

برآورد و امکان‌سنجی انتخاب فراسنجه‌های ژنتیکی برای افزایش یکنواختی وزن بدن در بلدرچین ژاپنی

حیدر قیاسی^۱ و مجید خالداری^{۲*}

۱. استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام‌نور

۲. استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۶/۲ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۸/۲)

چکیده

هدف از این پژوهش، برآورد و امکان‌سنجی انتخاب فراسنجه‌های ژنتیکی برای بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین صفت وزن بدن در بلدرچین ژاپنی بود. در این بررسی شمار ۲۶۲۹ رکورد وزن بدن بلدرچین در سن ۲۸ روزگی استفاده شد. فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل آماری Double Hierarchical Generalized Linear Model در نرم‌افزار ASREML 4.0 برآورد شد. واریانس ژنتیک افزایشی برآورد شده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده به ترتیب ۱۸۹/۵۵ و ۰/۱۸ و از نظر آماری معنی‌دار بودند ($P < 0.01$). انحراف معیار افزایشی بخش واریانس باقی‌مانده برابر ۰/۴۲ بود، یعنی کاهش در میانگین ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده به میزان یک انحراف معیار ژنتیک افزایشی سبب ۴۲ درصد افزایش در میزان یکنواختی وزن بدن در ۲۸ روزگی می‌شود. وراثت‌پذیری برآورد شده برای بخش میانگین (۰/۵۱) بیشتر از وراثت‌پذیری برآورد شده برای بخش واریانس باقی‌مانده (۰/۰۲) بود. به‌رغم کم بودن وراثت‌پذیری بخش واریانس باقی‌مانده، این میزان از نظر آماری نسبت به صفر تفاوت معنی‌داری داشت ($P < 0.01$). همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن کمتری (۰/۰۹۴) بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده به دست آمد. همبستگی ژنتیکی نامطلوب و کم (۰/۰۹) بین ارزش‌های اصلاحی بخش میانگین با ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده، برآورد شد. نتایج این بررسی نشان داد، بخش واریانس باقی‌مانده صفت وزن بدن بلدرچین در ۲۸ روزگی، تحت کنترل اثر ژنتیک افزایشی بوده که می‌توان با انتخاب ژنتیکی میزان یکنواختی گله برای این صفت را افزایش داد.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی، واریانس بخش باقی‌مانده، وزن بدن، یکنواختی وزن.

The study of possibility of genetic selection in order to increase the uniformity of body weight in Japanese quail

Heydar Ghiasi¹ and Majid Khaldari^{2*}

1. Assistant Professor, Faculty of Agricultural Science, Payame Noor University, Tehran, Iran

2. Assistant Professor, Faculty of Agricultural and natural resources, Lorestan University, Khorram-Abad, Iran

(Received: Aug. 24, 2017 - Accepted: Oct. 24, 2017)

ABSTRACT

The aim of this research was to estimate genetic parameters for mean and residual of body weight in Japanese quail. A total of 2629 quail body weight records at 28 days old were used in this research. Double hierarchical generalized linear model (DHGLM) was used to estimate (co) variance components using ASREML 4.0 software. Additive genetic variance for mean and residual were 189.59 and 0.18, respectively and were statistically significant ($p < 0.01$). The genetic standard deviation for residual of body weight was 0.42. Therefore decreasing estimated breeding value of residual by 1 genetic standard deviation can increase the uniformity of body weight at 28 days old by 42%. Heritability for mean (0.51) was larger than the heritability for the residual (0.02). Although heritability for residual was low but it was significant ($p < 0.01$). The Spearman rank correlation between estimated breeding values in mean and dispersion was low (0.094). Low and unfavorable genetic correlation (0.09) was obtained between mean and residual. The results obtained in this research show the residual of body weight records at 28 days old is under control of additive genetic variance and uniformity can be achieved by means of genetic selection.

Keywords: Body weight, Japanese quail, residual variance, uniformity of body weight.

* Corresponding author E-mail: khaldari.m@lu.ac.ir

مقدمه

هدف از اصلاح نژاد در دام و طیور بهبود کمی و کیفی برخی از صفات مانند تولید شیر و وزن بدن و ... در سطح جامعه موردنظر است. لیکن برای برخی از صفات نه تنها افزایش میانگین صفات بلکه افزایش یکنواختی آن‌ها نیز اهمیت دارد. به‌عنوان مثال، افزایش یکنواختی وزن بدن در جوجه‌های گوشتی از نظر اقتصادی اهمیت فراوانی دارد، چراکه فروش جوجه‌های خیلی سبک و خیلی سنگین در کشتارگاه، به دلیل نداشتن بازپسندی با چالش‌هایی همراه است (Mulder, 2008). یکنواختی وزن بدن در گونه‌های دیگری مانند گاو گوشتی نیز اهمیت دارد، به‌طوری‌که در کشور برزیل قیمت گاوهای گوشتی هنگام کشتار بر پایه یکنواختی در صفات وزن لاشه، چربی بدن و ترکیب‌های لاشه تعیین می‌شود (Neves et al., 2011). راهبرد (استراتژی)‌های مدیریتی و نظام‌های آمیزشی مختلفی در جهت افزایش یکنواختی در صفات اقتصادی در اصلاح نژاد دام و طیور استفاده شده است. به‌عنوان مثال، ایجاد رگه (لاین)‌های همخون سبب افزایش یکنواختی صفات می‌شود. همچنین آمیزش‌های غیرخویشاوندی سبب افزایش یکنواختی در افراد نسل اول می‌شود ولی این راهبردها در کاهش تنوع پدیدگانی (فنوتیپی) یا افزایش یکنواختی صفات مؤثر نیستند (Hohenboken, 1985). تفاوت بین حیوان‌ها از نظر همگنی برای یک صفت به دلیل تفاوت در واریانس باقی‌مانده آن صفت است و این فرض که واریانس باقی‌مانده صفت توسط اثر ژنتیک افزایشی کنترل می‌شود، در نتایج بررسی‌های مختلفی گزارش شده است (Neves et al, 2011; Mulder, 2008; Gutiérrez et al, 2006). انتخاب در جهت کاهش واریانس باقی‌مانده سبب افزایش یکنواختی افراد برای صفت مورد نظر می‌شود. به‌عنوان مثال، انتخاب در جهت کاهش واریانس باقی‌مانده شمار نوزادان متولدشده و وزن بدن در خرگوش سبب پاسخ ژنتیکی مناسب برای افزایش یکنواختی در این صفات شده است (Martinez Alvaro, 2014; Garreau et al., 2008). از دیدگاه ژنتیک مولکولی نیز

شواهدی مبنی بر اینکه بخش واریانس باقی‌مانده صفت تحت کنترل اثر ژنتیک افزایشی است، وجود دارد. به‌عنوان مثال، برخی ژن‌های نامزد (کاندیدا) در ژنگان (ژنوم) مگس سرکه مکان‌یابی شده‌اند که واریانس باقی‌مانده صفات چندی را در این‌گونه کنترل می‌کنند (Sørensen et al., 2015).

دو روش آماری برای برآورد اجزای واریانس و ارزش اصلاحی برای بخش واریانس باقی‌مانده یک صفت ارائه شده است. روش اول به یک روش دو مرحله‌ای معروف است و روش دوم استفاده از مدل‌های ساختاری (Structural Model) است. در روش دو مرحله‌ای، در آغاز صفت با استفاده از یک مدل حیوانی یک متغیره تجزیه می‌شود تا برای هر مشاهده، باقی‌مانده (ϵ) برآورد شود، آنگاه در مرحله دوم ϵ ‌های به‌دست‌آمده را به توان دو رسانده و \ln آن‌ها محاسبه می‌شود. سپس مقادیر $\ln(\epsilon^2)$ را به‌عنوان مشاهده استفاده کرده و با استفاده از یک مدل حیوانی، اجزای واریانس و ارزش‌های اصلاحی برای بخش باقی‌مانده صفت برآورد می‌شود (Neves et al., 2011). استفاده از روش دو مرحله‌ای برای برآورد اجزای واریانس بخش باقی‌مانده، ممکن است سبب ایجاد اربیبی در برآورد اجزای واریانس شود، زیرا نبود قطعیت در برآورد باقی‌مانده‌ها در مرحله اول در هنگام استفاده از آن‌ها به‌عنوان مشاهده در مرحله دوم در نظر گرفته نمی‌شود (Rönnegård et al., 2013). روش آماری دوم برای برآورد اجزای واریانس بخش باقی‌مانده، استفاده از مدل‌های ساختاری¹ است. در این روش به‌طور همزمان در یک تجزیه، اجزای واریانس برای بخش باقی‌مانده و بخش میانگین صفت برآورد می‌شود. لذا اربیبی ناشی از نبود قطعیت در برآورد اجزای واریانس که در روش اول به آن اشاره شد، در این روش وجود ندارد. در اصلاح دام برای نخستین بار Rönnegård et al. (2010) روش Double Hierarchical Generalized Linear Model (DHGLM) را برای برآورد همزمان اجزای واریانس برای بخش میانگین و واریانس باقی‌مانده ارائه کردند،

دسترسی داشتند. برای دستیابی به شمار بیشتر جوجه به ازای هر خانواده، در هر نسل دو مرحله جوجه‌کشی (هچ) وجود داشت و انتخاب برای وزن بدن در سن ۲۸ روزگی (W28) سه نسل متوالی (نسل‌های جداگانه) انجام شد. در هر دو مرحله جوجه‌کشی W28 اندازه‌گیری شد. انتخاب جوجه‌های برتر به‌عنوان والدین نسل بعد بر پایه ارزش‌های اصلاحی و با استفاده از نرم‌افزار ASREML (Gilmor et al., 2014) انجام شد.

روش آماری

برای برآورد اجزای واریانس برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده صفت W28 از مدل آماری DHGLM که توسط Rönnegård et al. (2010) و الگوریتم (Iterative Reweighted Least Square) IRWLS که توسط Felleki et al. (2012) ارائه شده است، با استفاده از نرم‌افزار R و ASREML 4.0 (Gilmour et al., 2014) استفاده شد. الگوریتم مورد استفاده به شرح زیر است:

مرحله ۱- در آغاز W28 با استفاده از مدل آماری زیر تجزیه شد تا واریانس باقی‌مانده (σ_e^2) برآورد شود.

$$y = X\beta + Za + e$$

در مدل بالا β : بردار اثر ثابت جنس و مرحله جوجه‌کشی؛ a : بردار اثر تصادفی ژنتیک افزایشی پرنده با توزیع نرمال $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$ که A : ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی، σ_a^2 : واریانس ژنتیک افزایشی، e : بردار باقی‌مانده با توزیع نرمال $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ و σ_e^2 : واریانس باقی‌مانده و X ، Z و W ماتریس طرح هستند.

مرحله ۲- W28 با استفاده از یک مدل خطی وزنی^۱ تجزیه شد که در این مدل وزن داده شده به صورت $W = \frac{1}{\sigma_e^2}$ بود که σ_e^2 میزان برآورد شده در مرحله اول بود. مدل آماری مورد استفاده در این مرحله همسان مدل مورد استفاده در مرحله ۱ بود، با این تفاوت که در مرحله ۲ از W به‌عنوان عامل وزنی، برای تجزیه صفت W28 استفاده شد. نظر به اینکه

ولی عیب این الگوریتم این بود که قادر به برآورد همبستگی ژنتیکی بین ارزش اصلاحی بخش میانگین و واریانس باقی‌مانده نبود. Felleki et al. (2012) الگوریتم ارائه‌شده توسط Rönnegård et al. (2010) را گسترش داده و توانستند با استفاده از روش (DHGLM)، افزون بر برآورد همزمان اجزای واریانس برای بخش میانگین و واریانس باقی‌مانده، همبستگی ژنتیکی بین بخش میانگین و واریانس باقی‌مانده را نیز برآورد کنند.

هدف از این تحقیق، برآورد اجزای واریانس و کوواریانس برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده صفت وزن بدن بلدرچین ژاپنی در ۲۸ روزگی با استفاده از روش DHGLM بود.

مواد و روش‌ها

پرنده‌های آزمایشی و داده‌ها

جمعیت بلدرچین مورد استفاده در این تحقیق از مزرعه‌ای در شهرستان یزد تهیه شد. جمعیت مورد نظر تحت هیچ برنامه انتخابی قرار نگرفته بود. از جمعیت یادشده ۱۱۷ پرنده به‌طور تصادفی انتخاب و برای همه آن‌ها شماره پا نصب شد. سپس پرنده‌ها با نسبت جنسی ۱ به ۲ (نر به ماده) در قفس‌های انفرادی قرار گرفتند. تخم بلدرچین‌ها به‌طور روزانه گردآوری و برای تشکیل شجره بر پایه شماره مادر شماره‌گذاری شدند. پس از نگهداری تخم‌ها به مدت هفت روز در دمای ۱۵ درجه سلسیوس و رطوبت ۷۰ درصد، تخم‌ها برای ۱۴ روز در محل خواباندن تخم‌مرغ (setter) دستگاه جوجه‌کشی قرار گرفتند. سپس تخم‌های هر مادر به حفره‌های جداگانه‌ای در سینی‌های دستگاه جوجه‌کشی (هچری) منتقل و به مدت سه روز در آن دستگاه قرار داده شدند. در هنگام تفریح (در آمدن از تخم) برای جوجه‌ها با استفاده از صفحه‌های پلاستیکی شماره‌دار، شماره پا نصب شد و جوجه‌ها در بشقاب (پن)‌های گروهی با ۶۰ پرنده به ازای هر مترمربع پرورش داده شدند. پرنده‌ها در طی دوره پرورش به ۲۴ ساعت نور و یک جیره تجاری استاندارد شامل ۲۶ درصد پروتئین و ۲۹۰۰ کیلو کالری انرژی قابل سوخت‌وساز (متابولیسم) به‌طور آزاد

1. Weighted linear mixed model

برآورد وراثت‌پذیری

وراثت‌پذیری بخش میانگین (h_m^2) به صورت زیر محاسبه شد:

$$h_m^2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$$

که σ_e^2 : واریانس افزایشی برآوردشده و σ_p^2 واریانس پدیدگانی برای صفت W28 در خروجی فایل asr. در نرم‌افزار ASREML است. نکته بسیار مهم این است که در الگوریتم IRWLS وقتی تجزیه دو صفت انجام می‌شود، واریانس باقی‌مانده برای بخش میانگین برابر یا نزدیک ۱ برآورد می‌شود در این حالت برای محاسبه واریانس پدیدگانی باید واریانس باقی‌مانده واقعی (E square یا σ_e^2) به صورت زیر محاسبه شود:

در آغاز در فایل yht. در خروجی ASREML در ستون دوم Yhat مربوط به بخش باقی‌مانده را ذخیره و آنگاه \exp این مقادیر را حساب و در نهایت میانگین حسابی این مقادیر محاسبه می‌شوند که میزان به‌دست‌آمده σ_e^2 است.

وراثت‌پذیری بخش باقی‌مانده (h_v^2) به صورت زیر محاسبه می‌شود (Mulder et al., 2007):

$$h_d^2 = \frac{\sigma_{Ad}^2}{2\sigma_p^2 + 3\sigma_{Ad}^2}$$

که σ_p^2 : واریانس پدیدگانی صفت W28 به توان دو و واریانس σ_{Ad}^2 از رابطه

$$\sigma_{Ad}^2 = [(\sigma_{E,exp}^2) \times \exp(2\sigma_{Ad}^2)] - \sigma_e^2$$

که σ_{Ad}^2 : واریانس ژنتیک افزایشی برآوردشده برای بخش باقی‌مانده، σ_e^2 برابر است با واریانس باقی‌مانده واقعی (E square یا σ_e^2) برای صفت W28 به توان دو و $\sigma_{E,exp}^2 = \sigma_e^2 / (\exp(\frac{\sigma_{Ad}^2}{2}))$ است.

نتایج و بحث

اجزای واریانس برآوردشده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده صفت وزن بدن در ۲۸ روزگی در جدول ۱ ارائه شده است. واریانس افزایشی برآوردشده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده به ترتیب ۱۸۹/۵۵ و ۰/۱۸ بود. میزان واریانس‌های برآوردشده، معنی‌دار هستند، به طوری که نسبت واریانس برآوردشده به اشتباه معیار، بزرگ‌تر از

توان دوم \hat{e}_1 توزیع گاما دارد، برای برآورد ناریب اجزای واریانس برای باقی‌مانده‌ها، در آغاز \hat{e}_1 تبدیل خطی شد (Felleki et al., 2012). از σ_e^2 (واریانس باقی‌مانده برای بخش میانگین صفت) و مقادیر \hat{e}_1 : میزان باقی‌مانده برای هر مشاهده (ستون ۳ در فایل yht. در خروجی ASREML) و h_i : قطر اصلی ماتریس hat (ستون ۴ در فایل yht. در خروجی ASREML) که در مرحله دوم برآورده شده‌اند استفاده شد تا Z_d که تبدیل خطی \hat{e}_1 ها است، به صورت زیر محاسبه شود:

$$h_T = \frac{h_i \times W}{\sigma_e^2}, W_d = \frac{1-h_T}{2}, y_d = \frac{\hat{e}_1^2}{1-h_T}, \eta = \frac{\sigma_e^2}{W} \text{ و } Z_d = \log(\eta) + \frac{y_d}{\eta-1}$$

مرحله ۳- W28 با عامل وزنی $W = \frac{1}{\sigma_e^2}$ که σ_e^2 در مرحله اول برآورد شد) و Z_d با عامل وزنی W_d (محاسبه‌شده در مرحله دوم) با استفاده از مدل weighted bivariate linear mixed model تجزیه شدند. در این مدل تمام اثر ثابت برای صفت W28 و Z_d یکسان و همسان مدل مرحله ۱ است.

مرحله ۴- از خروجی ASREML در مرحله سوم که با استفاده از مدل weighted bivariate linear mixed model تجزیه شد مقادیر \hat{e}_1 ، h_i ، σ_e^2 (واریانس باقی‌مانده برای بخش میانگین صفت) را استخراج و مقادیر زیر محاسبه شدند:

$$h_T = \frac{h_i \times W}{\sigma_e^2}, W_d = \frac{1-h_T}{2}, y_d = \frac{\hat{e}_1^2}{1-h_T}, \eta = \frac{\sigma_e^2}{W} \text{ و } Z_d = \log(\eta) + \frac{y_d}{\eta-1}$$

مرحله ۵- Z_d (برآورد شده در مرحله ۴) با عامل وزنی W_d (برآورد شده در مرحله ۴) و صفت W28 (رکورد پدیدگانی پرنده)، با عامل وزنی W به‌دست‌آمده از رابطه $W = -\exp(-Z_d)$ که Z_d میزان برآورد شده برای متغیر Z_d در فایل yht خروجی ASREML در مرحله ۴ است، به صورت دو صفت با استفاده از مدل weighted bivariate linear mixed model تجزیه شد.

مرحله ۶- مرحله ۴ تا ۵ تا زمان همگرایی تکرار شدند. همگرایی هنگامی است که واریانس باقی‌مانده برآوردشده برای بخش میانگین صفت برابر ۱ باشد.

دیگری گزارش شده است، یک انحراف معیار کاهش در ارزش اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده صفات میزان تولید شیر و شمار یاخته‌های بدنی، یکنواختی این صفات را به میزان ۲۰ درصد افزایش می‌دهد (Rönnegård *et al.*, 2013). میزان افزایش یکنواختی صفت فاصله زایش تا نخستین تلقیح در نتیجه کاهش یک انحراف معیار در ارزش اصلاحی بخش باقی‌مانده، ۱۲ درصد گزارش شده است (Ghiasi *et al.*, 2016).

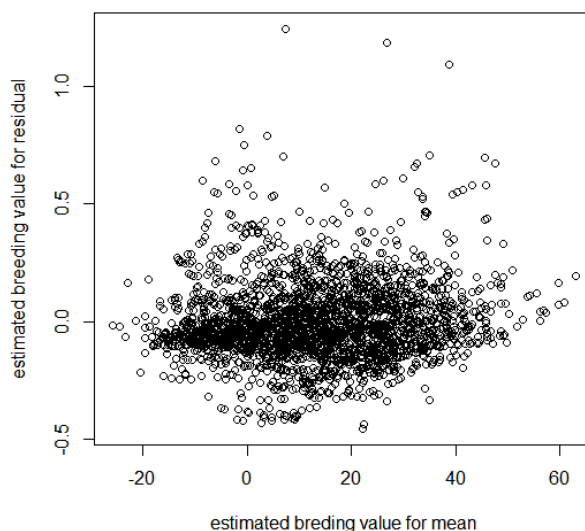
در این تحقیق همبستگی ژنتیکی بین ارزش‌های اصلاحی بخش میانگین با ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده ۰/۰۹ برآورد شد. شکل ۱ نیز بیانگر ارتباط ضعیف بین ارزش‌های اصلاحی برآوردشده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده است. علامت همبستگی برآوردشده مثبت است و چون هدف افزایش وزن بدن در ۲۸ روزگی و کاهش ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده برای افزایش یکنواختی بوده است، این همبستگی بین بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین نامطلوب است، به طوری که انتخاب برای افزایش وزن بدن در ۲۸ روزگی سبب کاهش یکنواختی در گله می‌شود و برعکس انتخاب در جهت افزایش یکنواختی می‌تواند سبب کاهش وزن بدن در ۲۸ روزگی شود. نظر به اینکه میزان همبستگی ژنتیکی برآوردشده پایین است، تأثیر انتخاب برای افزایش یکنواختی بر وزن بدن در ۲۸ روزگی و برعکس، کمترین است. همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن پایینی (۰/۰۹۴) بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده محاسبه شد. این میزان از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بیانگر آن است که اگر حیوان‌ها بر پایه ارزش‌های اصلاحی برآوردشده برای بخش میانگین رتبه‌بندی شوند، رتبه این حیوان‌ها بر پایه ارزش‌های اصلاحی برآوردشده برای بخش واریانس باقی‌مانده تا حدودی، متفاوت خواهد بود. نتایج به‌دست‌آمده از شکل ۱ و همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن تأییدکننده میزان همبستگی ژنتیکی پایین برآوردشده بین ارزش اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین وزن بدن در ۲۸ روزگی در بلدرچین ژاپنی است.

۶ بود. انحراف معیار افزایشی بخش واریانس باقی‌مانده ($\sqrt{\sigma_{ad}^2}$) برابر ۰/۴۲ بود. ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده توزیع گاما دارد و $\exp(\bar{a}_v) = 1/42 \exp(\bar{a}_v) = \exp(\bar{a}_v + 0/42)$ است، بنابراین اگر میانگین ارزش‌های اصلاحی برآوردشده برای بخش واریانس باقی‌مانده (\bar{a}_v) به میزان یک انحراف معیار ژنتیک افزایشی کاهش یابد، میزان یکنواختی وزن بدن در بلدرچین ژاپنی در جمعیت مورد نظر، ۴۲ درصد افزایش می‌یابد. وراثت‌پذیری برآوردشده برای بخش میانگین (۰/۵۱) بیشتر از وراثت‌پذیری برآوردشده برای بخش واریانس باقی‌مانده (۰/۰۲) بود. به‌رغم پایین بودن وراثت‌پذیری بخش واریانس باقی‌مانده، این میزان از نظر آماری نسبت به ۰ معنی‌دار بود، زیرا واریانس افزایشی برآوردشده برای بخش واریانس باقی‌مانده معنی‌دار بود ($P < 0/01$).

نتایج همسانی در ارتباط با پایین بودن وراثت‌پذیری بخش واریانس باقی‌مانده نسبت به وراثت‌پذیری بخش میانگین برای میزان تولید شیر و شمار یاخته‌های بدنی در گاو شیری (Rönnegård *et al.*, 2013)، صفت رشد در گاو گوشتی (Neves *et al.*, 2011)، وزن بدن در جوجه گوشتی (Mulder *et al.*, 2009) و وزن بدن در خرگوش (Bodin *et al.*, 2010) گزارش شده است. پایین بودن وراثت‌پذیری بخش واریانس باقی‌مانده بیانگر آن است که برای برآورد صحیح‌تر ارزش‌های اصلاحی برای بخش باقی‌مانده، میزان اطلاعات و رکوردهای بیشتری مورد نیاز است. با این وجود نتایج به‌دست‌آمده از این بررسی نشان می‌دهد، واریانس ژنتیکی قابل‌توجهی برای بخش واریانس باقی‌مانده وجود دارد و امکان انتخاب برای افزایش یکنواختی وزن بدن در ۲۸ روزگی در بلدرچین ژاپنی وجود دارد، به طوری که کاهش یک انحراف معیار در ارزش‌های اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده سبب ۴۲ درصد افزایش در یکنواختی صفت می‌شود. برای صفات وزن بدن در جوجه‌های گوشتی در نتایج پژوهشی گزارش شده است، یک نسل انتخاب برای افزایش یکنواختی می‌تواند میزان یکنواختی را ۲۰ تا ۳۰ درصد افزایش دهد که تا حدودی با نتایج این بررسی همخوانی دارد. همچنین در نتایج پژوهش

جدول ۱. اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی برای بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده صفت وزن بدن در ۲۸ روزگی

Trait	Parameters				Genetic correlation	Spearman rank correlation
	Additive genetic variance	Residual variance	Phenotypic variance	Heritability		
Mean of trait	$\sigma_a^2 = 189.55$	$\sigma_e^2 = 177.96$	$\sigma_p^2 = 367.51$	$h_m^2 = 0.51$	$r_G = 0.09$	$\rho = 0.094$
Residual of trait	$\sigma_{ad}^2 = 0.18$	$\sigma_e^2 = 0.99$	$\sigma_{pd}^2 = 1.17$	$h_d^2 = 0.02$		



شکل ۱. ارتباط بین ارزش‌های اصلاحی بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده
Figure 1. Relationship between estimated breeding values for mean and residual

ژنتیکی برآورد شده بین بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین صفات، گاهی مطلوب و گاهی نامطلوب است. هرگاه هدف افزایش میانگین صفت باشد، همبستگی منفی مطلوب است، چراکه با افزایش میانگین، ارزش اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده کاهش یافته و یکنواختی صفت زیاد می‌شود و هرگاه هدف کاهش میانگین صفت باشد، همبستگی مثبت مطلوب است، زیرا با کاهش میزان میانگین، ارزش اصلاحی بخش واریانس باقی‌مانده نیز کاهش می‌یابد، لذا همزمان یکنواختی نیز افزایش می‌یابد.

نتیجه‌گیری

نتایج این بررسی نشان داد، بخش واریانس باقی‌مانده صفت وزن بدن بلدرچین ژاپنی در ۲۸ روزگی تحت کنترل تأثیر ژنتیک افزایشی است. به‌رغم اینکه وراثت‌پذیری پایینی برای بخش واریانس باقی‌مانده برآورد شد، ولی واریانس ژنتیک افزایشی قابل توجهی برآورد شد، به‌طوری‌که یک انحراف معیار کاهش در

بنابراین بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین صفت وزن بدن بلدرچین در ۲۸ روزگی را می‌توان به‌عنوان دو صفت جداگانه در نظر گرفت که همبستگی ژنتیکی ضعیف و نامطلوبی بین آن‌ها وجود دارد. لذا برای بهبود همزمان این دو صفت از شاخص‌های انتخاب معمولی نمی‌توان استفاده کرد بلکه باید از شاخص‌های انتخاب محدود شده برای افزایش وزن بدن و افزایش یکنواختی (انتخاب در جهت کاهش ارزش‌های اصلاحی بخش باقی‌مانده) استفاده کرد. در نتایج پژوهشی نیز برای صفت وزن بدن در جوجه گوشتی، همبستگی ژنتیکی منفی و مطلوبی بین بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین گزارش شده است که با نتایج به‌دست‌آمده از این تحقیق همخوانی ندارد (Mulder *et al.*, 2009). برای صفت قطر فیبر الیاف در شتر آلپاکا، همبستگی ژنتیکی مثبت و مطلوبی بین بخش واریانس باقی‌مانده و بخش میانگین گزارش شده است (Morante *et al.*, 2009). همان‌طور که ملاحظه می‌شود همبستگی

واریانس ژنتیک افزایشی بخش واریانس باقی‌مانده سبب افزایش قابل‌توجهی در یکنواختی این صفت می‌شود. همبستگی ژنتیکی کم و نامطلوبی بین بخش واریانس و بخش واریانس باقی‌مانده میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده برآورد شد، بنابراین انتخاب تنها برای افزایش وزن بدن می‌تواند تا حدودی سبب افزایش غیریکنواختی در گله شود.

REFERENCES

1. Bodin, L., Garcia, M., Saleil, G., Bolet, G. & Garreau, H. (2010). Results of 10 generations of canalising selection for rabbit birth weight. In: *9th World Congress on genetics applied to livestock production (p. 1-4), Leipzig, Germany*.
2. Felleki, M., Lee, D., Lee, Y., Gilmour, A. R. & Rönnegård, L. (2012). Estimation of breeding values for mean and dispersion, their variance and correlation using double hierarchical generalized linear models. *Genetics research*, 94, 307-317.
3. Garreau, H., Bolet, G., Larzul, C., Robert-Granie, C., Saleil, G., SanCristobal, M. & Bodin, L. (2008). Results of four generations of a canalising selection for rabbit birth weight. *Livestock Science*, 119, 55-62.
4. Ghiasi, H. & Felleki, M. (2016). Joint estimation of (co) variance components and breeding values for mean and dispersion of days from calving to first service in Holstein cow. *Animal Production Science*, 57, 760-766.
5. Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., Welham, S. J. & Thompson, R. (2014). ASReml User Guide Release 4. *VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. Available from: <http://cdn.vsn.co.uk/downloads/asreml/release4/UserGuideFunctional.pdf>*.
6. Gutiérrez, J. P., Nieto, B., Piqueras, P., Ibáñez, N. & Salgado, C. (2006). Genetic parameters for canalisation analysis of litter size and litter weight traits at birth in mice. *Genetics Selection Evolution*, 38, 445.
7. Hohenboken, W. D. (1985). The manipulation of variation in quantitative traits: a review of possible genetic strategies. *Journal of Animal Science*, 60, 101-110.
8. Morante, R., Goyache, F., Burgos, A., Cervantes, I., Pérez-Cabal, M. A. & Gutiérrez, J. P. (2009). Genetic improvement for alpaca fibre production in the Peruvian Altiplano: the Pacamarca experience. *Animal Genetic Resources*, 45, 37-43.
9. Mulder, H. A., Hill, W. G., Vereijken, A. & Veerkamp, R. F. (2009). Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. *Animal*, 3, 1673-1680.
10. Mulder, H. A., Bijma, P. & Hill, W. G. (2008). Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. *Genetics Selection Evolution*, 40, 37-60.
11. Mulder, H. A., Bijma, P. & Hill, W. G. (2007). Prediction of breeding values and selection responses with genetic heterogeneity of environmental variance. *Genetics*, 175, 1895-1910.
12. Neves, H. H. R., Carvalheiro, R., Roso, V. M. & Queiroz, S. A. (2011). Genetic variability of residual variance of production traits in Nellore beef cattle. *Livestock Science*, 142, 164-169.
13. Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, W. F., Mulder, H. A. & Strandberg, E. (2013). Variance component and breeding value estimation for genetic heterogeneity of residual variance in Swedish Holstein dairy cattle. *Journal of dairy science*, 96, 2627-2636.
14. Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, F., Mulder, H. A. & Strandberg, E. (2010). Genetic heterogeneity of residual variance-estimation of variance components using double hierarchical generalized linear models. *Genetics Selection Evolution*, 42, 8-17.
15. Sørensen, P., de los Campos, G., Morgante, F., Mackay, T. F. & Sorensen, D. (2015). Genetic control of environmental variation of two quantitative traits of *Drosophila melanogaster* revealed by whole-genome sequencing. *Genetics*, 201, 487-497.