

برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن در نتیجه اثر متقابل اجتماعی در یک لاین تجاری جوجه گاوشتی

وحید عرب فیروزجایی^۱، رستم عبداللهی آرپناهی^{۲*} و عبدالرضا صالحی^۳

۱، ۲ و ۳. دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار، گروه علوم دامی، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۱۰/۵ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱/۲۵)

چکیده

اثر متقابل اجتماعی در میان افراد می‌تواند نقش مهمی بر میزان عملکرد صفات تولیدی و صفات مرتبط با شایستگی در دام‌های اهلی داشته باشد. به همین جهت در این مطالعه اثر متقابل اجتماعی پن در یک لاین تجاری گوشتی برای دو صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن ارزیابی و در این پژوهش از داده‌های ۲۹۶۶۵ پرندۀ واقع در مجتمع مرغ لاین آرین بابل کنار استفاده شد و فراسنجه‌های ژنتیکی مستقیم و اجتماعی برای این دو صفت با استفاده از چهار مدل شامل مدل کلاسیک حیوانی، مدل با اثر تصادفی پن و مدل‌های کامل با اثر متقابل اجتماعی با و بدون کوواریانس برآورد شد. بر پایه معیار آماری AIC مناسب‌ترین مدل برای صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن انتخاب شد. بر پایه مناسب‌ترین مدل، وراثت‌پذیری وزن تخم‌مرغ ۰/۶۰ و برای وزن بدن ۰/۵۵ برآورد شد. کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثر متقابل اجتماعی برای وزن تخم‌مرغ ۰/۵۱- و برای وزن بدن ۰/۳۷ به دست آمد. به‌طور کلی نتایج نشان داد، به دلیل رقابت ژنتیکی بین اعضای پن برای صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن، باید اثر متقابل اجتماعی و اثر پن در مدل ارزیابی ژنتیکی این دو صفت در این جمعیت در نظر گرفته شود.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل اجتماعی، مرغ لاین آرین، مدل حیوانی، وراثت‌پذیری.

Estimates of genetics parameters of egg weight and body weight due to social interaction in a commercial broiler chicken line

Vahid Arab-Firozjaie¹, Rostam Abdollahi-Arpanahi^{2*} and Abdolreza Salehi³

1, 2, 3. M.Sc. Student, Assistant Professor and Associate Professor, Department of Animal and poultry science, Aburiah Campus, University of Tehran, Iran

(Received: Dec. 26, 2017 - Accepted: Apr. 14, 2018)

ABSTRACT

Social interaction among individuals can have important influences on the production and fitness traits in livestock population. Therefore, the aim of this study was to estimate variance components due to social effects for two production traits including egg weight and body weight in a commercial broiler chicken line. In this study 29,645 production records provided by Arian commercial broiler chicken line center of Iran were used. Data were collected during years 2007 to 2016 and analyzed with four different single-trait animal models including or excluding random genetic social and pen effects, using AI-REML algorithm. For each trait, the most appropriate model was chosen based on Akaike information criteria. Based on the most appropriate fitted models, direct heritability estimates ranged from 0.60±0.02 (egg weight) to 0.55±0.02 (body weight). Even though social genetic variance was small, it was significantly different from zero for body weight and egg weight. The variance due to random pen effect was significant for egg production traits. In general, social genetic and pen effects were important effects regardless of trait under study. Correlation between direct and social genetic effects was negative (-0.51) for egg weight and positive (0.27) for body weight. In general, we concluded that social genetic and pen effects should be included in the statistical models for genetic evaluation of egg weight and body weight in broiler chicken.

Keywords: Animal model, Arian broiler line, heritability, social interaction effects.

* Corresponding author E-mail: r.abdollahi@ut.ac.ir

مقدمه

اثر متقابل اجتماعی، یعنی یک فرد بر فرد دیگر اثر بگذارد و بازدارنده یا محرک نمایش کامل فنوتیپ (پدیدگان) فرد تأثیر پذیرنده شود. این اثرگذاری‌ها بین همهٔ افرادی که به‌صورت گروهی زندگی می‌کنند از جمله گیاهان و حیوانات وجود دارند. اثر متقابل اجتماعی همچنین به نام‌های اثر مرتبط (Associative effect) و اثر ژنتیکی غیرمستقیم (Indirect Genetic effect) در منابع پیشین بررسی شده است (Griffing, 1967). به‌طورکلی، اثرگذاری منفی اثر متقابل اجتماعی در جمعیت‌های اهلی بیشتر از اثرگذاری‌های مثبت آن‌ها است مانند افزایش پربریزی در مرغ‌های تخم‌گذار که موجب مرگ‌ومیر ناشی از همدیگرخوری (کانیبالیسم) می‌شود. همچنین در خوک‌ها باعث افزایش دم‌خواری و رفتارهای درگیرانه می‌شود (Bergsma et al., 2008; Ellen et al., 2014). در گیاهان رقابت برای استفاده از نور خورشید باعث سایه افکندن بر همدیگر می‌شوند.

اثر متقابل اجتماعی هم بر جهت تغییرپذیری‌ها و هم بر میزان پاسخ به انتخاب تأثیر می‌گذارد و در نظر گرفتن این عامل در ارزیابی و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی نقش مهمی را دارد (Bijma et al., 2007; Bergsma et al., 2008; Ellen et al., 2014). اثر متقابل اجتماعی را می‌توان اثر ژنتیکی غیرمستقیم نامید که ارزش صفت یک فرد تحت تأثیر ژن‌های فرد دیگر است (Wilson et al., 2009). اثر متقابل اجتماعی بین اعضای گروه ممکن است یک اثر محیطی به نظر برسد، اما چون می‌تواند پایه و منشأ ژنتیکی داشته باشد از انواع دیگر اثرگذاری‌های محیطی متفاوت هست (Wolf, 2003).

مدل‌های کلاسیک با انتخاب بر مبنای اطلاعات خود فرد و خویشاوندان تنها روی اثر ژنتیکی مستقیم (Direct Genetic Effect) خود فرد تمرکز دارند به‌استثنای مدل مادری که در آن فرزند تحت تأثیر مادر قرار می‌گیرد (Bijma et al., 2007; Ellen et al., 2010). درحالی‌که سهم اثر متقابل ژنتیکی در جمعیت‌های دام و طیور قابل توجه است (Bijma et al., 2007; Khaw et al., 2014). اگر

اثر متقابل اجتماعی موجود باشد و انتخاب تنها بر مبنای ارزش‌های اصلاحی به دست آمده از مدل‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم باشد، پاسخ به انتخاب ممکن است کمتر از میزان مورد انتظار باشد (Bijma et al., 2007). بنابراین، هنگامی‌که هدف بهبود صفاتی باشد که با اثر متقابل بین افراد تحت تأثیر قرار می‌گیرد، استفاده از مدل‌های کلاسیک اصلاح نژاد درست نبوده و پاسخ به انتخاب می‌تواند در جهت مخالف با هدف انتخاب نیز باشد (Bergsma et al., 2008; Ellen et al., 2010; Peeters et al., 2013; Liu & Tang, 2016).

در مدل عمومی ژنتیک کمی ارزش فنوتیپی یک فرد به‌صورت برآیند اثر ژنتیکی مستقیم و اثر باقیمانده تعریف می‌شود اما هنگامی‌که اثر متقابل اجتماعی در بین اعضای گروه وجود داشته باشد، ارزش فنوتیپی هر فرد به‌صورت مجموع اثر ژنتیکی مستقیم خود فرد و اثر ژنتیکی اجتماعی مربوط به اعضای گروه فرد مدل می‌شود (Bijma et al., 2007; Ellen et al., 2007; Bergsma et al., 2008; Liu & Tang, 2016). اثر متقابل اجتماعی همانند اثر ژنتیکی مستقیم می‌تواند جزء ژنتیکی و غیرژنتیکی داشته باشند (Muir, 2005; Bouwman et al., 2010; Khaw et al., 2014). اثر متقابل اجتماعی باید در طول انتخاب و برنامه‌های اصلاح نژادی در نظر گرفته شود، تا پاسخ به انتخاب مطلوب به دست آید. با توجه به اطلاعات موجود، هیچ‌گونه بررسی درزمینهٔ ارزیابی اثر متقابل اجتماعی روی میزان عملکرد صفات تولیدی مرغ‌های بومی و لاین (رگه) کشور (آرین) صورت نگرفته است، بنابراین، هدف از این بررسی وارد کردن اثر متقابل اجتماعی افراد درون پن در مدل ارزیابی ژنتیکی مرغ لاین آرین و برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی بود.

مواد و روش‌ها

داده‌ها

برای این تحقیق، اطلاعات رکورد و شجره از مجتمع مرغ لاین آرین واقع در شهرستان بابل کنار دریافت شد. شمار ۲۷۰۸۵ رکورد برای وزن تخم‌مرغ و ۲۹۶۴۵ رکورد وزن بدن در دسترس قرار گرفت. داده‌ها مربوط به صفت وزن تخم‌مرغ تا سن ۵۱ هفتگی و وزن بدن تا سن ۴۲ روزگی

بین دو اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و اثر متقابل اجتماعی صفر در نظر گرفته شد، مدل (۴) همسان با مدل سوم است اما کوواریانس بین دو اثر تصادفی غیر صفر در نظر گرفته شد. این مدل‌ها به صورت زیر نشان داده می‌شود (Muir, 2005; Bijma *et al.*, 2007; Ellen *et al.*, 2007).

$$y = Xb + Za + e \quad \text{مدل (۱)}$$

$$y = Xb + Za + Ww + e \quad \text{مدل (۲)}$$

$$y = Xb + Z_D a_D + Z_S a_S + Ww + e \quad \text{مدل (۳)}$$

($\sigma_{DS} = 0$)

$$y = Xb + Z_D a_D + Z_S a_S + Ww + e \quad \text{مدل (۴)}$$

($\sigma_{DS} \neq 0$)

در مدل اول y ، بردار مشاهده‌ها؛ b ، بردار اثر ثابت با ماتریس طرح X ، است که مشاهده‌ها را به اثر ثابت مرتبط می‌کند؛ Z ماتریس طرح اثر تصادفی ژنتیکی خود فرد است که مشاهده‌ها را به اثر تصادفی مرتبط می‌کند، a ، بردار اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم (بردار ارزش اصلاحی خود فرد) با ساختار (کو)واریانس ($a \sim N(0, A\sigma_a^2)$) و e بردار اثر باقی‌مانده با ساختار (کو)واریانس ($e \sim N(0, I\sigma_e^2)$) است. در مدل دوم $w \sim N(0, I\sigma_w^2)$ و ماتریس طرح W است که مشاهده‌ها را به اثر تصادفی پن ارتباط می‌دهد. دیگر عنصرها در مدل دوم همسان با مدل یک است. برای برآورد اثر متقابل اجتماعی از مدل سه و چهار استفاده شد که به مدل‌های اثر مستقیم-اجتماعی معروف هستند (Bijma *et al.*, 2007). در این مدل a_D بردار اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم (ارزش اصلاحی مستقیم) و Z_D ماتریس طرح برای ارزش اصلاحی مستقیم بوده که مشاهده‌ها را به ارزش اصلاحی مستقیم مرتبط می‌کند. a_S بردار اثر تصادفی ژنتیکی اجتماعی (ارزش اصلاحی اجتماعی) و Z_S ماتریس طرح برای اثر تصادفی ژنتیکی اجتماعی است که مشاهده‌های افراد را به ارزش اصلاحی اجتماعی اعضای گروه مرتبط می‌کند. هنگامی که اثر متقابل اجتماعی وجود نداشته باشد $Z_S a_S$ برابر با صفر بوده و معادله ۲ به Za کاهش پیدا می‌کند و معادله ۳ و ۴ همانند معادله ۲ می‌شود. ساختار ماتریس (کو)واریانس a_D و a_S در مدل ۴ به صورت زیر است.

بود. اطلاعات توصیفی داده‌ها در جدول ۱ نشان داده شده است. این داده‌ها در فاصله سال‌های ۸۶ تا ۹۶ در طی ۱۰ نسل گردآوری شدند.

در مرغ لاین آرین پرورش پرندگان روی بستر بوده و هر سالن به پن‌های مختلف تقسیم‌بندی شده است. مرغ‌ها درون ۱۸۸ پن قرار داشتند که در هر پن به‌طور میانگین ۹ مرغ حضور داشت و دامنه شمار مرغ‌ها در پن‌ها از ۵ تا ۱۰ متغیر بود. در هر پن یک خروس قرار داشت. شرایط مدیریتی و تغذیه‌ای افراد درون پن‌ها به کلی یکسان بود و لذا تصور بر این است که تفاوت‌های ژنتیکی افزایشی و اثر محیطی اجتماعی باوجود اینچنین شرایطی به‌خوبی قابل برآورد باشند.

جدول ۱. اطلاعات توصیفی صفات مورد بررسی

Table 1. Descriptive statistics of studied traits

	no. records	Mean	CV (%)	Min	Max
Egg weights (gr)	27085	58.97	7.83	10	96
Body weights (gr)	29645	1800.37	11.92	747	2765

فایل شجره شامل ۲۳۲۱۹۴ پرنده بود که از این شمار ۳۲۷۷۰ پرنده به پرندگان موجود در فایل داده‌ها مرتبط بودند. شمار پدر و مادر در فایل شجره به ترتیب ۲۵۷۰ و ۱۰۳۸۴ بود. شمار ۲۴۴۱۴ پرنده همخون بودند و میانگین ضریب همخونی در بین افراد استفاده‌شده در تجزیه ۰/۰۵ برآورد شد.

تجزیه آماری

معنی‌داری اثر ثابت شامل اثر سن وزن‌کشی، سن مادر، نسل و پن با استفاده از برنامه (Team, 2016) R و تابع lm بررسی شد. دو عامل نسل و پن در یکدیگر ادغام شدند و به صورت اثر نسل-پن بررسی شدند. سن وزن‌کشی تنها برای وزن بدن در نظر گرفته شد. همه اثرهای ثابت مورد بررسی روی صفات مورد نظر معنی‌دار بودند ($P < 0.05$). بنابراین، به‌عنوان اثر ثابت برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی در نظر گرفته شدند. چهار مدل آماری با یکدیگر مقایسه شدند. این مدل‌ها عبارت بودند از: مدل (۱) مدل کلاسیک حیوانی (مدل بدون اثر پن)، مدل (۲) مدل کلاسیک حیوانی به همراه اثر تصادفی پن، مدل (۳) مدل کلاسیک حیوانی به همراه اثر متقابل اجتماعی، در این مدل کوواریانس

کل که نمایندهٔ واریانس ژنتیکی کل است و می‌تواند در درک پاسخ به انتخاب استفاده شود به صورت زیر است (Bijma *et al.*, 2007; Ellen *et al.*, 2007; Bergsma *et al.*, 2008).

$$\sigma_{TBV}^2 = \sigma_{AD}^2 + 2(n-1)\sigma_{ADS} + (n-1)^2\sigma_{AS}^2 \quad (7)$$

بنابراین، پاسخ به انتخاب هر نسل برای صفتی که تحت تأثیر اثر متقابل اجتماعی قرار گیرد، به صورت $\Delta G = i\rho\sigma_{TBV}$ که i شدت انتخاب، ρ دقت و σ_{TBV} انحراف معیار واریانس ارزش اصلاحی کل است (Ellen *et al.*, 2007). برای صفتی که تحت تأثیر اثر متقابل اجتماعی قرار می‌گیرد، نسبت واریانس ژنتیکی کل به واریانس فنوتیپی برای مدل ۳ و ۴ به صورت زیر برآورد شد که معادل وراثت‌پذیری کلاسیک است.

$$h^2 = \frac{\sigma_{TBV}^2}{\sigma_P^2} \quad (8)$$

وراثت‌پذیری کلاسیک برای مدل ۱ و ۲ با استفاده از معادلهٔ $h^2 = \sigma_{AD}^2 / \sigma_{Ap}^2$ برآورد شد.

نتایج و بحث

فراسنجه‌های ژنتیکی برآوردشدهٔ وزن تخم‌مرغ در جدول ۲ نشان داده شده است. بر پایهٔ معیار آماری AIC برای صفت وزن تخم‌مرغ مدل ۲ مناسب‌ترین مدل برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات بوده است. باید توجه شود که تفاوت مدل ۲ و مدل ۴ از نظر میزان AIC ناچیز است اما به دلیل شمار کمتر فراسنجه‌ها در مدل ۲، این مدل به‌عنوان مدل مناسب‌تر انتخاب شد. میزان وراثت‌پذیری مستقیم در مدل ۲ (بهترین مدل) برابر با ۰/۶۰ بوده است. در مدل کلاسیک (مدل ۱) و مدل ۳ که اثر متقابل اجتماعی وارد شد تغییری در نسبت واریانس ژنتیکی کل به واریانس فنوتیپی ایجاد نشد. در مدل ۴ به دلیل کاهش واریانس ارزش اصلاحی کل میزان T^2 نیز کاهش ۷ درصدی یافت و ۰/۵۳ برآورد شد.

واریانس ژنتیکی مستقیم در مدل ۲ برابر با ۱۳/۳۵ بود که نسبت به واریانس ژنتیکی مستقیم در مدل کلاسیک (مدل ۱) تفاوت زیادی نداشته است. واریانس اثر تصادفی پن در این مدل ۰/۱۶ برآورد شد.

$$\text{Var}\left(\begin{matrix} a_D \\ a_S \end{matrix}\right) \sim N(0, \mathbf{C} \otimes \mathbf{A})$$

$$\mathbf{C} = \begin{pmatrix} \sigma_{AD}^2 & \sigma_{ADS} \\ \sigma_{ADS} & \sigma_{AS}^2 \end{pmatrix}$$

در این معادله‌ها \mathbf{A} ماتریس خویشاوندی بین پرنده‌ها است که شمار عنصرها در معکوس آن ۱۰۶۹۱۱ و ماتریس \mathbf{I} یک ماتریس واحد است که ابعاد آن برابر با شمار پرنده رکورد دارد. به این دلیل که بزرگ‌ترین اندازهٔ پن ده پرنده است ماتریس طرح Z_S ۹ ستون دارد، برای پن‌های کوچک‌تر از ده پرنده Z_S شامل یک ستون برای هر n اعضای گروه است، درحالی‌که اعضای باقی‌مانده Z_S (10-n) عنصرهای Z_S حذف خواهند شد. همهٔ تجزیه‌ها با استفاده از الگوریتم AI-REML در نرم‌افزار Meyer (2007) انجام شد. صفت‌ها به‌طور جداگانه تجزیه شدند، بنابراین، ۴ تجزیه به‌طور جداگانه برای این دو صفت و در مجموع ۸ تجزیه انجام شد. در مدل ۱ واریانس فنوتیپی، از مجموع واریانس ژنتیکی مستقیم و واریانس باقی‌مانده برآورد می‌شود. در مدل ۲ واریانس فنوتیپی به صورت زیر برآورد می‌شود.

$$\sigma_P^2 = \sigma_{AD}^2 + \sigma_W^2 + \sigma_e^2 \quad (5)$$

در مدل ۳ و ۴ واریانس فنوتیپی متفاوت از دو مدل دیگر است و با استفاده از معادله‌های Bijma *et al.* (2007) برآورد می‌شود، که به صورت زیر نشان داده می‌شود.

$$\sigma_P^2 = \sigma_{AD}^2 + (n-1)\sigma_{AS}^2 + \sigma_W^2 + \sigma_e^2 \quad (6)$$

هنگامی که اثر متقابل اجتماعی بین افراد وجود داشته باشد هر فرد با $n-1$ فرد دیگر که اعضای گروه فرد را تشکیل می‌دهند، روبه‌رو شده و با آن‌ها تقابل دارد. در این حالت، اثر ژنتیکی کل یک فرد ارزش اصلاحی کل (Total breeding value; TBV) نامیده می‌شود و برابر با مجموع ارزش اصلاحی مستقیم خود فرد و $n-1$ ارزش اصلاحی اجتماعی اعضای گروه همان فرد است که به صورت مقابل نشان داده می‌شود $TBV = A_{D,i} + (n-1)A_{S,j}$

واریانس پن افزایش یافت. به طور کلی، میزان واریانس اثر متقابل اجتماعی برای این صفت در این جمعیت کم بوده و اثر معنی‌داری روی این صفت نداشته است. همبستگی ژنتیکی بین دو اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی برای صفت وزن تخم‌مرغ ۰/۵۱- بود. این میزان منفی نشان‌دهنده این است که رقابت بین اعضای گروه باعث همبستگی منفی بین اثر ژنتیکی افزایشی و اثر متقابل اجتماعی برای صفت وزن تخم‌مرغ شده است. باید توجه کرد در صورت استفاده از روش‌های کلاسیک انتخاب و مدل‌های ارزیابی ژنتیکی که تنها شامل اثر ژنتیکی مستقیم باشند، رقابت ژنتیکی میان اعضای پن در هر نسل انتخاب افزایش پیدا می‌کند و منجر به کاهش پاسخ به انتخاب خواهد شد. بنابراین، پیشنهاد می‌شود در ارزیابی پرندگان برای صفت وزن تخم‌مرغ اثر متقابل اجتماعی هر چند میزان برآورده شده آن ناچیز است، وارد مدل آماری شود.

که از واریانس اثر تصادفی پن در مدل ۳، ۱ درصد بیشتر بوده است و از واریانس اثر تصادفی پن در مدل ۴، ۹ درصد کمتر بوده است. در مدل ۳ اثر متقابل اجتماعی میان اعضای پن در مدل در نظر گرفته شد. واریانس ژنتیکی مستقیم در این مدل ۱۳/۳۴ بود که نسبت به مدل کلاسیک کمتر بود. در این مدل، واریانس اثر متقابل اجتماعی ۰/۰۰۱ و واریانس ارزش اصلاحی ۱۳/۳۶ بود. در مدل ۴ با در نظر گرفتن کوواریانس بین دو اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی واریانس ژنتیکی افزایشی کاهش یافته و ۱۲/۰۱ برآورد شد. میزان واریانس اثر متقابل اجتماعی در این مدل، ۰/۰۰۲ برآورد شد. واریانس ژنتیکی مستقیم نسبت به مدل کلاسیک و بهترین مدل تا حدودی بدون تغییر باقی ماند. در مدل ۴ با در نظر گرفتن اثر متقابل اجتماعی در مدل و کوواریانس بین دو اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی میزان

جدول ۲. اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی برآورده شده صفت وزن تخم‌مرغ

Table 2. Estimates of variance components and genetic parameters of egg weight

Model	σ_{AD}^2	σ_{AS}^2	σ_{TBV}^2	σ_{PEN}^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2(D)$	T^2	σ_{ADS}	r_{ADS}	AIC
Model 1	13.42± 0.42	-	-	-	8.85± 0.23	22.27± 0.26	0.60± 0.01	-	-	-	104786.79
Model 2	13.35± 0.41	-	-	0.16± 0.05	8.74± 0.23	22.25± 0.26	0.60± 0.01	-	-	-	104780.02
Model 3	13.34± 0.41	0.001± 0.04	13.36± 0.85	0.15± 0.01	8.74± 0.23	22.25± 0.35	- 0.60± 0.02	-	-	-	104781.93
Model 4	13.37± 0.41	0.002± 0.04	12.01± 0.088	0.25± 0.08	8.63± 0.24	22.27± 0.38	- 0.53± 0.02	-0.084± 0.04	-0.51± 0.6	-	104780.97

In this table $\sigma_{AD}^2, \sigma_{AS}^2, \sigma_{TBV}^2, \sigma_{PEN}^2, \sigma_e^2, \sigma_p^2$ estimates of direct genetic variance, social genetic variance, total breeding value variance, random pen effect variance, residual variance and phenotypic variance. $h^2(D)$; Direct heritability. T^2 = the total heritable variance relative to the phenotypic variance. σ_{ADS} , social genetic covariance. r_{ADS} = the genetic correlation between direct breeding value and social breeding value.

جدول ۳. اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی برآورده شده صفت وزن بدن

Table 3. Estimates of variance components and genetic parameters of body weight

Model	σ_{AD}^2	σ_{AS}^2	σ_{TBV}^2	σ_{PEN}^2	σ_e^2	σ_p^2	$h^2(D)$	T^2	σ_{ADS}	r_{ADS}	AIC
Model 1	6391.98± 250.51	-	-	-	10270.5± 170.23	16662.5± 168.09	0.38± 0.01	-	-	-	313476.48
Model 2	6212.67± 247.61	-	-	292.61± 49.27	10109.6± 170.14	16614.9± 166.78	0.37± 0.01	-	-	-	313437.028
Model 3	6172.45± 247.82	26.96± 6.05	7897.89± 250.12	62.17± 64.20	10086.2± 170.44	16536.5± 166.80	- 0.47± 0.02	-	-	-	313399.662
Model 4	6116.15± 247.70	21.97± 5.52	9157.45± 250.45	0.0015± 77.1	10213.5± 174.50	16505.76± 166.85	- 0.55± 0.02	102.22± 31.90	0.27± 0.09	-	313387.318

In this table $\sigma_{AD}^2, \sigma_{AS}^2, \sigma_{TBV}^2, \sigma_{PEN}^2, \sigma_e^2, \sigma_p^2$ estimates of direct genetic variance, social genetic variance, total breeding value variance, random pen effect variance, residual variance and phenotypic variance. $h^2(D)$; Direct heritability. T^2 = the total heritable variance relative to the phenotypic variance. σ_{ADS} , social genetic covariance. r_{ADS} = the genetic correlation between direct breeding value and social breeding value.

واریانس ژنتیکی مستقیم بهترین مدل (مدل ۴) بیشتر بوده است. در این مدل میزان واریانس اثر متقابل اجتماعی و واریانس ارزش اصلاحی کل به ترتیب برابر با ۲۶/۹۶ و ۷۸۹۷/۸۹ بود که نسبت به مدل ۴ (بهترین مدل) کمتر بود.

نتایج به دست آمده برای دو صفت در برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی تفاوت داشته است به‌ویژه برای همبستگی و کوواریانس ژنتیکی بین اثر ژنتیکی مستقیم و اثر متقابل اجتماعی که برای صفت وزن تخم‌مرغ منفی و برای صفت وزن بدن مثبت برآورد شد. دلیل این امر می‌تواند دسترسی پرندگان به مواد غذایی باشد که برای وزن بدن مواد مغذی را به‌اندازه کافی در دسترس دارند ولی برای وزن تخم‌مرغ مواد مغذی کافی در اختیار پرندگان قرار نمی‌گیرد و برای این صفت با یکدیگر رقابت می‌کنند و در نتیجه داده‌های ثبت‌شده نشان‌دهنده همبستگی ژنتیکی و کوواریانس منفی بین اثر ژنتیکی مستقیم و اثر متقابل اجتماعی است.

نتایج به دست آمده از تجزیه دو صفت در جدول ۴ ارائه شده است. به دلیل محدودیت‌های نرم‌افزاری در وارد کردن اثر متقابل اجتماعی در تجزیه چند صفت، تجزیه‌های چند صفت بر مبنای مدل ۲ انجام گرفت. در تجزیه دو صفت میزان وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی نیز مطابق با تجزیه‌های تک صفت بوده است. میزان وراثت‌پذیری مستقیم در تجزیه دو صفت برای دو صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن به ترتیب ۰/۶۰ و ۰/۳۷ بود که همسان با تجزیه جداگانه هر صفت بوده است. همبستگی ژنتیکی بین دو صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن در تجزیه دو صفت ۰/۲۳ برآورد شد که نشان می‌دهد، بهبود یک صفت در نتیجه انتخاب موجب بهبود عملکرد صفت دیگر نیز می‌شود.

جدول ۴. وراثت‌پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی

(بالای قطر)، همبستگی فنوتیپی (پایین قطر)

Table 4. Heritability (diagonal), genetic (above diagonal) and phenotypic correlation (below diagonal)

Trait	Egg weight	Body weight
Egg weight	0.60±0.01	0.23±0.02
Body weight	0.10±0.008	0.37±0.01

فراسنجه‌های ژنتیکی صفت وزن بدن در جدول ۳ نشان داده شده است. برای صفت وزن بدن بر پایه معیار آماری AIC مدل ۴ مناسب‌ترین مدل برای تجزیه و تحلیل داده‌های این صفت در این جمعیت است. وراثت‌پذیری مستقیم (h^2) در مدل ۱ و ۲ به ترتیب ۰/۳۸ و ۰/۳۷ برآورد شد. نسبت واریانس ارزش اصلاحی کل به واریانس فنوتیپی (T^2) در مدل ۳ و ۴ به ترتیب ۰/۴۷ و ۰/۵۵ برآورد شد که یک افزایش ۹ درصد و ۱۷ درصد نسبت به وراثت‌پذیری کلاسیک داشته است. این امر نشان‌دهنده نقش مهم اثر متقابل اجتماعی در ارزیابی ژنتیکی صفت وزن بدن در این جمعیت است.

در مدل ۴ میزان واریانس ژنتیکی مستقیم برابر با ۶۱۶/۱۵ بود که نسبت به مدل کلاسیک کاهش داشته است. میزان واریانس اثر متقابل اجتماعی و واریانس ارزش اصلاحی در مدل ۴ به ترتیب ۲۹/۹۷ و ۹۱۵۷/۴۵ برآورد شد. واریانس اثر تصادفی پن در این مدل نسبت به مدل ۲ و ۳ کاهش معنی‌داری داشت و ۰/۰۱۵ برآورد شد. میزان همبستگی ژنتیکی بین دو اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی تصادفی ۰/۲۷ برآورد شد. همبستگی مثبت بین اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی نشان‌دهنده همکاری و تعامل میان اعضای هر پن برای صفت وزن بوده و بین اعضای پن برای این صفت رقابت و نزاعی بین منافع خود پرنده و دیگر اعضای پن وجود ندارد و با استفاده از روش‌های کلاسیک انتخاب و مدل‌های ارزیابی بدون توجه به اثر متقابل اجتماعی برای این صفت رقابت ژنتیکی در میان اعضای پن در هر نسل انتخاب افزایش پیدا نمی‌کند (Bergsma et al., 2008). واریانس فنوتیپی در این مدل و مدل ۳ با استفاده از معادله ۶ برآورد شد که واریانس فنوتیپی و باقی‌مانده در این مدل نسبت به مدل کلاسیک کاهش یافت. واریانس ژنتیکی مستقیم در مدل کلاسیک برابر با ۶۳۹۱/۹۸ برآورد شد. در مدل دوم با وارد شدن اثر تصادفی پن به مدل میزان واریانس ژنتیکی مستقیم برای صفت وزن بدن کاهش پیدا کرد. در مدل ۳ میزان واریانس ژنتیکی مستقیم برابر با ۶۱۷۲/۴۵ بود که نسبت به مدل کلاسیک کاهش یافت ولی از میزان

بهره‌وری انتخاب با در نظر گرفتن اثر اجتماعی را بهبود داد. هنگامی که اثر متقابل اجتماعی میان افراد در یک سطح ثابت شود، بهبود رفتارهای اجتماعی ممکن است منجر به پاسخ به انتخاب نشود. برای مثال اگر درختان در یک ارتفاع ثابت باقی بمانند رقابت میان آن‌ها برای منابع نور از بین می‌رود، ولی با کاهش رقابت برای منابع نور افزایش تولید امکان‌پذیر نیست و یا دشوار خواهد شد. در ژنتیک کمی این پدیده به‌عنوان کاهش واریانس ژنتیکی اجتماعی مطرح است. ثابت نگه داشتن اثر متقابل اجتماعی از یک‌سو نامطلوب است چون فرصت بهبود ژنتیکی را از بین می‌برد ولی از سوی دیگر کاهش واریانس ژنتیکی اجتماعی موجب یکنواختی در جمعیت می‌شود که اغلب مطلوب بوده ولی دستیابی به آن در حیوانات اهلی دشوار است. بنابراین بهترین راه‌حل برای صفاتی که تحت تأثیر اثر متقابل اجتماعی قرار می‌گیرند، استفاده از مدل‌های ژنتیکی است که هم اثر ژنتیکی مستقیم و هم اثر متقابل اجتماعی را در نظر بگیرد و همچنین استفاده از روش‌های انتخاب مانند انتخاب ژنگانی (ژنومیک) و انتخاب گروهی که هر دو اثر را در نظر می‌گیرند، مؤثر است (Bijma et al., 2007; Ellen et al., 2014).

نتیجه‌گیری کلی

در این پژوهش نقش اثر متقابل اجتماعی برای دو صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن در مرغ لاین آرین بررسی شد. میزان واریانس اثر متقابل اجتماعی برای وزن تخم‌مرغ اندک بود، درحالی‌که وزن بدن به میزان قابل‌توجهی تحت تأثیر اثر متقابل اجتماعی قرار گرفت. با توجه به برآورد همبستگی ژنتیکی منفی و بالا (۰/۵۱-) بین اثر تصادفی ژنتیکی مستقیم و اجتماعی برای وزن تخم‌مرغ باید این اثر را در مدل ارزیابی ژنتیکی صفت وزن تخم‌مرغ در جمعیت مرغ لاین آرین در نظر گرفت تا از افزایش رقابت ژنتیکی میان اعضای پین در هر نسل انتخاب برای این صفت جلوگیری شود. بنابراین در مدل ارزیابی ژنتیکی جمعیت مرغ لاین آرین برای دو صفت وزن تخم‌مرغ و وزن بدن باید اثر متقابل اجتماعی در نظر گرفته شود تا پاسخ به انتخاب مطلوب‌تری در هر نسل انتخاب برای این صفات به دست آید.

در بررسی‌هایی که برای صفات دیگر انجام شد، نتایج به دست آمده نشان‌دهنده سهم زیاد اثر متقابل اجتماعی در واریانس ژنتیکی صفات بوده است (Bijma et al., 2007; Ellen et al., 2007; Bergsma et al., 2008). Bergsma et al. (2008) با بررسی اثر متقابل اجتماعی بر چهار صفت نرخ رشد، مصرف خوراک، ضخامت چربی پشت و عمق ماهیچه در جمعیت خوک‌های اهلی نشان دادند که نسبت واریانس ژنتیکی کل به واریانس فنوتیپی برای صفات میزان رشد و مصرف خوراک به ترتیب ۷۱ درصد و ۷۰ درصد بود ولی سهم اثر متقابل اجتماعی در تشکیل واریانس ژنتیکی صفات ضخامت چربی پشت و عمق ماهیچه اندک بوده است، آنان همچنین گزارش کردند، اگر اثر متقابل اجتماعی حتی به میزان اندک در طرح‌های اصلاحی وجود داشته باشد، باید در مدل ارزیابی ژنتیکی در نظر گرفته شود (Bergsma et al., 2008).

در همین راستا Ellen et al. (2007) و Bijma et al. (2007) با بررسی زنده‌مانی در مرغ‌های تخم‌گذار سهم اثر متقابل اجتماعی را در واریانس ژنتیکی کل ۶ تا ۲۰ درصد برآورد کردند که این مقادیر تفاوت قابل‌توجهی با برآوردهای مدل کلاسیک زنده‌مانی داشت و نشان‌دهنده سهم اثر متقابل اجتماعی در تشکیل واریانس ژنتیکی صفت زنده‌مانی در جمعیت مرغ‌های تخم‌گذار است. پاسخ به انتخاب برای صفاتی که تحت تأثیر اثر متقابل اجتماعی قرار می‌گیرند، متفاوت از پاسخ به انتخاب صفات کلاسیک است. در این بررسی نیز پاسخ به انتخاب صفت وزن بدن با توجه معادله پاسخ به انتخاب $\Delta G = ip\sigma_{TBV}$ (Ellen et al., 2007) با شدت انتخاب یک ($i = 1$) بیشتر از مدل کلاسیک است. Liu & Tang (2016) میزان پاسخ به انتخاب برای صفاتی که با اثر متقابل اجتماعی تحت تأثیر قرار گرفتند را بررسی کردند و سهم اثر متقابل اجتماعی را در پاسخ به انتخاب این صفات در یک جمعیت بسته با همانندسازی تصادفی تعیین کردند. نتایج این بررسی نشان داد، اثر متقابل اجتماعی نقش مهمی در برنامه‌های اصلاح نژاد درازمدت دارند، حتی اگر اثر متقابل اجتماعی روی صفات مورد نظر تأثیر کمی داشته باشد. مدل کامل که هم شامل اثر ژنتیکی مستقیم و هم شامل اثر ژنتیکی اجتماعی می‌شود،

REFERENCES

1. Bergsma, R., Kanis, E., Knol, E. F. & Bijma, P. (2008). The contribution of social effects to heritable variation in finishing traits of domestic pigs (*Sus scrofa*). *Genetics*, 178(3), 1559-1570.
2. Bijma, P., Muir, W. M. & Van Arendonk, J. A. (2007). Multilevel selection 1: quantitative genetics of inheritance and response to selection. *Genetics*, 175(1), 277-288.
3. Bouwman, A., Bergsma, R., Duijvesteijn, N. & Bijma, P. (2010). Maternal and social genetic effects on average daily gain of piglets from birth until weaning. *Journal of Animal Science*, 88(9), 2883-2892.
4. Ellen, E. D., Ducrocq, V., Ducro, B. J., Veerkamp, R. F. & Bijma, P. (2010). Genetic parameters for social effects on survival in cannibalistic layers: combining survival analysis and a linear animal model. *Genetics Selection Evolution*, 42(1), 27.
5. Ellen, E. D., Muir, W. M., Teuscher, F. & Bijma, P. (2007). Genetic improvement of traits affected by interactions among individuals: sib selection schemes. *Genetics*, 176(1), 489-499.
6. Ellen, E. D., Rodenburg, T. B., Albers, G. A., Bolhuis, J. E., Camerlink, I., Duijvesteijn, N., Knol, E. F., Muir, W. M., Peeters, K. & Reimert, I. (2014). The prospects of selection for social genetic effects to improve welfare and productivity in livestock. *Frontiers in genetics* 5.
7. Griffing, B. (1967). Selection in reference to biological groups I. Individual and group selection applied to populations of unordered groups. *Australian Journal of Biological Sciences*, 20(1), 127-140.
8. Khaw, H. L., Ponzoni, R. W. & Bijma, P. (2014). Indirect genetic effects and inbreeding: consequences of BLUP selection for socially affected traits on rate of inbreeding. *Genetics Selection Evolution*, 46(1), 39.
9. Liu, J. & Tang, G. (2016). Investigating the contribution of social genetic effect to longer selection response in a ten generations breeding programme simulated. *Italian Journal of Animal Science*, 15(4), 610-616.
10. Meyer, K. (2007). WOMBAT-A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University-Science*, B, 8(11), 815-821.
11. Muir, W. M. (2005). Incorporation of competitive effects in forest tree or animal breeding programs. *Genetics*, 170(3), 1247-1259.
12. Peeters, K., Ellen, E. D. & Bijma, P. (2013). Using pooled data to estimate variance components and breeding values for traits affected by social interactions. *Genetics Selection Evolution*, 45(1), 27.
13. Team, R. C. (2016). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2014.
14. Wilson, A. J., Gelin, U., Perron, M.-C. & Réale, D. (2009). Indirect genetic effects and the evolution of aggression in a vertebrate system. In: *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 276(1656), 533-541.
15. Wolf, J. B. (2003). Genetic architecture and evolutionary constraint when the environment contains genes. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(8), 4655-4660.