

پیش بینی مؤلفه‌های (کو)واریانس ژنتیکی فراسنجه‌های منحنی رشد در یک جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

هادی فرجی آروق^۱، خدیجه ابراهیمی^۲، غلامرضا داشاب^{۳*} و محمد رکوعی^۴

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

۲، ۳ و ۴. دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۱۱/۱ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۵/۲۷)

چکیده

هدف از این بررسی، پیش‌بینی مؤلفه‌های (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی منحنی رشد در یک جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی بود. برای این منظور، رکوردهای وزن بدن با منحنی گمپرتز برازش و فراسنجه‌های منحنی برآورد شد. با استفاده از این منحنی، وزن بلوغ (W_f)، وزن جوجه نوزاد یا هچ (W_0)، شاخص بلوغ (K)، سن (t_i) و وزن (W_i) در نقطه عطف و نرخ رشد در روزهای مختلف برای همه پرندگان پیش‌بینی شد. پیش‌بینی مؤلفه‌های (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی چند صفتی با نمونه‌گیری گیبس انجام شد. وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد شامل وزن بلوغ (W_f)، وزن جوجه نوزاد (W_0)، شاخص بلوغ (K)، وزن و سن در نقطه عطف، به ترتیب برابر با ۰/۳۳۵، ۰/۲۶۹، ۰/۲۷۳، ۰/۲۹۱ و ۰/۳۹۷ پیش‌بینی شد. همچنین، وراثت‌پذیری صفات نرخ رشد دوره‌ای از نوزادی تا ۴۵ روزگی بالا و در دامنه بین ۰/۳۱۱ و ۰/۴۲۴ محاسبه شد. همبستگی ژنتیکی وزن جوجه نوزاد با شاخص بلوغ و وزن بلوغ مثبت بود (۰/۱۴ و ۰/۲۴)، اما همبستگی ژنتیکی وزن جوجه نوزاد با سن و وزن در نقطه عطف منفی (۰/۲۴ و -۰/۱۲) بود. همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با وزن جوجه نوزاد، وزن بلوغ، سن و وزن در نقطه عطف منفی بودند. همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با صفات نرخ رشد در سنین آغازین مثبت (و برای صفات آخر دوره متوسط و منفی) پیش‌بینی شد. شاخص وزن در نقطه عطف، همبستگی ژنتیکی مثبت با بیشتر صفات نرخ رشد داشت و روند تغییرپذیری آن‌ها از آغاز به پایان دوره رشد افزایشی بود.

واژه‌های کلیدی: شاخص بلوغ، گمپرتز، نقطه عطف، نرخ رشد.

Estimation of (co)Variance components of growth curve parameters in Japanese quail

Hadi Faraji-Arough¹, Khadijeh Ebrahimi², Gholam Reza Dashab^{3*} and Mohammad Rokouei⁴

1. Assistant Professor of animal breeding and genetic, Research Center of Special Domestic Animals, University of Zabol, Zabol, Iran
2, 3, 4. M.Sc. Student, Assistant Professor and Associate Professor of Animal Breeding, Department of Animal Science Agriculture Faculty, University of Zabol, Zabol, Iran

(Received: Jan. 21, 2018 - Accepted: Aug. 18, 2018)

ABSTRACT

The purpose of the present study was to estimation of (co)variance components and genetic parameters of the growth curve in crossbred population. For this purpose, body weight records were fitted through the Gompertz curve and curve parameters were estimated. The final weight (W_f), hatch weight (W_0), mature rate index (K), age (t_i) and weight (W_i) in inflection point and growth rate in different days for all of the birds were predicted by Gompertz model. The estimated of (co)variance and genetic parameters were performed using a multi-trait animal model through Gibbs sampling. Heritability of the growth cure parameters including final weight, hatch weight, mature index and weight and age in inflection point was 0.335, 0.269, 0.273, 0.291 and 0.397, respectively. Also, the heritability of growth rate traits from hatch to 45 days was estimated high and varied between 0.311 to 0.424. The genetic correlation between hatch weight with mature index and final weight was positive (0.14 and 0.24), but the genetic correlation between hatch weight with age and weight at inflection point was negative (-0.24 and -0.12). The genetic correlation of the mature index with hatch weight, mature weight, age and weight at inflection point was negative. Genetic correlation of the mature index with growth rate in the early ages of bird was positive and it was estimated medium and negative for late. The weight at inflection point had the positive genetic correlation with most of growth rate traits and the change trend from beginning to end of growth period was ascending.

Keywords: Gompertz, growth rate, mature rate, inflection point.

* Corresponding author E-mail: dashab@uoz.ac.ir

مقدمه

یکی از هدف‌های برنامه‌های اصلاح نژاد در طیور، بهبود توان ژنتیکی سرعت و میزان رشد پرندگان با انتخاب و طراحی برنامه‌های مناسب آمیزش است. آغاز هر برنامه اصلاحی با پیش‌بینی فراسنجه‌های ژنتیکی به‌منظور اطلاع از وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی صفات اقتصادی است (Raji *et al.*, 2014). بررسی‌های اندکی در ارتباط با پیش‌بینی فراسنجه‌های ژنتیکی منحنی رشد در بلدرچین ژاپنی در دسترس است (Narinc *et al.*, 2010; Narinc *et al.*, 2013).

تغییرپذیری‌های رشد جوجه‌های گوشتی در زمان و شرایط محیطی مختلف برای افزایش توان تولید گوشت در طیور مهم است. در حقیقت منحنی رشد برای توصیف تغییرپذیری رشد طیور در فرایند زمان استفاده می‌شود و آن‌ها را در قالب فراسنجه‌هایی با مفهوم زیستی (بیولوژیکی) خلاصه می‌کند. اطلاع از فراسنجه‌های منحنی رشد برای پرندگانی که انتخاب می‌شوند و یا انتخاب روش مدیریت در برنامه‌های اصلاح‌نژادی و پرورش مهم هستند (Manjula *et al.*, 2017).

افزایش وزن به‌صورت تفاوت وزن بین آغاز و پایان یک دوره زمانی خاص تعریف می‌شود. وراثت‌پذیری گزارش‌شده برای صفات افزایش وزن کمتر از صفات وزن بدن هستند (Firat *et al.*, 2016). بیشترین وراثت‌پذیری پیش‌بینی‌شده برای افزایش وزن دوره‌ای مربوط به جوجه نوزاد (هچ) تا دو هفتهگی گزارش شده است (Manjula *et al.*, 2017). روند تغییرهای وراثت‌پذیری افزایش وزن همسان با دیگر گزارش‌ها برای صفات وزن بدن در بررسی‌های مختلف متفاوت است (Manjula *et al.*, 2017).

منحنی‌های رشد بیانگر تکامل وزن بدن در فرایند رشد و اهمیت زیادی در برنامه‌های اصلاح نژادی و مدیریت دارند. همچنین، فراسنجه‌های منحنی اطلاعات سودمندی در ارتباط با ویژگی‌های رشد ارائه می‌کنند. منحنی‌های رشد می‌تواند برای انتخاب حیوانات و همچنین پیش‌بینی رشد آتی در هر سنی استفاده شود (Raji *et al.*, 2014).

گام عمده در درک فرآیند رشد، توصیف منحنی رشد مشاهده شده است. به‌طورمعمول تابع‌های ریاضی

به‌عنوان مدل‌های رشد برای ارزیابی وزن زنده و سن Darmani-kuhi *et al.*, 2010;) استفاده می‌شود (Aggrey *et al.*, 2003; Aggrey, 2009). منحنی رشد به توصیف نموداری تغییرپذیری‌های رشد در طول یک دوره زمانی خاص اطلاق شده و می‌تواند به‌عنوان ابزار کمکی مناسبی برای بهبود مدیریت گله‌ها از نظر تصمیم‌گیری برای حذف، ارزیابی وضعیت تغذیه و سلامت دام استفاده شود (Dudouet, 1982).

مدل‌های رشد تابع‌های ریاضی هستند که برای ترسیم الگوی رشد شامل وزن بدن و دیگر اجزاء آن به کار گرفته می‌شود. به‌طور عمده این تابع‌ها می‌توانند پدیده رشد را در قالب چند فراسنجه که تفسیر زیستی دارند خلاصه و با انباشت این اطلاعات محدود، راهکار مناسبی برای جبران کاستی نبود امکان اندازه‌گیری پیوسته وزن بدن در اختیار اصلاح‌گر قرار می‌دهد. مدل‌های غیرخطی به دلیل شمار محدود فراسنجه‌ها نسبت به مدل‌های خطی قابل اعتمادترند و برازش بهتری از داده‌ها دارند. گزارش‌های محققان مختلف نتایج متفاوتی را برحسب نژاد و جمعیت مورد بررسی ارائه کرده است (Hyánková *et al.*, 2001; Beiki *et al.*, 2013).

منحنی رشد در بیشتر پرندگان بسیار نزدیک به توزیع تابع گمپرتز است. این منحنی سه فراسنجه با شکل سیگموئیدی شامل وزن مجانبی (W_f)، مقدار ثابت (W_0) و نرخ بلوغ (K) دارد (Akbas & Oguz, 1998). نتایج بررسی‌های مختلف نشان می‌دهد، تابع گمپرتز توصیف بسیار عالی از رشد در جوجه‌های گوشتی دارد (Freitas, 2005) و برازش مناسب‌تری برای داده‌های سن-وزن نسبت به دیگر مدل‌های ریاضی دارد (Mendes, 2009). همچنین در نتایج بررسی‌ها گزارش شده، مدل گمپرتز بهترین برازش را برای صفات رشد در بلدرچین ژاپنی دارد (Narinc *et al.*, 2010, Beiki *et al.*, 2011).

وزن بلوغ (W_f) در مدل گمپرتز مقدار وزن در زمانی است که به سن کشتار نزدیک می‌شود (Brown *et al.*, 1976). نقطه عطف، نقطه‌ای است که نرخ رشد از حالت افزایشی به کاهشی تغییر می‌کند. افزایش وزن در این نقطه بیشینه است. این نقطه تحت

نتایج تحقیقات نشان داده است، صفات وزن و افزایش وزن‌های دوره‌ای از نوزادی تا بلوغ با فراسنجه‌های منحنی رشد در ارتباط هستند و تغییر در صفات مرتبط با رشد منجر به تغییر فراسنجه‌های منحنی رشد می‌شود و برعکس، لذا یکی از ابزارهای تغییر بازدهی رشد، تغییر فراسنجه‌های منحنی رشد است و در این صورت توان تولید افزایش می‌یابد (Narinc *et al.*, 2014). با توجه به اینکه مدل گمپرتز به‌طور معمول برازش مناسب‌تری برای صفات رشد در دام‌های اهلی و پرندگان دارد، لذا هدف از این بررسی پیش‌بینی فراسنجه‌های ژنتیکی منحنی رشد و همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی آن‌ها با نرخ رشد دوره‌ای از نوزادی تا ۴۵ روزگی در یک جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی است.

مواد و روش‌ها

این تحقیق 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 چهار نسلی شامل سویه‌های خالدار ایتالیایی (A) (Italian Speckled)، تکسندو (B) (Tuxedo)، وحشی (C) (Wild) و ای‌ام تگزاس (D) (A&M Texas) بودند که به‌صورت خالص نگهداری می‌شدند و هیچ انتخابی روی سویه‌های مورد نظر انجام نشده است. طرح تلاقی مورد استفاده برای ایجاد جمعیت آمیخته، تلاقی دی آلل کراس جزئی بود که در طی چهار نسل ایجاد شد. شکل ۱ طرح آمیزشی مورد استفاده برای تولید جمعیت آمیخته در این تحقیق را نشان می‌دهد.

تأثیر معادله‌ای قرار می‌گیرد که برای بهترین برازش استفاده می‌شود. ضریب K نشان‌دهنده شیب منحنی رشد و برآوردی از نرخ رسیدن به بیشینه وزن است و فراسنجه عرض از مبدأ، وزن پیش‌بینی‌شده در زمان صفر یا وزن جوجه نوزاد پرنده است (Brown *et al.*, 1976). از نظر زیستی، مهم‌ترین رابطه بین فراسنجه‌های W_f و K است. رابطه منفی بین این دو فراسنجه نشان می‌دهد، در دام‌هایی که بلوغ زودرس دارند، احتمال دستیابی به وزن بلوغ سنگین، کمتر است. وزن بلوغ یا فراسنجه W_f همبستگی قوی با وزن بدن در دوره‌های رشد دارد. یک همبستگی پدیدگانی (فنوتیپی) منفی بین فراسنجه‌های W_f و K بدین مفهوم است که وزن پرنده در زمان بلوغ کم است و برای افزایش وزن در زمان بلوغ بایستی زمان بیشتری سپری شود. به‌عبارت‌دیگر پرندگان با وزن مجانبی کمتر، تمایل دارند به این وزن در سنین کمتری دست پیدا کنند. همبستگی ژنتیکی منفی بین فراسنجه W_f و K توسط محققان مختلفی گزارش شده است (Manjula *et al.*, 2017; Narinc *et al.*, 2014). همچنین، همبستگی منفی بین W_f و K نشان می‌دهد، اگر انتخاب برای افزایش وزن بالغ انجام گیرد تأثیر منفی غیرمستقیم بر نرخ رشد خواهد داشت و سرعت رشد را کاهش می‌دهد (Narinc *et al.*, 2010). محققان در نتایج بررسی‌های خود گزارش کردند، تضاد ژنتیکی وزن بلوغ با سرعت بلوغ درون یک نژاد ممکن است به‌واسطه اثرگذاری‌های فراغالبیت در نظام‌های تلاقی باشد (Brown *et al.*, 1976). همچنین، همبستگی مثبت بین فراسنجه W_f با وزن کشتار گزارش شده است. همبستگی ژنتیکی بالاتر فراسنجه W_0 با وزن بدن در سنین آغازین نشان می‌دهد، فراسنجه W_0 انعکاسی از وزن آغازین هستند (Akbas & Yaylak, 2000).



شکل ۱. طرح آمیخته‌گری دی آلل جزئی چهار نسل در چهار سویه بلدرچین ژاپنی

Figure 1. Crossbreeding design based on partial diallele of four stains of Japanese quail in four generations

در رابطه‌های بالا، W_t وزن بدن در سن t و W_0 وزن پیش‌بینی‌شده برای روز اول، W_f وزن نهایی یا وزن بلوغ، k شاخص بلوغ، t_i سن در نقطه عطف، w_i وزن در نقطه عطف و GR_t نرخ رشد در سن t است. به‌طور کلی رکورد به‌دست‌آمده از ۷۱۷ پرنده متولدشده از ۶۷ بلدرچین نر و ۶۹ بلدرچین ماده برای برآزش منحنی و برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی فراسنجه‌های رشد استفاده شد.

تجزیه‌وتحلیل داده‌ها با استفاده از مدل بیزی چند صفتی با نمونه‌گیری گیبس انجام گرفت. از مدل حیوانی زیر برای تجزیه‌وتحلیل چند صفتی فراسنجه‌های منحنی رشد جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی استفاده شد:

$$y = Xb + Za + Wc + e \quad (5)$$

در مدل بالا y بردار مشاهده‌های فراسنجه‌های منحنی رشد، b بردار اثر ثابت (سال- ماه جوجه درآوری، نوزادی، جنس و نسل)، X ماتریس ضرایب ارتباط‌دهنده مشاهده‌ها به اثر ثابت، Z و W ماتریس‌های ضریب‌ها که مشاهده‌ها را به ترتیب به اثر ژنتیک افزایشی مستقیم و محیط دائمی مادر ارتباط می‌دهند، a ، c و e به ترتیب بردار ژنتیک افزایشی مستقیم، بردار محیط دائمی مادر و بردار اثر تصادفی عامل‌های مهارناپذیر یا خطاهای آزمایشی هستند.

مؤلفه‌های واریانس- کواریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی با نمونه‌گیری گیبس با استفاده از نرم‌افزار GIBBS3F90 برآورد شد (Misztal *et al.*, 2002) در کل ۴۰۰۰۰۰۰ نمونه، با دوره سوخته ۴۰۰۰۰۰۰ نمونه و فاصله نمونه‌گیری ۱۵۰ تولید شد و همگرایی فراسنجه‌ها توسط الگوریتم Geweke با استفاده از نرم‌افزار POSTGIBBSF90 انجام شد (Misztal *et al.*, 2002).

نتایج و بحث

آمار توصیفی فراسنجه‌های منحنی رشد و افزایش وزن‌های دوره‌ای مورد استفاده در تجزیه‌وتحلیل ژنتیکی در جدول ۱ آورده شده است.

پس از تجزیه‌وتحلیل نمونه‌گیری گیبس، همه فراسنجه‌های برآوردشده از لحاظ همگرایی با استفاده

پرورش بلدرچین‌ها درون قفس و در هر قفس یک جفت پرنده نر و ماده قرار داده شد و تا آخر دوره پرورش درون این قفس‌ها بودند. برای ایجاد نسل اول ۵ جفت از هر سویه انتخاب و به‌صورت تصادفی درون قفس‌ها قرار گرفتند. تخم‌های گردآوری‌شده از مولدها به مدت ۷ روز و حداکثر ۱۰ روز در دمای ۱۸ درجه سلسیوس در اتاق تخم‌نگهداری شدند. شمار جوجه نوزاد برای ایجاد هر نسل متفاوت بوده و از ۵ جوجه نوزاد برای نسل اول تا ۱۰ جوجه نوزاد برای نسل آخر متغیر بود.

در هر نسل، جوجه‌ها پس از تولد (هچ شدن) و اندازه‌گیری وزن توسط سنجاق قفلی در روز اول برای ثبت شجره شماره‌گذاری شدند. جوجه‌ها و مولدها به ترتیب با جیره‌های متعادل‌شده استانداردهای NRC رشد (شامل ۲۵ درصد پروتئین و ۲۹۰۰ کیلوکالری انرژی سوخت‌وسازی بر کیلوگرم) و تخم‌گذاری (شامل ۲۰ درصد پروتئین و ۲۸۰۰ کیلوکالری انرژی سوخت‌وسازی بر کیلوگرم) تغذیه شدند. در طول مدت رشد و تخم‌گذاری، آب و خوراک به‌صورت آزاد در اختیار جوجه‌ها قرار داده شد و برنامه نوری ۲۴ ساعت داشتند. دمای اتاق پرورش جوجه در هفته اول ۳۵، هفته دوم ۳۰ و برای دیگر هفته‌ها ۲۵-۲۰ درجه سلسیوس در نظر گرفته شد. جوجه‌ها از روز نوزادی تا ۴۵ روزگی به فاصله پنج روز توسط ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۱ وزن‌کشی شدند.

پس از ویرایش داده‌های وزن بدن (پرنده‌گانی که رکوردهای وزنی کامل داشتند برای برآزش منحنی رشد استفاده شد)، مدل گمپرتز به شرح زیر برای داده‌های وزن برآزش شد (Gompertz, 1825):

$$W_t = W_0 \exp \left\{ [1 - \exp(-k \times \text{Age})] \ln \left(\frac{W_f}{W_0} \right) \right\} \quad (1)$$

سن و وزن در نقطه عطف و نرخ رشد برای سن‌های مختلف با استفاده از رابطه‌های زیر برآورد شد:

$$t_i = \frac{1}{k} \left[\ln \left(\ln \left(\frac{W_f}{W_0} \right) \right) \right] \quad (2)$$

$$W_i = \frac{W_f}{e} \quad (3)$$

$$GR_t = K \times W_t \times \ln \left(\frac{W_f}{W_t} \right) \quad (4)$$

همچنین، وزن (W_i) و سن (t_i) در نقطه عطف وراثت‌پذیری به ترتیب برابر با ۰/۲۹۱ و ۰/۳۹۷ داشتند. این بررسی نشان داد، همه شاخص‌های منحنی رشد وراثت‌پذیری متوسط به بالا دارند و بهبود ژنتیکی در صفات یادشده می‌تواند با برنامه‌های انتخاب میسر شود. در یک بررسی سویه بلدرچین ژاپنی غیرانتخابی، ضریب K در نرها بیشتر از ماده‌ها گزارش شد، اما ضریب W_0 یا وزن جوجه نوزاد در ماده‌ها بیشتر از نرها بود (Balcioglu *et al.*, 2005; Kızılkaya *et al.*, 2004). گزارش‌هایی وجود دارد که ضریب K در ماده‌ها بیشتر از نرها است (Akbas & Yaylak, 2000). وزن بلوغ یا شاخص W_f در ماده‌ها بیشتر از نرها گزارش شد و چنین وضعیتی برای شاخص وزن آغازین یا W_0 هم مشاهده شد، اما فراسنجه K در نرها بیشتر از ماده‌ها بود (Raji *et al.*, 2014). فراسنجه K یا شاخص بلوغ، بیشترین وزنی که در کوتاه‌ترین زمان رشد به دست می‌آید را نشان می‌دهد. بنابراین، نرها رشد سریع‌تر از ماده‌ها دارند و بیشینه وزن آن‌ها در نقطه عطف و وزن بلوغ در سن پایین‌تر است (Akbas & Yaylak, 2000). در بررسی در دو سویه بلدرچین ژاپنی شامل سویه C و S وراثت‌پذیری فراسنجه‌های W_0 ، K و W_f به ترتیب ۰/۰۵، ۰/۳۸ و ۰/۵۶ گزارش شد (Akbas & Oguz, 1998).

از الگوریتم Gewake بررسی شد و مقدار P-value به‌دست‌آمده از این الگوریتم برای همه فراسنجه‌ها، همگرایی را تأیید کرد. مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی فراسنجه‌های منحنی رشد و میزان نرخ رشد دوره‌ای از نوزادی تا ۴۵ روزگی (دوره‌های ۵ روزه) در جدول ۲ ارائه شده است. واریانس افزایشی فراسنجه W_0 یا پیش‌بینی وزن جوجه نوزاد با مدل گمپرتز برابر با ۴/۲۶۲ بود و وراثت‌پذیری این صفت ۰/۲۶۹ برآورد شد که در دامنه متوسط قرار دارد و انتخاب بر پایه این شاخص می‌تواند منجر به بهبود وزن جوجه نوزاد در بلدرچین ژاپنی شود. البته وزن جوجه نوزاد تحت تأثیر عامل‌های مختلفی از جمله اثر مادری، محیط دائمی مادر، شرایط مدیریت دستگاه جوجه‌کشی (هچری)، تغذیه والدین، اثر متقابل بین ژن‌ها و جایگاه‌های ژنی ایمپرینتینگ (حک‌شده) قرار دارد که عامل‌های محدودکننده هستند و شاید تغییر مؤثر در وزن جوجه نوزاد مستلزم شناخت بهتر از عملکرد ژن‌ها و عامل‌های مؤثر در آن باشد (Aslam *et al.*, 2011). شاخص بلوغ یا ضریب K سرعت رسیدن به وزن نهایی و بیشترین سرعت رشد در نقطه عطف را نشان می‌دهد. در این بررسی، وراثت‌پذیری فراسنجه یادشده متوسط و برابر با ۰/۲۷۳ پیش‌بینی شد. فراسنجه وزن بلوغ (W_f) نیز تنوع ژنتیکی بالاتری داشت و وراثت‌پذیری این صفت ۰/۳۳۵ برآورد شد.

جدول ۱. آماره‌های توصیفی فراسنجه‌های منحنی رشد در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

Table 1. Descriptive statistical of growth curve parameters of crossbred population of Japanese quail

*traits	Number of records	mean	Standard deviation	Minimum	maximum	Coefficient of Variation
(gram) W_0	717	7.18	4.03	0.34	24.38	56.13
k	717	0.055	0.018	0.008	0.118	32.73
(gram) W_f	717	329.41	85.00	112.51	670.89	25.80
(days) t_i	717	28.38	13.74	13.86	155.65	48.41
(gram) W_i	717	123.89	44.69	41.39	581.69	36.07
(gram) GR_0	717	1.704	0.517	0.247	3.392	30.34
(gram) GR_5	717	2.763	0.931	0.398	6.194	33.70
(gram) GR_{10}	717	4.021	1.346	0.528	9.579	33.47
(gram) GR_{15}	717	5.231	1.670	0.681	11.978	31.92
(gram) GR_{20}	717	5.937	1.714	0.883	10.665	28.87
(gram) GR_{25}	717	6.018	1.608	0.958	10.375	26.72
(gram) GR_{30}	717	5.634	1.551	0.788	9.645	27.53
(gram) GR_{35}	717	5.222	1.571	0.302	9.744	30.01
(gram) GR_{40}	717	4.644	1.630	0.318	9.608	35.10
(gram) GR_{45}	717	3.833	1.700	0.136	10.633	44.35

W_0 : وزن پیش‌بینی‌شده برای روز اول، W_f : وزن نهایی یا وزن بلوغ، k : شاخص بلوغ، t_i : سن در نقطه عطف، W_i : وزن در نقطه عطف، GR_0 تا GR_{45} نرخ رشد به‌دست‌آمده از تابع گمپرتز از روز ۱ تا ۴۵.

W_0 : the estimate weight for first day, W_f : final weight or mature weight, k : mature index, t_i : age at inflection point, W_i : weight at inflection point, GR_0 to GR_{45} growth rate were predicted by Gompertz model from 1 to 45 day.

تغییر الگوی بیان ژن‌ها با افزایش سن و تغییر در شمار و میزان تأثیر ژن‌های دخیل در رشد، همبستگی ژنتیکی اعم از منفی یا مثبت ژن‌ها می‌توانند دلایل احتمالی این تغییرها باشند (Narinc et al., 2014). میزان وراثت‌پذیری میزان نرخ رشد دوره‌ای از جوجه نوزاد تا ۴۵ روزگی شامل $GR_0, GR_5, GR_{10}, GR_{15}, GR_{20}, GR_{25}, GR_{30}, GR_{35}, GR_{40}, GR_{45}$ به ترتیب برابر با ۰/۳۱۱، ۰/۴۰۹، ۰/۴۲۴، ۰/۳۷۸، ۰/۴۰۴، ۰/۴۰۲، ۰/۴۰۹، ۰/۴۰۳، ۰/۴۱۳ محاسبه شدند. برخلاف برخی گزارش‌ها (Firat et al., 2016) مبنی بر اینکه صفات افزایش وزن‌های دوره‌ای وراثت‌پذیری پایین‌تر از صفات وزن بدن دارند. بیشترین وراثت‌پذیری افزایش وزن در دوره زمانی بین جوجه نوزاد تا ۲ هفتگی گزارش شد و روند تغییرهای وراثت‌پذیری افزایش وزن همسان با گزارش‌های مختلف برای صفات وزن بدن است (Manjula et al., 2017).

در این بررسی میزان وراثت‌پذیری بالایی برای همه صفات نرخ رشد در دوره‌های زمانی مختلف مشاهده شد. در سویه‌های بومی کره‌ای، وراثت‌پذیری نرخ رشد در فاصله‌های زمانی بین ۰-۲، ۲-۴ و ۴-۸ هفتگی وراثت‌پذیری بالا و صفات افزایش وزن پس از ۶ هفتگی وراثت‌پذیری پایینی نشان دادند. روند تغییرات وراثت‌پذیری نرخ رشد دوره‌ای از جوجه نوزاد تا ۲۰ هفتگی کاهش بود (Manjula et al., 2017).

در بررسی دیگر وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد شامل وزن جوجه نوزاد (W_0)، شاخص بلوغ (K) و وزن بلوغ با مدل گمپرتز به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۴ و ۰/۴۲ گزارش شد که متوسط به بالا و نزدیک به برآوردهای این تحقیق است. همچنین، وراثت‌پذیری وزن و سن در نقطه عطف به ترتیب ۰/۳۶ و ۰/۰۸ گزارش شد (Narinc et al., 2010). وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد با تابع گمپرتز شامل وزن بلوغ (W_f)، وزن جوجه نوزاد (W_0) و سن در نقطه عطف (t_i) به ترتیب ۰/۳۸، ۰/۴ و ۰/۲۶ گزارش شد (Narinc et al., 2014). وراثت‌پذیری پیش‌بینی‌شده برای وزن بلوغ (W_f) همسان وراثت‌پذیری گزارش شده برای وزن‌های هفتگی و بالا است (Narinc et al., 2014). Akbas & Yaylak (2000) وراثت‌پذیری وزن کشتار را بالا و برابر با ۰/۵۶ گزارش کردند. وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد W_0, W_f و K به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۲۵ و ۰/۰۹ گزارش شد (Manjula et al., 2017).

صفات نرخ رشد دوره‌ای از جوجه نوزاد تا ۴۵ روزگی در فاصله ۵ روزه، وراثت‌پذیری بالایی داشتند، اما روند تغییرپذیری وراثت‌پذیری نرخ رشد دوره‌ای با افزایش سن منظم نبود و تغییر جزئی را نشان داد. وابسته بودن افزایش وزن‌های اولیه با ویژگی‌های مادری، محیط دائمی و مشترک مادر، شرایط مدیریتی، دستگاه جوجه‌کشی، ویژگی‌های کمی و کیفی تخم،

جدول ۲. واریانس‌های ژنتیکی و وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد و نرخ رشد در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی
Table 2. Genetic variances and heritability of growth curve parameters and growth rate in crossbred population of Japanese quail

Traits	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	σ_b^2	h^2	c^2
W_0	4.262±0.0287	7.568±0.0055	2.310±0.0061	14.140±0.0275	0.269±0.0008	0.165±0.0004
k	0.00008±2.9e-7	0.0002±1.1e-7	0.00002±3.8e-8	0.0003±2.7e-7	0.273±0.0006	0.052±0.0001
W_f	2902.671±13.039	4170.785±3.340	1060.461±2.607	8134.146±12.034	0.335±0.0008	0.131±0.0003
t_i	146.271±1.7164	101.236±0.1016	62.030±0.1529	309.536±1.6939	0.397±0.0010	0.223±0.0005
W_i	910.920±4.498	1107.118±0.909	92.429±1.824	2942.325±4.768	0.291±0.0007	0.032±0.0005
GR_0	0.092±0.0004	0.158±9.8e-5	0.031±6.6e-5	0.281±0.0004	0.311±0.0006	0.111±0.0002
GR_5	0.467±0.0014	0.571±0.0004	0.063±0.0002	1.101±0.0012	0.409±0.0007	0.058±0.0001
GR_{10}	1.048±0.0031	1.232±0.0010	0.104±0.0003	2.385±0.0028	0.424±0.0007	0.044±0.0001
GR_{15}	1.536±0.0065	2.193±0.0015	0.115±0.0003	3.844±0.0060	0.378±0.0008	0.031±7.7e-5
GR_{20}	1.676±0.0067	2.162±0.0015	0.103±0.0003	3.940±0.0062	0.404±0.0008	0.027±7.1e-5
GR_{25}	1.444±0.0077	1.826±0.0012	0.109±0.0003	3.379±0.0075	0.402±0.0007	0.033±8.6e-5
GR_{30}	1.382±0.0086	1.524±0.0011	0.281±0.0007	3.187±0.0084	0.409±0.0007	0.091±0.0002
GR_{35}	1.372±0.0082	1.455±0.0011	0.332±0.0008	3.159±0.0081	0.409±0.0007	0.108±0.0002
GR_{40}	1.446±0.0035	1.539±0.0011	0.532±0.0014	3.516±0.0035	0.403±0.0006	0.150±0.0003
GR_{45}	3.673±0.0511	1.447±0.0013	2.166±0.0065	7.286±0.0535	0.413±0.0008	0.297±0.0078

W_0 : وزن پیش‌بینی‌شده برای روز اول، W_f : وزن نهایی یا وزن بلوغ، k : شاخص بلوغ، t_i : سن در نقطه عطف، W_i : وزن در نقطه عطف، GR_0 تا GR_{45} نرخ رشد به دست‌آمده از تابع گمپرتز از روز ۱ تا ۴۵، σ_a^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_e^2 : واریانس باقیمانده، σ_p^2 : واریانس محیط دائمی مادر، σ_b^2 : واریانس پدیدگانی و h^2 : وراثت‌پذیری، c^2 : نسبت واریانس محیط دائمی مادر به واریانس پدیدگانی.

W_0 : the estimate weight for first day, W_f : final weight or mature weight, k: mature index, t_i : age at inflection point, W_i : weight at inflection point, GR_0 to GR_{45} growth rate were predicted by Gompertz model from 1 to 45 day, σ_a^2 : additive genetic variance, σ_e^2 : residual variance, σ_p^2 : permanent environmental variance of mother, σ_b^2 : phenotypic variance, h^2 : heritability, c^2 : the ratio of permanent environmental variance to phenotypic variance.

برخلاف همبستگی ژنتیکی مثبت و پایین وزن جوجه نوزاد با شاخص بلوغ، همبستگی پدیدگانی شاخص بلوغ با وزن جوجه نوزاد منفی و در حد متوسط پیش‌بینی شد ($-0/54$) که تأکیدی بر نتیجه غیرژنتیکی و مادری بر وزن جوجه نوزاد است (Manjula et al., 2017). همبستگی پدیدگانی وزن بلوغ با وزن جوجه نوزاد و شاخص بلوغ به ترتیب $0/38$ و $-0/47$ برآورد شدند که از نظر عددی بالاتر از همبستگی ژنتیکی هستند. همبستگی پدیدگانی سن در نقطه عطف با وزن جوجه نوزاد، شاخص بلوغ و وزن بلوغ به ترتیب $0/28$ ، $-0/74$ و $0/28$ محاسبه شد که سن در نقطه عطف با شاخص بلوغ همبستگی منفی، ولی بیشتر از همبستگی ژنتیکی داشت ($-0/74$ در مقابل $-0/54$). همبستگی پدیدگانی وزن در نقطه عطف با وزن جوجه نوزاد و وزن بلوغ مثبت، اما با شاخص بلوغ و وزن در نقطه عطف همبستگی منفی و در حد متوسط داشت.

همبستگی ژنتیکی منفی و قوی بین شاخص بلوغ با وزن بلوغ در نرها و ماده‌ها به ترتیب $-0/79$ و $-0/84$ گزارش شد (Raji et al., 2014). بنابراین، به نظر می‌رسد که ارتباط متضاد بین شاخص بلوغ و وزن بلوغ وجود دارد. نتایج نشان داده است، ماده‌های با وزن بلوغ بالاتر سرعت رشد کمتری دارند و دیرتر به سن بلوغ می‌رسند، درحالی‌که در نرها عکس این مسئله است (Raji et al., 2014). همبستگی منفی بین دو شاخص منحنی رشد شامل شاخص بلوغ و وزن بلوغ توسط محققان دیگر نیز گزارش شده است (Kýžylkaya et al., 2006; Akbas & Yaylak, 2000). همبستگی ژنتیکی وزن بلوغ با وزن جوجه نوزاد، وزن بلوغ با شاخص بلوغ و وزن جوجه نوزاد با شاخص بلوغ به ترتیب $0/125$ ، $-0/058$ و $1/83$ و همبستگی پدیدگانی آن‌ها نیز به ترتیب برابر با $-0/16$ ، $-0/63$ و $0/99$ با مدل گمپرتز گزارش شد (Akbas & Oguz, 1998). همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی بالایی بین فراسنجه وزن بلوغ و وزن نهایی به ترتیب برابر با $-0/99$ و $0/70$ گزارش شد (Akbas & Oguz, 1998). همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی فراسنجه‌های منحنی رشد به‌طور نسبی بالا و منفی گزارش شد، غیر از فراسنجه‌های W_0 و K که همبستگی مثبت داشتند. همچنین،

سهم واریانس محیط دائمی مادر بر صفت وزن جوجه نوزاد قابل ملاحظه و برابر با $2/310$ بود و نسبت واریانس محیط دائمی مادر $0/165$ محاسبه شد که در بین همه صفات و فراسنجه‌های منحنی رشد بیشترین است و با افزایش سن از سهم واریانس محیط دائمی مادر و نسبت محیط دائمی کاسته شد.

همبستگی‌های ژنتیکی و پدیدگانی فراسنجه‌های منحنی رشد تابع گمپرتز با صفات نرخ رشد دوره‌ای در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی ژنتیکی وزن جوجه نوزاد با سن و وزن در نقطه عطف منفی بود (به ترتیب $-0/24$ و $-0/12$)، اما وزن جوجه نوزاد با وزن بلوغ و شاخص بلوغ همبستگی ژنتیکی مثبت و کم داشت (به ترتیب $0/24$ و $0/14$)، لذا وزن جوجه نوزاد که بیشتر تحت تأثیر اثر مادری قرار دارند با وزن بلوغ که به‌طور عمده متأثر از اثر مستقیم ژنی خود پرند هستند متمایز بوده و از روی وزن جوجه نوزاد نمی‌توان پیش‌بینی دقیقی از وزن بلوغ یا وزن در زمان کشتار داشت. همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با وزن بلوغ منفی و پایین بود ($-0/36$)، ولی با سن در نقطه عطف همبستگی ژنتیکی منفی و بالایی داشت ($-0/54$). این همبستگی منفی بیانگر این موضوع است که پرندگانی که سرعت رشد بالایی دارند یا شاخص بلوغ بالا است، سریع‌تر به بیشینه رشد رسیده و نقطه عطف در سن پایین‌تر رخ می‌دهد و پرندگانی که شاخص بلوغ آن‌ها کمتر است دیرتر به نقطه عطف می‌رسند. همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با وزن در نقطه عطف منفی و پایین بود ($-0/31$) و بیانگر تضاد این دو شاخص منحنی رشد است. همبستگی ژنتیکی وزن بلوغ با سن و وزن در نقطه عطف نیز مثبت و به ترتیب برابر با $0/24$ و $0/63$ محاسبه شد که همبستگی ژنتیکی وزن بلوغ با وزن در نقطه عطف مثبت و بالا مشاهده شد، یعنی پرندگانی که در نقطه عطف وزن بالاتری دارند در نهایت وزن بلوغ آن‌ها هم بیشتر خواهد بود و در پرندگانی که هدف انتخاب افزایش وزن کشتار است، فراسنجه وزن در نقطه عطف شاخص مناسبی است. در نهایت همبستگی ژنتیکی سن در نقطه عطف با وزن در نقطه عطف مثبت و در حد پایین پیش‌بینی شد ($0/34$) و بیانگر ارتباط ضعیف این دو شاخص منحنی رشد است.

آخر دوره ندارد. برخلاف روند تغییرات، همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با صفات نرخ رشد دوره‌ای، شاخص وزن در نقطه عطف همبستگی ژنتیکی مثبت با بیشتر صفات داشت و بر شدت همبستگی در پایان دوره رشد افزوده شد و بالاترین همبستگی ژنتیکی مثبت و قوی بین وزن در نقطه عطف با صفت GR₄₅ بود (۰/۳۵). سن در نقطه عطف همبستگی ژنتیکی منفی با همه صفات نرخ رشد دوره‌ای به جز صفت GR₄₀ داشت، به گونه‌ای که بالاترین همبستگی منفی مربوط به نرخ رشد آغازین و به تدریج از میزان آن کاسته شد.

همبستگی پدیدگانی شاخص وزن جوجه نوزاد با صفات نرخ رشد دوره‌ای در سنین آغازین منفی و به تدریج از شدت آن کاسته شده و برای صفات نرخ رشد پس از ۳۰ روزگی مثبت و افزایشی شد. البته به جز همبستگی با وزن جوجه نوزاد که در حد متوسط بود، ولی با دیگر صفات بسیار کم برآورد شد. همبستگی پدیدگانی شاخص بلوغ با صفات نرخ رشد دوره‌ای برای آغاز دوره رشد مثبت و به شدت کاهش یافت، به گونه‌ای که این همبستگی در دوره آخر برای صفات نرخ رشد پس از سن ۳۰ روزگی منفی شد.

گزارش شده است، همبستگی‌های ژنتیکی بالاتر از همبستگی‌های پدیدگانی هستند. همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی W_f و K منفی و قوی و مقدار آن به ترتیب ۰/۷۶- و ۰/۷۳- گزارش شد. این نتایج نشان می‌دهد، افزایش وزن بلوغ سبب کاهش مقدار فراسنجه K می‌شود که سرعت رشد بلوغ یا شاخص بلوغ است (Narinc et al., 2010). در نتایج بررسی دیگری همبستگی پدیدگانی و ژنتیکی فراسنجه‌های منحنی رشد شامل W_f و W₀ قوی و مثبت، اما همبستگی بین W₀ و K منفی گزارش شد (Manjula et al., 2017).

همبستگی ژنتیکی وزن جوجه نوزاد با صفات نرخ رشد از جوجه نوزاد تا ۲۵ روزگی (دوره‌های ۵ روزه) مثبت و در حد پایینی بود و برای صفات نرخ رشد پس از این سن تا پایان دوره همبستگی ژنتیکی منفی شد. همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با صفات نرخ رشد در سنین آغازین مثبت و کاهشی و برای صفات آخر دوره منفی و افزایشی محاسبه شد. بالاترین همبستگی ژنتیکی شاخص بلوغ با صفت GR₀ (۰/۸۷) بود و برای صفات بعدی از میزان همبستگی کاسته شد، لذا شاخص بلوغ معیاری مناسب برای تعیین سرعت رشد در سنین آغازین بوده، ولی کارایی مناسب برای صفات

جدول ۳. همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و پدیدگانی (پایین قطر) فراسنجه‌های منحنی رشد و نرخ رشد دوره‌ای از جوجه نوزاد تا ۴۵ روزگی در جمعیت آمیخته بلدرچین ژاپنی

Table 3. Genetic (above diagonal) and phenotypic (under diagonal) correlations between growth cure parameters and growth rate interval from hatch to 45 days in crossbred population of Japanese quail

trait	W ₀	k	W _f	t _i	W _i	GR ₀	GR ₅	GR ₁₀	GR ₁₅	GR ₂₀	GR ₂₅	GR ₃₀	GR ₃₅	GR ₄₀	GR ₄₅
W ₀	-	0.14	0.24	-0.24	-0.12	0.26	0.25	0.29	0.22	0.17	0.06	-0.15	-0.20	-0.29	0.01
k	-0.54	-	0.0024	0.0026	0.0024	0.0020	0.0021	0.0020	0.0023	0.0023	0.0025	0.0024	0.0024	0.0021	0.0027
W _f	0.38	-0.47	-	0.24	0.63	-0.09	0.21	0.29	0.31	0.34	0.39	0.41	0.47	0.40	0.38
t _i	0.0006	0.0004	0.0015	-	0.0020	0.0014	0.0016	0.0015	0.0016	0.0016	0.0016	0.0016	0.0014	0.0015	0.0019
W _i	0.28	-0.74	0.28	-	0.34	-0.52	-0.07	-0.05	-0.06	-0.08	-0.07	-0.06	-0.002	0.03	-0.25
GR ₀	0.0011	0.0005	0.0007	0.0018	-	0.0014	0.0023	0.002	0.0026	0.0026	0.0027	0.0021	0.0022	0.0020	0.0023
GR ₅	0.27	-0.45	0.66	0.40	-	-0.12	0.08	0.11	0.13	0.12	0.14	0.21	0.29	0.28	0.35
GR ₁₀	0.0007	0.0005	0.0004	0.0005	0.0018	0.0017	0.0017	0.0017	0.0018	0.0018	0.0019	0.0019	0.0019	0.0017	0.0024
GR ₁₅	-0.45	0.94	-0.28	-0.74	-0.29	-	0.41	0.43	0.42	0.33	0.16	-0.01	-0.17	-0.27	-0.04
GR ₂₀	0.0008	0.0009	0.0005	0.0004	0.0005	0.0016	0.0015	0.0017	0.0018	0.0018	0.0019	0.0017	0.0017	0.0015	0.0019
GR ₂₅	-0.12	0.40	-0.05	-0.34	-0.12	0.46	-	0.89	0.87	0.84	0.69	0.35	0.15	-0.04	0.05
GR ₃₀	0.0007	0.0005	0.0006	0.0008	0.0006	0.0005	0.0004	0.0004	0.0004	0.0005	0.0009	0.0013	0.0015	0.0015	0.0018
GR ₃₅	-0.06	0.38	-0.01	-0.33	-0.09	0.44	0.92	-	0.92	0.85	0.68	0.35	0.17	-0.03	0.003
GR ₄₀	0.0007	0.0005	0.0006	0.0008	0.0006	0.0005	0.0001	0.0003	0.0003	0.0005	0.0009	0.0012	0.0014	0.0014	0.0017
GR ₄₅	-0.09	0.37	0.03	-0.33	-0.08	0.44	0.91	0.95	-	0.94	0.80	0.45	0.28	0.06	0.03
W ₀	0.0008	0.0006	0.0006	0.0009	0.0007	0.0006	0.0001	0.00006	0.0002	0.0002	0.0006	0.0012	0.0014	0.0015	0.0018
k	-0.10	0.39	0.11	-0.31	-0.02	0.38	0.87	0.88	0.95	-	0.91	0.61	0.43	0.21	0.11
W _f	0.0008	0.0006	0.0006	0.0009	0.0007	0.0006	0.0001	0.0001	0.00006	0.0003	0.0003	0.0010	0.0012	0.0014	0.0018
t _i	-0.07	0.17	0.20	-0.27	0.06	0.28	0.73	0.74	0.83	0.94	-	0.79	0.68	0.47	0.26
W _i	0.0009	0.0006	0.0006	0.0009	0.0007	0.0006	0.0003	0.0003	0.0002	0.0001	0.0006	0.0006	0.0009	0.0012	0.0017
GR ₀	-0.02	-0.03	0.33	-0.18	0.21	0.10	0.41	0.20	0.52	0.69	0.85	-	0.84	0.68	0.36
GR ₅	0.0008	0.0006	0.0005	0.0008	0.0007	0.0006	0.0004	0.0011	0.0004	0.0003	0.0002	0.0002	0.0004	0.0009	0.0015
GR ₁₀	0.04	-0.15	0.42	-0.09	0.31	-0.02	0.21	0.27	0.32	0.50	0.72	0.89	-	0.86	0.44
GR ₁₅	0.0008	0.0006	0.0005	0.0008	0.0008	0.0006	0.0005	0.0011	0.0006	0.0005	0.0003	0.0003	0.0001	0.0006	0.0014
GR ₂₀	0.02	-0.22	0.43	0.003	0.38	-0.11	0.02	0.24	0.10	0.28	0.52	0.75	0.90	-	0.44
GR ₂₅	0.0006	0.0004	0.0004	0.0007	0.0006	0.0005	0.0005	0.0011	0.0005	0.0005	0.0005	0.0004	0.0003	0.0003	0.0014
GR ₃₀	0.18	-0.31	0.66	-0.03	0.61	-0.14	-0.05	-0.05	-0.01	0.09	0.22	0.38	0.46	0.48	-
GR ₃₅	0.0008	0.0008	0.0009	0.0011	0.0013	0.0009	0.0008	0.0008	0.0009	0.0009	0.0008	0.0007	0.0007	0.0007	0.0007

وزن بدن در سنین کمتر از ۴ هفتگی وجود دارد، اما پس از این سن همبستگی‌ها مثبت و بالا هستند. در بررسی یک سویه بلدرچین ژاپنی همبستگی ژنتیکی منفی و پایین بین وزن بدن و فراسنجه K گزارش شد (Narinc *et al.*, 2014). همبستگی ژنتیکی منفی و متوسط بین وزن بدن و سن در نقطه عطف گزارش شد. همچنین، همبستگی ژنتیکی بین t_i و K منفی (-۰/۸۱) بود (Narinc *et al.*, 2014). همبستگی پدیدگانی و ژنتیکی فراسنجه‌های منحنی رشد و صفات نرخ رشد در دامنه ۰/۹۶- تا ۰/۹۸ متغیر گزارش شد، همبستگی‌های ژنتیکی بالاتر از همبستگی پدیدگانی بودند. همچنین، همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی بین صفات نرخ رشد دوره‌ای از ۰/۵۲- تا ۰/۹۹ متغیر گزارش شد، که این همبستگی‌ها برای صفات افزایش وزن نزدیک به هم بالا و مثبت و با افزایش فاصله زمانی همبستگی‌ها منفی و کوچک شد. همبستگی ژنتیکی بین W_f و صفات افزایش وزن از ۱۰ تا ۲۰ هفتگی مثبت و بالا بودند. همچنین، همبستگی ژنتیکی بین W_0 و افزایش وزن در سن‌های پایانی دوره رشد مثبت و در دامنه ۰/۲۱ تا ۰/۷۲ مشاهده شد (Manjula *et al.*, 2017).

روند تغییرات همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات افزایش نرخ رشد، همبستگی از نوزادی تا پایان دوره ۴۵ روزگی برای فاصله‌های پیوسته و نزدیک به هم بالا و مثبت پیش‌بینی شد، اما با افزایش فاصله زمانی بین آن‌ها از میزان این همبستگی کاسته شد. چنین روندی در همبستگی‌های پدیدگانی نیز برای صفات افزایش وزن‌های دوره‌ای مشاهده شدند.

نتیجه‌گیری کلی

فراسنجه‌های منحنی رشد وراثت‌پذیری متوسط به بالا داشت. همچنین، همبستگی به نسبت بالایی بین بیشتر صفات مربوط به نرخ رشد و فراسنجه‌های منحنی رشد مشاهده شد، لذا اگر امکان اندازه‌گیری پیوسته برای صفات وزنی وجود ندارد می‌توان با تأکید بر فراسنجه‌های منحنی رشد این کاستی را جبران کرد.

همبستگی پدیدگانی شاخص وزن بلوغ با صفات نرخ رشد در آغاز دوره رشد منفی و کاهش برآورد شد و از ۱۵ روزگی به بعد تا پایان دوره این همبستگی مثبت و افزایشی بود. همبستگی پدیدگانی سن در نقطه عطف با صفات نرخ رشد دوره‌ای منفی و کاهشی بودند. همبستگی قوی و منفی سن در نقطه عطف با نرخ رشد دوره آغازین GR_0 محاسبه شد و پس از آن تا پایان دوره همبستگی‌ها ضعیف شدند. همچنین، همبستگی پدیدگانی وزن در نقطه عطف با صفات نرخ رشد در آغاز دوره رشد منفی و کاهش و از میانه دوره این همبستگی‌ها مثبت و افزایشی برآورد شدند، اما میزان همبستگی‌ها پایین و ضعیف بودند.

بررسی‌های مختلفی در ارتباط با همبستگی‌های ژنتیکی و پدیدگانی فراسنجه‌های منحنی رشد با صفات وزن و افزایش وزن‌های دوره‌ای گزارش شده است. در بررسی در جمعیت بلدرچین ژاپنی همبستگی پدیدگانی و ژنتیکی فراسنجه وزن بلوغ (W_f) و وزن بدن مثبت و در دامنه متوسط به بالا گزارش شد. البته همبستگی ژنتیکی بالاتر از همبستگی پدیدگانی بودند. بالاترین همبستگی ژنتیکی (۰/۹۹) و پدیدگانی (۰/۹۲) مربوط به شاخص W_f و وزن بدن در پایان دوره رشد گزارش شد. چنین همبستگی بالا نشان می‌دهد، فراسنجه W_f یک انعکاس از وزن نهایی است (Narinc *et al.*, 2010; Akbas & Yaylak, 2000). همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی شاخص W_0 با وزن‌های بدن منفی گزارش شد. همبستگی ژنتیکی بالاتر فراسنجه W_0 با وزن بدن در سنین آغازین نشان می‌دهد، فراسنجه W_0 انعکاسی از وزن آغازین یا وزن جوجه نوزاد در بلدرچین است (Akbas & Yaylak, 2000). همبستگی ژنتیکی و پدیدگانی شاخص K با وزن‌های بدن اغلب منفی گزارش شد، به جز وزن در سه هفتگی که همبستگی مثبت داشتند (Narinc *et al.*, 2010). در بررسی دیگری همبستگی ژنتیکی قوی بین وزن بدن در ۵ هفتگی با فراسنجه وزن بلوغ (W_f) برابر با ۰/۶۳ گزارش شد (Narinc *et al.*, 2014). Akbas & Yaylak (2000) در نتایج بررسی‌های خود گزارش کردند، همبستگی پدیدگانی منفی بین فراسنجه W_f و

REFERENCES

1. Aggrey, S. E. (2009). Logistic nonlinear mixed effects function for estimating growth parameters. *Poultry Science*, 88, 276-280.
2. Aggrey, S. E., Ankra-Badu, G. A. & Marks, H. L. (2003). Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poultry Science*, 82, 538-542.
3. Akbas, Y. & Oguz, I. (1998). Growth curve parameters of lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week bodyweight. *Arch Geflugelk*, 62, 104-109.
4. Akbas, Y. & Yaylak, E. (2000). Heritability estimates of growth curve parameters and genetic correlations between the growth curve parameters and weights at different age of Japanese quail. *Arch Geflugelkd*, 64, 141-146.
5. Aslam, M. L., Bastiaansen, J. W., Crooijmans, R. P., Ducro, B. J., Addie Vereijken, A. & Groenen, M. A. (2011). Genetic variances, heritabilities and maternal effects on body weight, breast meat yield, meat quality traits and the shape of the growth curve in turkey birds. *BMC Genetics*, 12(14), 1-9.
6. Balcioglu, M. S., Kyzylkaya, K., Yolcu, H. I. & Kabarağ, H. I. (2005). Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail. *South African Journal of Animal Science*, 35, 83-89.
7. Beiki, H., Pakdel, A. & Moradi-Shahbabak, M. (2011). The effect of divergent selection on 4-wk BW on the shape of growth curve in Japanese quail. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3, 38-45. (in Farsi with English abstract)
8. Beiki, H., Pakdel, A., Moradi-shahrbabak, M. & Mehrban, H. (2013). Evaluation of growth functions on Japanese quail lines. *Journal of Poultry Science*, 50, 20-27.
9. Brown, J. E., Fitzhugh, H. A. & Cartwright, T. C. (1976). A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. *Journal of Animal Science*, 42, 810-818.
10. Darmani-Kuhi, H., Porter, T., Lopez, S., Kebreab, E., Strathe, A. B., Dumas, A., Dijkstra, J. & France, J. (2010). A review of mathematical functions for the analysis of growth in poultry. *World's Poultry Science Journal*, 66, 227-239.
11. Dudouet, E. (1982). Theoretical lactation curve of the goat and its applications. *Le Point Veterinair*, 14, 53-61.
12. Firat, M. Z., Karaman, E., Başar, E. K. & Narinc, D. (2016). Bayesian analysis for the comparison of nonlinear regression model parameters: an application to the growth of Japanese quail. *Brazilian Journal of Poultry Science*, 23, 19-26.
13. Freitas, A. R. (2005). Growth curves in livestock production. *Rev Bras Zootecn*, 34, 786-795.
14. Gompertz, B. (1825). On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. *Philos Trans R Soc Lond*, 115, 513-583.
15. Hyánková, L., Knížetová, H., Dědková, L. & Hort, J. (2001). Divergent selection for shape of growth curve in Japanese quail. 1. Responses in growth parameters and food conversion. *British Poultry Science*, 42, 583-589
16. Kyzylkaya, K., Balcioglu, M. S., Yolcu H. I., Karabağ, K. & Genc, I. H. (2006). Growth curve analysis using nonlinear mixed model in divergently selected Japanese quails. *Arch Geflugelkd*, 70 (4), 181-186.
17. Kyzylkaya, K., Balcioglu, M. S., Yolcu H. I. & Karabağ, K. (2004). The application of exponential method in the analysis of growth curve for Japanese quail. *Arch Geflugelkd*, 69(3), 193-198.
18. Manjula, P., Park, H. B., Seo, D., Choi, N., Jin, S., Ahn, S. J., Heo, K. N., Kang, B. S. & Lee, J. H. (2017). Estimation of heritability and genetic correlation of body weight gain and growth curve parameters in Korean native chicken. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, 00, 1-6
19. Mendes, M. (2009). Growth curves for body weight and some body measurements of Ross308 broiler chickens. *Journal of Applied Animal Research*, 36, 85-86.
20. Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T. & Lee, D. H. (2002). BLUPF90 and related programs. In: *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France.
21. Narinc, D., Aksoy, T., Karaman, E., Aygun, A., Firat, M. Z. & Uslu, M. K. (2013). Japanese quail meat quality: Characteristics, heritability's, and genetic correlations with some slaughter traits. *Poultry Science*, 92, 1735-1744.
22. Narinc, D., Karaman, E., Firat, M. Z. & Aksoy, T. (2010). Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(14), 1961-1966.
23. Narinc, D., Karaman, E., Aksoy, T. & Firat, M. Z. (2014). Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 93, 24-30.
24. Raji, A. O., Mbap, S. T. & Aliyu, J. (2014). Comparison of different models to describe growth of the Japanese quail (*Coturnix Japonica*). *Trakia Journal of Sciences*, 2, 182-188.