج با بقیه صفات بین ۰/۳۰ تا ۰/۵۳ متغیر بوده و بالاترین همبستگی ژنتیکی وزن هج با وزن ۴۵ روزگی (۰/۵۳) مشاهده شد. به نظر می‌رسد وزن هج عمدتاً تحت تأثیر قابلیت‌های مادری قرار داشته و متأثر از ژنتیک مادری هستند و بعد از ۵ روزگی که کم کم اثرات مادری برداشته

بلدرچین از روز هج تا ۳۵ روزگی ۰/۱۱ تا ۰/۲۲ و دامنه نسبت محیط دائمی مادر و ژنتیک مادری به واریانس فنوتیپی به ترتیب ۰/۱۱ تا ۰/۴۵ و ۰/۱۸ تا ۰/۲۷ در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (Nasiri Foomani و همکاران، ۲۰۱۴) که به یافته‌های پژوهش حاضر نزدیک بود.

اثرات مادری به وسیله ژن‌های مادر و تامین محیط مناسب برای رشد و نمو جنین در دوره هج و اوایل زندگی پرنده ایجاد می‌گردد. حضور اثرات مادری در مدل‌ها واریانس اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم را کاهش می‌دهد. سهم واریانس محیط دائمی مادر در وزن هج و یک هفته‌گی به ترتیب ۰/۳۴ و ۰/۱۲ در پژوهش Sezar (۲۰۰۷) گزارش شد. همچنین، در پژوهش دیگری سهم نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی برای وزن هج، یک و دو هفته‌گی به ترتیب ۰/۵۰، ۰/۱۱ و ۰/۰۷ گزارش شد (Resende و همکاران، ۲۰۰۵). اثر محیط دائمی با افزایش سن در پژوهش‌های Resende و همکاران (۲۰۰۵) و Ltfti و همکاران (۲۰۱۲) کاهش داشته است. واریانس محیطی دائمی بعد از یک هفته و ژنتیک مادری بعد دو هفته بسیار ناچیز می‌شود (Sezar, ۲۰۰۷) که مخالف یافته‌های این پژوهش است.

مقادیر وراثت‌پذیری و واریانس افزایشی برآورد شده برای دو لاین بلدرچین در مدل‌های با اثرات غالبیت کوچکتر از مدل با ژنتیک افزایشی بود که به خاطر جدا شدن واریانس غالبیت از محیطی و افزایشی است که منجر به افزایش در دقت برآوردها و باقی ماندن واریانس کل بدون تغییر در مدل غالبیت است (Mielenz, ۲۰۰۶). Wei و Van der Werf (۱۹۹۳) گزارش کردند که بخشی از شباهت بین خویشاوندان به واسطه اثرات غالبیت است. در یک مدل افزایشی قسمتی از شباهت بین حیوانات خویشاوند به واسطه غالبیت به اثرات افزایشی اضافه گردیده و منجر به برآورد بالای واریانس افزایشی می‌شود. وراثت‌پذیری مستقیم و

به عنوان پاسخ به انتخاب همبسته می شود (Devi و همکاران، ۲۰۱۰).

در پژوهش حاضر همبستگی ژنتیکی بین وزن هج با سایر صفات پایین برآورد شد و مشابه پژوهش حاضر برآورد پایین همبستگی ژنتیکی بین وزن هج با سایر صفات در سایر پژوهش ها نیز گزارش شده است (Dionello و همکاران، ۲۰۰۸؛ Bonafé و همکاران، ۲۰۱۱؛ Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲؛ Silva و همکاران، ۲۰۱۳). همبستگی ژنتیکی پایین بین وزن هج با سایر وزن ها می تواند به دلیل افت وزن بدن بلافاصله بعد از هج بدلیل استفاده از ذخایر باقیمانده زرده در بدن باشد. همچنین، گزارش شده است که احتمالاً ژن های کنترل کننده و نوع اثرات آنها برای وزن بدن از ۷ تا ۴۲ روزگی متمایز از وزن هج باشد (Lotfi و همکاران، ۲۰۱۲).

در پژوهش هایی که روی بلدرچین انجام شد دامنه وسیعی از همبستگی ژنتیکی بین صفات مختلف گزارش شده است. Vali و همکاران (۲۰۰۵) دامنه ۰/۹۹ - ۰/۶۹ را بین صفات وزن بدن گزارش کردند که تمامی یافته های این پژوهش (به استثنای همبستگی ژنتیکی وزن هج با بقیه صفات و وزن ۵ روزگی با برخی صفات) در دامنه گزارش شده بودند. در پژوهش Narinc و همکاران (۲۰۱۰) دامنه ۰/۴۲ تا ۰/۹۸ و Sezar و همکاران (۲۰۰۶) نیز دامنه ۰/۴۶ تا ۰/۹۸ گزارش شده است.

همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در هفته دوم با چهارم و ششم و بین وزن هفته چهارم و ششم به ترتیب ۰/۸۴، ۰/۸۰ و ۰/۸۷ گزارش شده است (Akbas و همکاران، ۲۰۰۴). همبستگی ژنتیکی مثبت و بالا بین صفات در سنین مختلف در پژوهش Lotfi و همکاران (۲۰۱۲) نیز گزارش شده است. در این مطالعه بالاترین همبستگی ژنتیکی بین وزن ۲۸ و ۳۵ روزگی برآورد شده است (۰/۹۹) که مشابه نتایج پژوهش حاضر بود.

شده و پرنده توان ژنتیکی خود را بروز می دهد، به دلیل مسیر کنترل کننده متفاوت آنها همبستگی ژنتیکی پایین محاسبه شد. همبستگی ژنتیکی وزن ۵ روزگی با صفات دیگر نسبت به همبستگی ژنتیکی وزن هج با بقیه صفات بالاتر بوده و روند منظمی داشت، به طوری که همبستگی ژنتیکی بین صفات با افزایش فاصله صفات کمتر شد (همبستگی ژنتیکی ۰/۷۰ بین وزن ۵ با ۱۰ روزگی به ۰/۴۵ بین ۵ با ۴۵ روزگی کاهش یافت).

همبستگی ژنتیکی بدست آمده برای سایر صفات بالای ۰/۷۵ بودند و پایین ترین و بالاترین همبستگی ژنتیکی به ترتیب ۰/۷۵ (بین وزن ۲۰ و ۴۵ روزگی) و ۰/۹۴ (بین ۳۰ و ۳۵ روزگی) تخمین زده شد. در همه صفات کاهش همبستگی ژنتیکی بین صفات با افزایش فاصله بین صفات بغیر از صفت وزن هج مشاهده شد و در بیشتر موارد کمترین همبستگی ژنتیکی صفات با وزن ۴۵ روزگی بود. با توجه به بالا بودن همبستگی ژنتیکی برای اکثر صفات انتخاب بر اساس وزن های پایین تر منجر به بهبود ژنتیکی صفات در سنین بالاتر نیز خواهد شد. بسته به سن کشتار بلدرچین در سویه های گوشتی که سن ۴۲ یا ۴۵ روزگی می باشد سن پایین که می توان انتخاب ژنتیکی انجام داده و سبب بهبود در سن ۴۵ روزگی گردد وزن بدن در سن ۲۵ روزگی است که بالاترین وراثت پذیری همبستگی ژنتیکی را با وزن ۴۵ روزگی داشت. پرندگان سنگین تر در هفته های اول می توانند وزن خود را به هفته های بعدی انتقال داده و باعث ایجاد همبستگی ژنتیکی بالاتر با وزن های این هفته ها شود (Saatci و همکاران، ۲۰۰۳). بالا بودن همبستگی ژنتیکی بین صفات در سن های مختلف در بلدرچین ژاپنی نشان می دهد که وزن بدن تحت تأثیر اثرات پلئوتروپیک ژن ها قرار گرفته و بنابراین انتخاب برای وزن بدن بالا در سنین اولیه باعث بهبود پیوسته در وزن بدن در سنین آخری

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی و خطای استاندارد بر آورد شده برای صفات مختلف در جمعیت آمیخته بلدرچین

پارامتر*	روزگی ۵	روزگی ۱۰	روزگی ۱۵	روزگی ۲۰	روزگی ۲۵	روزگی ۳۰	روزگی ۳۵	روزگی ۴۰	روزگی ۴۵
σ_a^2	۰/۳۴ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۴ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱	۰/۳۳ ± ۰/۰۰۱
σ_m^2	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۳
σ_c^2	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۳
σ_d^2	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۰۰۲
σ_{ad}^2	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲	۰/۰۸ ± ۰/۰۰۰۲
σ_a^2	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۱۲ ± ۰/۰۰۰۴
σ_c^2	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۲۳ ± ۰/۰۰۰۵
σ_d^2	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۳ ± ۰/۰۰۰۱
ad^2	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱	۰/۰۴ ± ۰/۰۰۰۱

* σ_a^2 واریانس افزاینی، σ_m^2 واریانس مادری، σ_c^2 واریانس محیط مادری، σ_d^2 واریانس غالبیت، σ_{ad}^2 واریانس اقیماهمه، σ_c^2 واریانس فنوتیپی، h_m^2 وراثت پذیری مادری، c^2 نسبت واریانس محیط مادری به واریانس فنوتیپی، d^2 نسبت واریانس غالبیت به واریانس فنوتیپی و ad^2 نسبت واریانس ایستازی به واریانس فنوتیپی پذیری مستقیم، h_m^2 وراثت پذیری مادری، c^2 نسبت واریانس محیط مادری به واریانس فنوتیپی و d^2 نسبت واریانس ایستازی به واریانس فنوتیپی

جدول ۳- همبستگی های ژنتیکی و خطای استاندارد بر آورد شده بین صفات وزن بدن در سنین مختلف

صفات	روزگی ۵	روزگی ۱۰	روزگی ۱۵	روزگی ۲۰	روزگی ۲۵	روزگی ۳۰	روزگی ۳۵	روزگی ۴۰	روزگی ۴۵
وزن هیچ	-	-	-	-	-	-	-	-	-
وزن هیچ	۰/۱۶ ± ۰/۰۰۲۱	۰/۱۷ ± ۰/۰۰۱۷	۰/۱۸ ± ۰/۰۰۱۸	۰/۱۸ ± ۰/۰۰۱۸	۰/۱۹ ± ۰/۰۰۱۹	۰/۱۸ ± ۰/۰۰۱۸	۰/۱۷ ± ۰/۰۰۱۷	۰/۱۸ ± ۰/۰۰۱۸	۰/۱۶ ± ۰/۰۰۱۶
روزگی ۵	-	-	۰/۷۰ ± ۰/۰۰۱۲	۰/۶۵ ± ۰/۰۰۱۶	۰/۶۷ ± ۰/۰۰۱۴	۰/۵۷ ± ۰/۰۰۲۰	۰/۶۰ ± ۰/۰۰۱۸	۰/۵۸ ± ۰/۰۰۲۱	۰/۴۵ ± ۰/۰۰۱۹
روزگی ۱۰	-	-	-	۰/۸۷ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۸۵ ± ۰/۰۰۰۶	۰/۸۷ ± ۰/۰۰۰۶	۰/۹۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۹۰ ± ۰/۰۰۰۶	۰/۸۰ ± ۰/۰۰۱۰
روزگی ۱۵	-	-	-	-	۰/۹۳ ± ۰/۰۰۰۳	۰/۹۳ ± ۰/۰۰۰۳	۰/۸۸ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۷۹ ± ۰/۰۰۰۸
روزگی ۲۰	-	-	-	-	-	۰/۹۳ ± ۰/۰۰۰۳	۰/۸۸ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۸۳ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۷۵ ± ۰/۰۰۰۸
روزگی ۲۵	-	-	-	-	-	-	۰/۹۲ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۸۹ ± ۰/۰۰۰۵	۰/۸۱ ± ۰/۰۰۰۸
روزگی ۳۰	-	-	-	-	-	-	-	۰/۸۹ ± ۰/۰۰۰۴	۰/۷۸ ± ۰/۰۰۰۷
روزگی ۳۵	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۸۴ ± ۰/۰۰۰۵
روزگی ۴۰	-	-	-	-	-	-	-	-	-
روزگی ۴۵	-	-	-	-	-	-	-	-	-

نتیجه گیری

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که وراثت پذیری صفات وزن بدن جمعیت آمیخته بلدرچین متوسط بودند. ژنتیک مادری و محیط دائمی مادر در تمامی صفات سهم بیشتری در تنوع فنوتیپی صفات داشتند. واریانس غالبیت و ایستازی با وجود داشتن سهم کمتر از تنوع فنوتیپی باید جهت برآورد دقیق پارامترها در مدل قرار بگیرند. همبستگی ژنتیکی وزن هیچ با سایر صفات وزنی پایین بود، اما همبستگی ژنتیکی بین صفات در سن ۱۰ تا ۴۵ روزگی بالا و مثبت بودند و انتخاب برای این صفات منجر به بهبود در صفات دیگری خواهد بود. وزن بدن در سن ۲۵ روزگی به دلیل داشتن وراثت-پذیری بالا و همبستگی بالای آن با وزن ۴۵ روزگی می-تواند معیاری برای انتخاب زود هنگام بلدرچین ها برای افزایش وزن در ۴۵ روزگی باشد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله نویسندگان از پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل که امکان اجرای پژوهش حاضر را فراهم کردند، قدردانی می‌نمایند.

منابع

- Akbas, Y., Takma, C. and Yaylak, E. (2004). Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal of Animal Science*, 34: 104-109.
- Barbieri, A., Ono, R.K., Cursino, L.L., Farah, M.M., Pires, M.P., Bertipaglia, T.S., Pires, A.V., Cavani, L., Carreño, L.O.D. and Fonseca, R. (2015). Genetic parameters for body weight in meat quail. *Poultry Science*, 94: 169-171.
- Bijma, P., Muir, W.M. and Van Arendonk, J.A. (2007). Multilevel selection 1: quantitative genetics of inheritance and response to selection. *Genetics*, 175: 277-288.
- Bonafé, C.M., Torres, R.A., Teixeira, R.B., Silva, F.G., Sousa, M.F., Leite, C.D.S., Silva, L.P. and Caetano, G.C. (2011b). Heterogeneity of residual variance in random regression models in the description of meat quail growth. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40: 2129-2134.
- Bonafé, C.M., Torres, R.A., Sarmiento, J.L. R., Silva, L.P., Ribeiro, J.C., Teixeira, R.B., Silva, F.G. and Sousa, M.F. (2011a). Random regression models for description of growth curve of meat quails. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40: 765-771.
- Clément, V., Bibé, B., Verrier, É., Elsen, J.M., Manfredi, E., Bouix, J. and Hanocq, É. (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. *Genetics Selection Evolution*, 33: 369-395.
- Daikwo, S., Dike, U. and Dim, N. (2014). Estimation of Genetic parameters of Weekly Bodyweight and Growth Rates of Japanese quail. *Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 7: 56-62.

- Devi, K.S., Gupta, B.R., Prakash, M.G., Quadratullah, S. and Reddy, A.R. (2010). Genetic studies on growth and production traits in two strains of Japanese quails. *Tamilnadu Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 6: 223-230.
- Dickerson, G.E. (1992). Manual for evaluation of breeds and crosses of domestic animals. In: <http://www.fao.org/docrep/011/t0691e/T0691E01.htm>. Accessed: 5.1.2018.
- Dionello, N., Correa, G., Silva, M., Corrêa, A. and Santos, G. (2008). Genetic trajectory estimates of meat type quail lines using random regression models. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 60: 454-460.
- 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.
- Karaman, E., Firat, M. and Narinc, D. (2014). Single-trait bayesian analysis of some growth traits in japanese quail. *Revista Brasileira de Ciência Avícola*, 16: 51-56.
- 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 Azari, M.A. (2012). Direct and maternal genetic effects of body weight traits in Japanese quail (*Coturnix Coturnix Japonica*). *Archiv fur Geflugelkunde*, 76: 150-154.
- 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.
- Mielenz, N. (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. (2004). The future of Japanese quail for research and production. *World's Poultry Science Journal*, 60: 500-507.
- 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.
- Moritsu, Y., Nestor, K., Noble, D., Anthony, N. and Bacon, W. (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.
- Narinc, 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., Aksoy, T. and Karaman, E. (2010). Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quail (*Coturnix Coturnix Japonica*). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9: 501-507.
- 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.
- Nasiri Foomani, N., Zerehdaran, S., Ahani Azari, M. and Lotfi, E. (2014). Genetic parameters for feed efficiency and body weight traits in Japanese quail. *British Poultry Science*, 55: 298-304.

- Nassar, M., Goraga, Z. and Brockmann, G. (2012). Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: II. Muscle weight and carcass composition. *Animal Genetics*, 43: 739-745.
- Özsoy, A.N. and Aktan, S. (2011). Comparison of genetic parameter and breeding value predictions for live weight gain of Japanese quails by using three different models. *Trends in Animal and Veterinary Sciences*, 2: 11-16.
- Pourtorabi E, Farzin, N. And Seraj, A. (2017). Effects of Genetic and Non-genetic Factors on Body Weight and Carcass Related Traits in Two Strains of Japanese Quails *Poultry Science Journal*, 5: 17-24.
- Prado-Gonzalez, E., Ramirez-Avila, L. and Segura-Correa, J. (2003). Genetic parameters for body weight of Creole chickens from southeastern Mexico using an animal model. *Livestock Research for Rural Development*, 15 (1): 1-7.
- 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.
- Röhel, R., Krieter, J. and Preisinger, R. (2000). The importance of variance components estimation in breeding of farm animals-a review. *Archives Animal Breeding*, 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.
- Saatci, M., Omed, H. and Ap Dewi, I. (2006). Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 85: 185-190.
- Sezer, M. (2007). Genetic parameters estimated for sexual maturity and weekly live weights of Japanese quail (*Coturnix Coturnix Japonica*). *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*, 20(1): 19-24.
- Sezer, M., Berberoglu, E. and Ulutas, Z. (2006). Genetic association between sexual maturity and weekly live-weights in laying-type Japanese quail. *South African Journal of Animal Science*, 36: 142-148.
- Silva, L.P., 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.
- Vali, N., Edriss, M. and Rahmani, H. (2005). Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, 4: 296-300.
- Varkoohi, S. and Kaviani, K. (2014). Genetic improvement for body weight of Japanese quail. *Annual Research and Review in Biology*, 4: 347-353.
- Varkoohi, S., Pakdel, A., Moradi Shahr Babak, M., Nejati Javaremi, A., Kause, A. and Zaghari, M. (2011). Genetic parameters for feed utilization traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 90: 42-47.
- Wei, M. and Van der Werf, J. (1993). Animal model estimation of additive and dominance variances in egg production traits of poultry. *Journal of Animal Science*, 71: 57-65.

Wolak, M.E. (2012). nadv: an R package to create relatedness matrices for estimating non-additive genetic variances in animal

models. *Methods in Ecology and Evolution*, 3: 792-796.

▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪