

Comparing some mathematical functions to describe growth pattern in quail

Abstract

Growth traits (such as body weights at different ages) in most of the birds have been often considered in most of the poultry breeding programs. Changes in growth pattern can be evaluated through measuring body weight traits at regular intervals and using mathematical functions (growth curve functions). For this purpose, data from 1182 wild (including 905 female and 277 male) and 674 Italian speckled (including 499 female and 175 male) quails were utilized. Accordingly, after body weight at hatch, body weights of the birds were recorded through 45 days in a 5-day interval manner. Gompertz, Logistic, Lopez, Richards, and von Bertalanffy were used to estimate growth curve parameters. To evaluate/ rank the goodness of fit for functions, the BIC, AIC, MSE, and R_{Adj}^2 were used. Based on results, Richards' function for both studied populations (wild and Italian speckled quails) and for both genders (females and males) were the best fitted model. The relatively same growth pattern and same function for describing growth pattern in these two quail strains refer to the same growth traits, therefore simultaneous production of them can be achieved under same management practices. Moreover, comparing results of the current studies with other researches, by comparing other studies with this study's results, it can be concluded that increasing the number of records and shortening the weighing intervals can be effective in determining the appropriate function.

Keywords: Richards' function, inflection point, non-linear regression, Japanese quail, modellin

مقایسه‌ی برخی توابع ریاضی برای توصیف الگوی منحنی رشد بلدرچین

چکیده

صفات رشد (اوزان بدن در سنین مختلف) در اغلب پرندگان، همواره در برنامه‌های اصلاحی مورد توجه هستند. تغییرات الگوی رشد را می‌توان با اندازه‌گیری وزن بدن در دوره‌های منظم و با استفاده از توابع ریاضی (توابع منحنی رشد) بررسی کرد. برای این منظور، در مطالعه‌ی حاضر، از اطلاعات اوزان بدن انفرادی ۱۱۸۲ بلدرچین سویه‌ی وحشی (۹۰۵ ماده و ۲۷۷ نر) و ۶۷۴ بلدرچین سویه‌ی خالدار ایتالیایی (۴۹۹ ماده و ۱۷۵ نر) استفاده شد. جوجه‌ها پس از وزن‌کشی در زمان تولد، جوجه‌ها به سالن پرورش منتقل شدند و تمام وزن‌کشی‌ها در فواصل زمانی ۵ روزه، تا سن ۴۵ روزگی ثبت شدند. برای برآورد پارامترهای منحنی رشد، از توابع گمپرتز (Gompertz)، لجستیک (Logistic)، لوپز (Lopez)، ریچاردز (Richards) و وان برتالانفی (von Bertalanffy) استفاده شد. ارزیابی و رتبه‌بندی نیکویی برازش توابع با معیار اطلاعات بیزی (BIC)، ضریب آکایک (AIC)، میانگین خطای استاندارد (MSE)، و ضریب تعیین تصحیح شده (R_{Adj}^2) انجام شد. نتایج نشان داد که تابع ریچاردز برای توصیف الگوی رشد در هر دو سویه‌ی بلدرچین وحشی ژاپنی و خالدار ایتالیایی و برای هر دو جنس ماده و نر، مناسب‌تر از سایر توابع بود. الگوی رشد نسبتاً مشابه و توابع یکسان توصیف‌کننده رشد در دو سویه‌ی بلدرچین وحشی ژاپنی و خالدار ایتالیایی مؤید این نکته است که این دو سویه مزبور، الگوی رشد نسبتاً مشابه‌ای دارند و امکان پرورش توأم آن‌ها تحت یک مدیریت واحد، وجود دارد. با مقایسه نتایج این مطالعه با سایر مطالعات مشابه، این پژوهش نشان داد که افزایش تعداد رکورد و کوتاه شدن فواصل وزن‌کشی، می‌تواند بر روی تعیین تابع مناسب مؤثر باشد.

کلمات کلیدی: تابع ریچاردز، سن در نقطه عطف، تابع رشد، بلدرچین ژاپنی، مدل‌سازی

در سال‌های اخیر با توجه به رشد جمعیت در سرتاسر جهان و تنوع یافتن سلیقه غذایی و سبک تغذیه مردم، مصرف گوشت و تخم بلدرچین در سرتاسر دنیا گسترش یافته است (Tavaniello *et al.*, 2014)، به طوری که امروزه بلدرچین کوچک‌ترین گونه از پرندگان اهلی موجود در مزارع است که برای تولید تخم و گوشت پرورش داده می‌شود. بلدرچین با داشتن خصوصیات مناسب از جمله جثه‌ی کوچک، رشد سریع، سن کشتار پایین، بلوغ زودرس، میزان بالای تخم‌گذاری، فاصله‌ی کوتاه بین دو تخم‌گذاری متوالی، فاصله نسلی کوتاه، و نیاز کم به محیط پرورش از نظر مساحت، برای تولید در مقیاس صنعتی مورد توجه قرار گرفته است (Faraji-Arough *et al.*, 2019; Mohammadi-Tighsiah *et al.*, 2020). بر همین اساس، پژوهش‌های متعددی بر روی ظرفیت ژنتیکی رشد بلدرچین (Mohammadi-Tighsiah *et al.*, 2018; Tavaniello *et al.*, 2014)، بازده وزن بدن (Mahmoudi-Zarandi *et al.*, 2020)، و منحنی رشد (Faraji-Arough *et al.*, 2018; Hyankova *et al.*, 2001) این پرنده انجام شده است. هر چند گونه بلدرچین دارای سویه‌ها و نژادهای متعددی است، اما بیشتر پژوهش‌ها بر روی سویه وحشی بلدرچین ژاپنی متمرکز شده است و مطالعات اندکی بر روی سایر سویه‌ها صورت گرفته است. در بین نژادهای بلدرچین که به صورت تجاری پرورش داده می‌شوند، احتمالاً بلدرچین ژاپنی بیشترین جمعیت را دارد. سویه‌ی خالدار ایتالیایی (Italian speckled) از نظر عملکرد، شباهت‌های زیادی با سویه‌ی وحشی بلدرچین ژاپنی دارد.

رشد به‌عنوان شاخصی در یک سامانه‌ی زیستی، عبارت از افزایش توده بدن در واحد زمان است (Buzala *et al.*, 2015). رشد پرنده را می‌توان به صورت تغییرات وزن بدن طی دوره‌ی زندگی، همراه با مصرف مواد غذایی، توصیف نمود. همانند سایر صفات، رشد در حیوانات نیز تحت تأثیر ژنتیک، محیط و اثرات متقابل آن‌ها قرار دارد. این تغییرات را می‌توان با اندازه‌گیری وزن بدن در دوره‌های منظم و با استفاده از توابع ریاضی بررسی کرد. روند رشد در حیوانات روندی غیرخطی بوده و در اغلب گونه‌ها از جمله پرندگان الگوی رشد طی زمان، به یک منحنی به شکل سیگموئیدی است (Faraji-Arough *et al.*, 2018; Faraji Arough *et al.*, 2019).

پارامترهای منحنی رشد که از نظر بیولوژیکی قابل تفسیر می‌باشند، می‌توانند تغییرات ایجاد شده توسط محیط را تصحیح کنند (Hyankova *et al.*, 2001). یکی از معیارهای ارزیابی رشد، سن رسیدن به نقطه عطف (inflection point) منحنی رشد است. در این نقطه، نرخ رشد (growth rate) به مقدار بیشینه‌ی خود می‌رسد و سن رسیدن به نقطه عطف بیانگر طول مرحله‌ی افزایشی رشد (self-accelerating phase) می‌باشد. با افزایش سن پرنده سرعت رشد افزایش می‌یابد ولی این افزایش محدود بوده و پس از رسیدن به حداکثر مقدار خود، به تدریج سرعت رشد کاهش یافته و وارد مرحله‌ی کاهش رشد (self-inhibiting phase) می‌شود، که موجب می‌شود شیب منحنی رشد تغییر یابد (Faraji-Arough *et al.*, 2018).

در نظر گرفتن الگوی منحنی رشد در برنامه‌ریزی و مدیریت پرورش و تغذیه پرندگان از اهمیت به‌سزایی برخوردار است، زیرا نیازمندی‌های پرنده تحت تأثیر مرحله رشد آن است. بطوری که در جوجه‌های گوشتی مصرف مقادیر مختلف انرژی متابولیسمی و پروتئین خام در قالب جیره‌های آغازین (starter)، رشد (grower)، و پایانی (finisher) بر اساس الگوی رشد پرنده تنظیم می‌شود (Tompic *et al.*, 2011). این در حالی است که این نوع تقسیم‌بندی مراحل مختلف رشد در مدیریت بلدرچین ژاپنی، اغلب در نظر گرفته نمی‌شود. بنابراین، از آن جایی که هر گونه/نژاد ممکن است الگوی رشد منحصر به خود را داشته باشد، به همین دلیل برآورد پارامترهای منحنی رشد برای هر گونه/نژاد ضروری است.

در اغلب مطالعات منحنی رشد بر روی پرندگان، فاصله زمانی بین دو وزن کشی یک هفته در نظر گرفته می‌شود. با توجه به بازه زمانی کوتاه تغییرات وزن در بلدرچین، به نظر می‌رسد در نظر گرفتن بازه زمانی کوتاه‌تر برای بررسی دقیق‌تر منحنی رشد ضروری باشد. مطالعات پیشین، در نظر

گرفتن فواصل کمتر از یک هفته برای ثبت رکورد وزن حداقل در ماه اول زندگی بلدرچین را توصیه کرده بودند (Hyankova et al., 2001). بر همین اساس، هدف از تحقیق حاضر، مقایسه برخی پارامترهایی منحنی رشد در دو سویه وحشی و خالدار ایتالیایی بلدرچین است.

روش‌شناسی پژوهش

برای انجام این پژوهش که در پژوهش‌شکده دام‌های خاص دانشگاه زابل انجام گردید، از اطلاعات رشد ۱۱۸۲ بلدرچین سویه وحشی شامل ۹۰۵ ماده و ۲۷۷ نر و ۶۷۴ بلدرچین سویه خالدار ایتالیایی شامل ۴۹۹ ماده و ۱۷۵ نر استفاده شد. برای این منظور، ابتدا تخم‌ها جمع‌آوری و شماره‌گذاری شدند. تخم‌های جمع‌آوری شده پس از ضدعفونی طی دو نوبت در دستگاه جوجه کشی قرار داده شدند. تخم‌ها برای مدت ۱۵ روز درون دستگاه ستر و پس از آن به مدت ۲ روز درون دستگاه هچر قرار داده شدند. بلافاصله پس از خروج جوجه‌ها از تخم، هویت پرندگان با نصب شماره بالی مشخص شد. سپس وزن یک‌روزگی آن‌ها با دقت ۰/۰۱ گرم ثبت گردید (وزن در روز صفر یا وزن تولد؛ HW). به منظور رصد دقیق‌تر تغییرات رشد پرندگان فواصل پنج روزه در نظر گرفته شد. بر همین اساس، پس از وزن‌کشی در زمان تولد، جوجه‌ها به سالن پرورش منتقل شدند و تمام وزن‌کشی‌ها در فواصل زمانی پنج روزه و تا سن ۴۵ روزگی ثبت شد. پرندگان از هر دو جنس تا سن ۲۱ روزگی در آشیانه‌هایی با ظرفیت ۲۰ پرندگی نگهداری شدند و پس از آن دو جنس نر و ماده از یکدیگر جدا شدند. پرندگان با یک جیره استاندارد حاوی ۲۵۵ گرم بر کیلوگرم پروتئین خام و ۱۲/۳ مگاژول بر کیلوگرم انرژی متابولیسمی در دوره‌ی رشد تا ۴۵ روزگی تغذیه شدند. آب و دان در کل دوره به صورت آزاد در اختیار پرندگان بود. یک برنامه‌ی نوری شامل ۲۰ ساعت روشنایی و ۴ ساعت تاریکی در کل دوره برای هر دو نژاد اعمال شد. داده‌های مورد استفاده در این مطالعه برای بلدرچین نر و ماده سویه وحشی و خالدار ایتالیایی به ترتیب در جداول ۱ و ۲ نشان داده شده است.

Table 1. Descriptive statistics of growth traits in wild (n = 1182) and Italian Speckled (n = 239) quail
جدول ۱. آمار توصیفی صفات رشد (بر حسب گرم) بلدرچین سویه وحشی (n = ۱۱۸۲) شامل ۹۰۵ ماده و ۲۷۷ نر

جنس	صفت	mean \pm SD	min	max	CV
ماده	BW0	۸/۶۷ \pm ۱/۲۱	۵/۲۶	۱۱/۵۷	۱۳/۹۳
	BW5	۱۶/۱۲ \pm ۳/۲۴	۸/۲۴	۲۶/۷۲	۲۰/۱۰
	BW10	۳۰/۴۳ \pm ۸/۴۴	۱۱/۳۰	۶۲/۱۷	۲۷/۷۴
	BW15	۵۲/۴۹ \pm ۱۵/۹۱	۱۸/۲۳	۹۷/۲۱	۳۰/۳۳
	BW20	۸۰/۳۹ \pm ۲۴/۲۳	۲۰/۱۳	۱۵۸	۳۰/۱۳
	BW25	۱۱۳/۷۴ \pm ۳۰/۹۲	۳۳/۹۰	۲۲۸/۸۷	۲۷/۱۸
	BW30	۱۴۷/۶۲ \pm ۳۳/۲۰	۴۹/۷۱	۲۲۴/۸۵	۲۲/۴۹
	BW35	۱۷۳/۵۸ \pm ۳۵/۵۱	۶۲/۱۸	۲۴۷/۲۶	۲۰/۴۶
	BW40	۱۹۸/۸۲ \pm ۳۶/۸۵	۶۷/۲۹	۲۷۵/۶۴	۱۸/۵۳
BW45	۲۱۴/۹۸ \pm ۳۶/۸۹	۷۵/۶۲	۲۹۳/۷۱	۱۷/۱۶	
نر	BW0	۸/۹۸ \pm ۱/۵۶	۵/۴۹	۱۳/۳۷	۱۷/۳۲
	BW5	۱۶/۵۲ \pm ۳/۰۶	۸/۴۰	۲۷/۰۱	۱۸/۵۲
	BW10	۳۱/۹۰ \pm ۸/۲۴	۱۲/۲۹	۶۴/۴۹	۲۵/۸۳
	BW15	۵۶/۱۹ \pm ۱۴/۹۰	۵۲/۴۱	۹۷/۴۹	۲۶/۵۲

۲۵/۹۸	۱۵۳/۴	۳۴/۸۲	۸۶/۲۹ ± ۳۲/۴۲	BW20
۲۵/۱۵	۲۳۷/۱۱	۳۹/۳۶	۱۳۲/۸۵ ± ۳۰/۸۹	BW25
۲۰/۴۸	۲۲۵/۴۱	۴۹/۱۱	۱۵۵/۱۵ ± ۳۱/۷۸	BW30
۱۹/۲۰	۲۴۷/۳۰	۶۷/۱۳	۱۸۱/۳۳ ± ۳۴/۸۲	BW35
17.89	276.56	۸۳/۴۵	۲۰۴/۹۹ ± ۳۶/۶۶	BW40
۱۶/۸۱	۲۹۲/۶	۱۱۲/۹۲	۲۱۸/۹۹ ± ۳۶/۸۲	BW45

Table 2. The descriptive statistics of body weight traits in the wild and Italian speckled quail.

جدول ۲. آمار توصیفی صفات رشد (بر حسب گرم) سویه خالدار ایتالیایی (n = ۶۷۴) شامل ۴۹۹ ماده و ۱۷۵ نر

CV	max	min	mean±SD	صفت	جنس ماده
۱۱/۷۲	۱۰/۹۸	۵/۲۵	۷/۸۵±۰/۹۲	BW0	
۱۷/۱۷	۲۱/۷۸	۸/۰۵	۱۴/۳۷±۲/۴۷	BW5	
۲۲/۷۱	۴۵/۰۷	۱۱/۹۴	۲۹/۰۲±۶/۵۹	BW10	
۲۴/۰۸	۸۹/۲۰	۱۹/۱۸	۵۱/۰۱±۱۲/۲۸	BW15	
۲۲/۰۴	۱۱۶/۴۷	۳۱/۰۶	۷۷/۴۷±۱۷/۰۷	BW20	
۱۹/۱۲	۱۵۳/۰۰	۴۵/۲۲	۱۰۴/۹۵±۲۰/۰۶	BW25	
۱۵/۷۲	۱۸۵/۳۴	۷۴/۲۲	۱۳۴/۷۷±۲۱/۱۹	BW30	
۱۴/۳۷	۲۰۵/۷۰	۹۴/۴۱	۱۵۴/۵۰±۲۲/۲۰	BW35	
۱۳/۲۸	۲۳۵/۵۱	۱۱۳/۸۰	۱۷۵/۸۵±۲۳/۳۵	BW40	
۱۲/۶۲	۲۴۶/۱۳	۱۲۶/۷۰	۱۹۰/۴۲±۲۴/۰۴	BW45	
۹/۵۰	۹/۲۴	۶/۰۹	۷/۵۵±۰/۷۲	BW0	نر
۱۵/۵۶	۱۹/۱۷	۹/۰۶	۱۴/۵۳±۲/۲۶	BW5	
۲۳/۸۹	۴۶/۴۰	۱۵/۲۶	۳۰/۷۲±۷/۳۴	BW10	
۲۴/۵۰	۸۳/۸۸	۲۹/۸۸	۵۳/۶۱±۱۳/۱۳	BW15	
۲۱/۴۵	۱۱۳/۴۳	۴۰	۷۹/۴۳±۱۷/۰۳	BW20	
۱۹/۳۲	۱۴۶/۶۰	۶۱/۲۴	۱۰۷/۰۷±۲۰/۶۹	BW25	
۱۷/۵۷	۱۸۱/۰۹	۷۷/۸۱	۱۳۷/۳۲±۲۴/۱۳	BW30	
۱۶/۷۹	۲۲۲/۲۰	۹۱/۱۸	۱۵۵/۷۹±۲۶/۱۶	BW35	
۱۵/۰۶	۲۳۳/۳۸	۱۰۵/۱۷	۱۷۳/۸۰±۲۶/۱۸	BW40	
۱۴/۵۴	۲۵۰/۳۰	۱۱۲/۹۲	۱۸۷/۲۱±۲۷/۲۲	BW45	

توابع توصیف کننده منحنی رشد

به منظور برآورد پارامترهای منحنی رشد از توابع گمپرتز (Gompertz)، لجستیک (Logistic)، لویز (Lopez)، ریچاردز (Richards) و وان برتالانفی (von Bertalanffy) استفاده شد. اجزای هر یک از این توابع در جدول ۳ آمده است.

تابع رشد کمپرتز: این تابع از جمله قدیمی‌ترین و متداول‌ترین روابط غیرخطی برای پیش‌بینی الگوی رشد است (Simianer & Sorensen, 2016). این تابع برای تعیین الگوی رشد در حیوانات (Roush *et al.*, 2006)، رشد باکتری‌ها (Dufosse *et al.*, 2001) و رشد تومورها (Cabrales *et al.*, 2010) مورد استفاده قرار گرفته است. شکل اصلی این تابع در جدول ۳ آمده است که در آن W_t وزن پرنده در زمان t ، W_0 وزن ابتدایی، W_f وزن بلوغ جسمی یا وزن نهایی و b پارامتر تابع (ثابت رشد) است. در این تابع نرخ رشد (Growth Rate; GR) از ستون GR و سن رسیدن به نقطه عطف (Age at Inflection point; AIP) از ستون AIP جدول ۳ محاسبه شد. در محاسبه WIP، وزن بدن در نقطه عطف منحنی رشد تابعی از وزن بلوغ پرنده است (Porter *et al.*, 2010).

تابع رشد لجستیک (Stratz *et al.*, 2014): شکل کلی این تابع به صورت سیگموئیدی بوده و تابع آن در جدول ۳ قابل مشاهده است: که در آن W_t وزن پرنده در زمان t ، W_0 وزن ابتدایی پرنده، W_f وزن بلوغ جسمی و b پارامتر تابع (ثابت رشد) است. در جدول ۳، تابع مربوط به نقطه عطف منحنی رشد (WIP)، تابعی از وزن بلوغ جسمی پرنده است.

تابع رشد لویز (Lopez) یا مورگان (Morgan): این تابع توصیف‌کننده منحنی رشد نسبت به سایر تابع‌ها جدیدتر است (Lopez *et al.*, 2000). شکل کلی این تابع و توابع GR، WIP و AIP مرتبط به این تابع در جدول ۳ مشاهده می‌شود که در آن W_t وزن پرنده در زمان t ، W_0 وزن ابتدایی پرنده، W_f وزن بلوغ جسمی و K و b پارامترهای تابع هستند (Porter *et al.*, 2010).

تابع رشد ریچاردز: این تابع نخستین بار در سال ۱۹۵۹ ارائه شد (Schon & Simianer, 2015) و شکل کلی آن در جدول ۳ قابل مشاهده است که در آن W_t وزن پرنده در زمان t ، W_0 وزن ابتدایی پرنده، W_f وزن بلوغ جسمی، b پارامتر تابع (ثابت رشد) و n پارامتر شکل تابع است. نرخ رشد و سن رسیدن به نقطه عطف و همینطور وزن بدن در نقطه عطف منحنی رشد این تابع نیز همانند توابع دیگر در جدول ۳ آمده است (Porter *et al.*, 2010).

تابع وون برتالانفی: شکل کلی این تابع در جدول ۳ آورده شده است (von Bertalanffy, 1957) که در آن W_t وزن پرنده در زمان t ، W_0 وزن ابتدایی پرنده، W_f وزن بلوغ جسمی و K و u پارامتر تابع می‌باشد. در این تابع نرخ رشد، سن رسیدن به نقطه عطف و وزن بدن در نقطه عطف منحنی رشد مطابق جدول ۳ محاسبه می‌شوند (Porter *et al.*, 2010).

Table 3. Equations for growth curve functions, age, and weight at the inflection point in the wild and Italian speckled quail.

جدول ۳. توابع توصیف کننده منحنی رشد بلدرچین سویه وحشی و ایتالیایی خالدار

تابع	منبع	فرمول کلی W_t	AIP (سن در نقطه عطف)	WIP (وزن بدن در نقطه عطف)	GR (نرخ رشد)
گمپرتز	Simianer & Sorensen,) (2016	$W_0 \exp\{[1 - \exp(-bt)] \ln(\frac{W_f}{W_0})\}$	$\frac{1}{b} \left[\ln \left(\ln \left(\frac{W_f}{W_0} \right) \right) \right]$	$\frac{W_f}{e}$	$bW \left(\frac{W_f}{W_0} \right)$
لجستیک	(Stratz <i>et al.</i> , 2014)	$\frac{W_0 W_f}{[W_0 + (W_f - W_0) \exp(-bt)]}$	$\frac{1}{b} \ln \left(\frac{W_f - W_0}{W_0} \right)$	$\frac{W_f}{2}$	$bW \left(1 - \frac{W_f}{W_0} \right)$
لوپز	(Lopez <i>et al.</i> , 2000)	$\frac{(W_0 K^b + W_f t^b)}{(K^b + t^b)}$	$K \left[\frac{b-1}{b+1} \right]^{1/b}$	$\frac{\left[\left(1 + \frac{1}{b} \right) W_0 + \left(1 - \frac{1}{b} \right) W_f \right]}{2}$	$b \left[\frac{t^{b-1}}{K^b + t^b} \right] (W_f - W_0)$
ریچاردز	(Schon & Simianer, 2015)	$\frac{W_0 W_f}{[W_0^n + (W_f^n - W_0^n) \exp(-bt)]^{1/n}}$	$\frac{1}{b} \ln \left(\frac{W_f^n - W_0^n}{n W_0^n} \right)$	$\frac{W_f}{(n+1)^{1/n}}$	$bW \left(\frac{W_f^n - W_0^n}{n W_f^n} \right)$
وون برتالانفی	(von Bertalanffy, 1957)	$[W_f^u - (W_f^u - W_0^u) \exp(-bt)]^{1/u}, \quad 0 \leq u \leq \frac{1}{3}$	$\frac{1}{b} \ln \left[\frac{W_f^u - W_0^u}{u W_0^u} \right]$	$W_f (1-u)^{\frac{1}{u}}$	$\left(\frac{B W_f^u}{u} \right) W^{(1-u)} - \left(\frac{b}{u} \right) W$

به منظور ارزیابی و رتبه‌بندی نکویی برازش تابع‌های توصیف‌کننده منحنی رشد معیارهای مختلفی ارائه شده‌اند. در مطالعه حاضر، معیار اطلاعات بیزی (BIC)، ضریب آکایک (AIC)، میانگین خطای استاندارد (MSE) و ضریب تعیین تصحیح شده (R_{Adj}^2) به صورت زیر مورد ارزیابی قرار گرفت:

معیار اطلاعات بیزی (BIC) (Biermann *et al.*, 2014): معیار اطلاعات بیزی از رابطه ۱ محاسبه می‌شود:

$$BIC = -2\log L + p\log(n - r) \quad \text{رابطه ۱}$$

در این رابطه p نشان‌دهنده تعداد پارامترهای تابع، n نشان‌دهنده اندازه‌ی نمونه (کل مشاهدات)، r رتبه ماتریس ضرایب اثرات ثابت در تابع و $\log L$ لگاریتم تابع درستنمایی است. مقادیر پایین‌تر برای BIC و AIC نشان‌دهنده برازش تابع مناسب‌تر است.

ضریب آکایک (AIC): از آماره AIC به منظور تصحیح خطای تابع برازش شده بر اساس تعداد پارامتر هر یک از آن‌ها استفاده می‌شود. رابطه این معیار به شرح زیر است:

$$AIC = -2\log L + 2p \quad \text{رابطه ۲}$$

اجزای این رابطه مانند رابطه‌ی ۱ می‌باشند. این آماره برای مقایسه توابع با تعداد پارامتر متفاوت کاربرد دارد.

میانگین مربعات خطا (MSE): با استفاده از معیار میانگین مربعات خطا (mean square error) اعتبار توابع مورد ارزیابی قرار می‌گیرد و برابر است با:

$$MSE = \frac{SSE}{n - p} \quad \text{رابطه ۳}$$

در این رابطه SSE مجموع مربعات خطا (sum square error) بوده و سایر اجزای آن مانند رابطه‌ی ۱ است.

ضریب تعیین تصحیح شده (R_{Adj}^2): در صورتی که تعداد پارامترهای توابع مورد مقایسه با یکدیگر متفاوت باشد، ضریب تعیین تصحیح شده می‌تواند به عنوان معیاری برای مقایسه نکویی برازش توابع مورد استفاده قرار گیرد. برای این منظور باید اثر مقیاس اندازه‌گیری مشاهدات تصحیح شود. ضریب تعیین تصحیح شده یکی از معیارهای مناسب برای اینگونه مقایسات است و به صورت زیر برآورد می‌شود:

$$R_{Adj}^2 = 1 - \left[\frac{(1 - R^2)n}{n - k} \right] \quad \text{رابطه ۴}$$

در این رابطه k درجه آزادی تابع، n اندازه نمونه و R^2 حاصل تقسیم مجموع مربعات رگرسیون بر مجموع مربعات کل است. توابع توصیف‌کننده منحنی رشد هر سویه، با بسته نرم‌افزاری [nlme](https://cran.r-project.org/web/packages/nlme/index.html) (https://cran.r-project.org/web/packages/nlme/index.html) نرم افزار R مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

یافته‌های پژوهش

معیار نکویی برازش و پارامترهای مدل پنج تابع رگرسیون غیر خطی گمپرتز، لجستیک، ریچاردز، لویز و وون برتالانفی برای بلدرچین وحشی و ایتالیایی بر اساس جنس آن‌ها، به ترتیب، در جدول ۴ و ۵ نشان داده شده است.

Table 4. The goodness of fit criteria for different growth models fitted to the wild and Italian speckled quail
جدول ۴. معیار نکویی برازش توابع منحنی رشد برای جنس نر و ماده بلدرچین سوبه‌ی وحشی و خالدار ایتالیایی

سویه	پارامتر	گمپرتز	لجستیک	لوپز	ریچاردز	وون برتالانفی
وحشی						
ماده						
AIC	۱۸۲۶۳۶/۷	۱۸۲۶۶۷/۷	۱۸۲۶۳۲/۴	۱۸۲۵۹۲/۰	۱۸۲۶۵۰/۲	۱۸۲۶۵۰/۲
BIC	۱۸۲۶۲۸/۱	۱۸۲۶۹۹/۱	۱۸۲۶۷۱/۶	۱۸۲۶۳۱/۳	۱۸۲۶۸۹/۴	۱۸۲۶۸۹/۴
MSE	۸۹۴/۸۲	۸۹۶/۲۹۳	۸۹۴/۵۷۴	۸۹۲/۶۷۳	۸۹۵/۴۱۶	۸۹۵/۴۱۶
R ² _{Adj}	۸۵/۶۹	۸۵/۶۷	۸۵/۷۰	۸۵/۷۳	۸۵/۶۸	۸۵/۶۸
نر						
AIC	۵۷۱۹۹/۰۲	۵۷۲۱۰/۷	۵۷۱۹۹/۸	۵۷۱۸۷/۹	۵۷۲۰۴/۳	۵۷۲۰۴/۳
BIC	۵۷۲۲۵/۷	۵۷۲۳۷/۴	۵۷۲۳۳/۱	۵۷۲۲۱/۳	۵۷۲۳۷/۷	۵۷۲۳۷/۷
MSE	۱۰۷۵/۸۲۱	۱۰۷۷/۹۷۸	۱۰۷۵/۷۷	۱۰۷۳/۵۹	۱۰۷۶/۶۲	۱۰۷۶/۶۲
R ² _{Adj}	۸۴/۷۵	۸۴/۷۳	۸۴/۷۵	۸۴/۷۸	۸۴/۷۴	۸۴/۷۴
خالداریتالیایی						
ماده						
AIC	۱۵۶۳۷/۹	۱۵۶۶۷/۸	۱۵۶۳۹/۹	۱۵۶۳۶/۹	۱۵۶۴۱/۸	۱۵۶۴۱/۸
BIC	۱۵۶۶۰/۰	۱۵۶۸۹/۸	۱۵۶۶۷/۴	۱۵۶۶۴/۵	۱۵۶۶۹/۴	۱۵۶۶۹/۴
MSE	۳۰۴/۵۲	۳۰۹/۵۴	۳۰۴/۶۸	۳۰۴/۱۹	۳۰۵/۰۰	۳۰۵/۰۰
R ² _{Adj}	۹۳/۰۹	۹۲/۹۸	۹۳/۰۹	۹۳/۱۰	۹۳/۰۸	۹۳/۰۸
نر						
AIC	۵۶۵۰/۶	۵۶۵۷/۵	۵۶۵۳/۳	۵۶۵۱/۱	۵۶۵۴/۰	۵۶۵۴/۰
BIC	۵۶۶۸/۴	۵۶۷۵/۴	۵۶۷۵/۶	۵۶۷۳/۴	۵۶۷۶/۳	۵۶۷۶/۳
MSE	۳۶۰/۶۳	۳۶۴/۵۴	۳۶۱/۶۰	۳۶۰/۶۴	۳۶۲/۰۰	۳۶۲/۰۰
R ² _{Adj}	۹۱/۸۱	۹۱/۷۲	۹۱/۷۸	۹۱/۷۹	۹۱/۷۸	۹۱/۷۸

نکویی برازش هر یک از توابع در جدول ۴ نشان داده شده است. در بلدرچین سویه‌ی وحشی، بر اساس معیار آکائیک، توابع ریچاردز در هر دو جنس ماده و نر به عنوان تابع بهتر (رتبه یک با کمترین مقدار آکائیک به ترتیب معادل ۱۸۲۵۹۲/۰ و ۵۷۱۸۷/۹) و تابع لجستیک نیز در هر دو جنس به عنوان تابع بدتر (رتبه چهارم با بیشترین مقدار آکائیک برای هر دو جنس ماده و نر معادل ۱۸۲۶۶۷/۷ و ۵۷۲۱۰/۷) بود. همچنین، توابع لوپز و گمپرتز در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند. نتایج حاصل از معیار اطلاعات بیزی برای جنس نر مشابه آماره‌ی آکائیک بود و تابع ریچاردز را به عنوان بهترین تابع معرفی نمود. در این آماره، تابع لوپز و وون برتالانفی بیشترین مقدار برای به ترتیب جنس ماده و نر (۱۸۲۶۷۱/۶ و ۵۷۲۳۷/۷) و توابع گمپرتز و ریچاردز کمترین مقدار برای به ترتیب دو جنس ماده و نر (۱۸۲۶۲۸/۱ و ۵۷۲۲۱/۳) را داشتند. رتبه توابع مختلف توصیف‌کننده الگوی رشد با استفاده از میانگین مربعات خطا نیز تأییدکننده معیار آکائیک بود، یعنی توابع ریچاردز کمترین مقدار برای دو جنس ماده و نر (۸۹۲/۶۷ و ۱۰۷۳/۵۹) و تابع لجستیک بیشترین مقدار (۸۹۶/۲۹ و ۱۰۷۷/۹۸) را داشت. همچنین، بر اساس ضریب تبیین تصحیح شده تفاوت‌چندانی بین توابع وجود نداشت و همه در یک سطح بودند (از ۸۵/۶۷ تا ۸۵/۷۳ برای جنس ماده و از ۸۴/۷۳ تا ۸۴/۷۸ برای جنس نر). به‌طور کلی با در نظر گرفتن چهار معیار بررسی نکویی برازش توابع منحنی رشد در دو جنس ماده و نر بلدرچین سویه وحشی، می‌توان گفت تابع ریچاردز مناسب‌ترین تابع برای این داده‌ها است.

برای توصیف منحنی رشد بلدرچین خالداریتالیایی در دو جنس ماده و نر نیز پنج تابع برازش شد (جدول ۴). بر اساس معیار آکائیک، توابع ریچاردز و گمپرتز با کمترین مقدار AIC بهترین تابع برای دو جنس ماده و نر (۱۵۶۳۶/۹ و ۱۵۶۴۱/۸) و تابع لجستیک تابع نامناسب‌تر (۱۵۶۶۷/۸ و ۱۵۶۵۷/۵) بود. بر اساس این معیار، توابع گمپرتز و لوپز برای جنس ماده و توابع ریچاردز و لوپز برای جنس نر در رتبه‌های دوم و سوم قرار گرفتند. نتایج حاصل از معیار اطلاعات بیزی نیز به این صورت بود که تابع گمپرتز تابع بهتر (۱۵۶۶۰/۰ و ۵۶۶۸/۴) و توابع لجستیک و وان برتالانفی توابع بدتر برای به ترتیب ماده و نر (۱۵۶۸۹/۸ و ۵۶۷۶/۳) بودند. بر اساس این معیار، تابع ریچاردز، لوپز و وان برتالانفی برای جنس ماده و توابع ریچاردز، لجستیک و لوپز در جنس نر رتبه‌های

دوم تا چهارم را داشتند. در رتبه‌بندی توابع بر اساس میانگین مربعات خطا (MSE) توابع مناسب برای توصیف منحنی رشد به ترتیب توابع ریچاردز (۳۰۴/۱۹)، تابع گمپرتز (۳۰۴/۵۲)، لوپز (۳۰۴/۶۸)، وان برتالانفی (۳۰۵/۰) و لجستیک (۳۰۹/۵۴) برای جنس ماده و توابع گمپرتز (۳۶۰/۶۳)، ریچاردز (۳۶۰/۶۴)، لوپز (۳۶۱/۶۰)، وان برتالانفی (۳۶۲/۰) و لجستیک (۳۶۴/۵۴) برای جنس نر بودند. همچنین، بر اساس ضریب تصحیح تبیین شده R_{Adj}^2 تفاوت چندانی بین توابع وجود نداشت که نشان دهنده این است که تمامی توابع به خوبی برازش شدند. همینطور، براساس معیارهای دیگر بخصوص میانگین مربعات خطا، درست است که تابع ریچاردز برای جنس ماده و تابع گمپرتز برای جنس نر نتایج مناسب‌تری را نشان داد ولی با توجه به مقادیر نکویی برازش، باقی توابع نیز نتایج نزدیکی با هم داشتند. در جدول ۵ پارامترهای مختلف برآورد شده با استفاده از پنج تابع توصیف‌کننده منحنی رشد در دو سویه بلدرچین ژاپنی وحشی و خالدار ایتالیایی به تفکیک دو جنس نر و ماده نشان داده شده است.

Table 5: Estimated parameters from Gompertz, Logistic, Richards, Lopez and von Bertalanffy growth models on body weights data of wild Japanese and Italian speckled quails

جدول ۵. پارامترهای برآورد شده توسط توابع رشد گمپرتز، لجستیک، ریچاردز، لوپز و وون برتالانفی برآورد شده با استفاده از داده‌های وزن بدن دو سویه‌ی بلدرچین وحشی و خالدار ایتالیایی

سویه وحشی ماده	تابع	$W_0 \pm SE$	$W_t \pm SE$	$K \pm SE$	$m \pm SE$
ماده	گمپرتز	$5/368 \pm 0/225$	$30/180 \pm 3/225$	$0/057 \pm 0/001$	-
	لجستیک	$10/720 \pm 0/220$	$240/600 \pm 1/293$	$0/119 \pm 0/001$	-
	لوپز	$10/771 \pm 0/530$	$346/156 \pm 7/834$	$35/428 \pm 0/756$	$2/234 \pm 0/041$
	ریچاردز	$7/780 \pm 0/409$	$266/156 \pm 4/357$	$0/081 \pm 0/004$	$0/383 \pm 0/061$
	وون برتالانفی	$11/140 \pm 0/535$	$319/700 \pm 6/298$	$0/046 \pm 0/002$	$0/349 \pm 0/011$
نر	گمپرتز	$5/485 \pm 0/443$	$298/500 \pm 5/122$	$0/061 \pm 0/0001$	-
	لجستیک	$11/460 \pm 0/444$	$246/700 \pm 2/234$	$0/122 \pm 0/002$	-
	لوپز	$11/311 \pm 1/069$	$339/465 \pm 12/192$	$32/713 \pm 1/129$	$2/252 \pm 0/076$
	ریچاردز	$8/084 \pm 0/826$	$269/700 \pm 6/981$	$0/084 \pm 0/007$	$0/367 \pm 0/109$
	وون برتالانفی	$11/700 \pm 1/080$	$311/900 \pm 9/319$	$0/051 \pm 0/003$	$0/342 \pm 0/020$
خالدار ایتالیایی ماده	گمپرتز	$4/906 \pm 0/443$	$245/000 \pm 4/725$	$0/061 \pm 0/002$	-
	لجستیک	$10/030 \pm 0/443$	$203/700 \pm 2/114$	$0/120 \pm 0/002$	-
	لوپز	$8/814 \pm 1/064$	$289/375 \pm 12/976$	$33/664 \pm 1/499$	$2/142 \pm 0/085$
	ریچاردز	$6/141 \pm 0/836$	$231/100 \pm 7/934$	$0/073 \pm 0/007$	$0/194 \pm 0/098$
	وون برتالانفی	$9/155 \pm 1/075$	$262/200 \pm 9/584$	$0/048 \pm 0/003$	$0/370 \pm 0/025$
نر	گمپرتز	$4/676 \pm 0/798$	$229/990 \pm 7/011$	$0/066 \pm 0/003$	-
	لجستیک	$9/943 \pm 0/813$	$196/700 \pm 3/352$	$0/125 \pm 0/004$	-
	لوپز	$8/841 \pm 1/958$	$265/874 \pm 18/172$	$30/690 \pm 2/104$	$2/185 \pm 0/156$
	ریچاردز	$6/284 \pm 1/523$	$216/603 \pm 10/699$	$0/081 \pm 0/013$	$0/249 \pm 0/115$
	وون برتالانفی	$9/117 \pm 1/983$	$241/800 \pm 13/020$	$0/054 \pm 0/006$	$0/359 \pm 0/043$

همانطور که در این جدول مشاهده می‌شود، در مورد دقت برآوردها نسبت به رکوردهای مشاهده شده (جدول ۱ و ۲) برای پارامتر W_0 یا وزن اولیه در هر دو جنس بلدرچین سویه وحشی، تابع ریچاردز دقیق‌ترین برآورد را داشته است و در سویه خالدار ایتالیایی هرچند برآورد تابع لوپز کمی نزدیک‌تر از ریچاردز به مقدار مشاهده شده بوده است، ولی در عین حال خطای استاندارد بالاتری داشته

است. برای پارامتر W_f یا وزن پایانی نیز در هر دو سویه بلدرچین وحشی و خالدار ایتالیایی برای هر دو جنس ماده و نر، تابع لجستیک بهترین عملکرد را داشته است. در اینجا تابع ریچاردز برای هر دو سویه و در هر دو جنس، در جایگاه دوم قرار دارد. در نمودار ۱ و ۲ داده‌های واقعی به همراه داده‌های برآورد شده توسط توابع رشد گمپرتز، لجستیک، ریچاردز، لویز و وون برتالانفی دو سویه بلدرچین وحشی و خالدار ایتالیایی نشان داده شده است. چنانچه مشاهده می‌شود، منحنی بدست آمده از توابع رشد مختلف در بلدرچین ژاپنی سویه وحشی با منحنی داده‌های واقعی کاملاً منطبق است. هرچند مقدار R^2_{Adj} برای توابع مختلف در بلدرچین ژاپنی سویه وحشی بیشتر از ۹۰ درصد برآورد شد، ولی با توجه به جدول ۲ تابع ریچاردز با اختلاف کمی بهترین عملکرد را داشت. با وجود این در مورد بلدرچین خالدار ایتالیایی تابع گمپرتز علی‌رغم اینکه بر اساس آماره BIC به عنوان مناسب‌ترین تابع معرفی شد، اما توصیف‌کننده مناسبی برای رشد در سویه خالدار ایتالیایی نیست. بنابراین، مقایسه نتایج مندرج در جدول ۴ و نمودار ۲ نشان می‌دهد مناسب‌ترین تابع برای توصیف الگوی رشد در بلدرچین خالدار ایتالیایی (همانند سویه وحشی)، تابع ریچاردز است. علاوه بر این‌ها، معیار R^2_{Adj} در سویه خالدار ایتالیایی کمی بالاتر از سویه وحشی بود که با توجه به ضریب تغییرات پایین‌تر در سویه خالدار ایتالیایی (جدول ۱ و ۲)، نشان‌دهنده‌ی همگن‌تر بودن رکوردها در این سویه است.

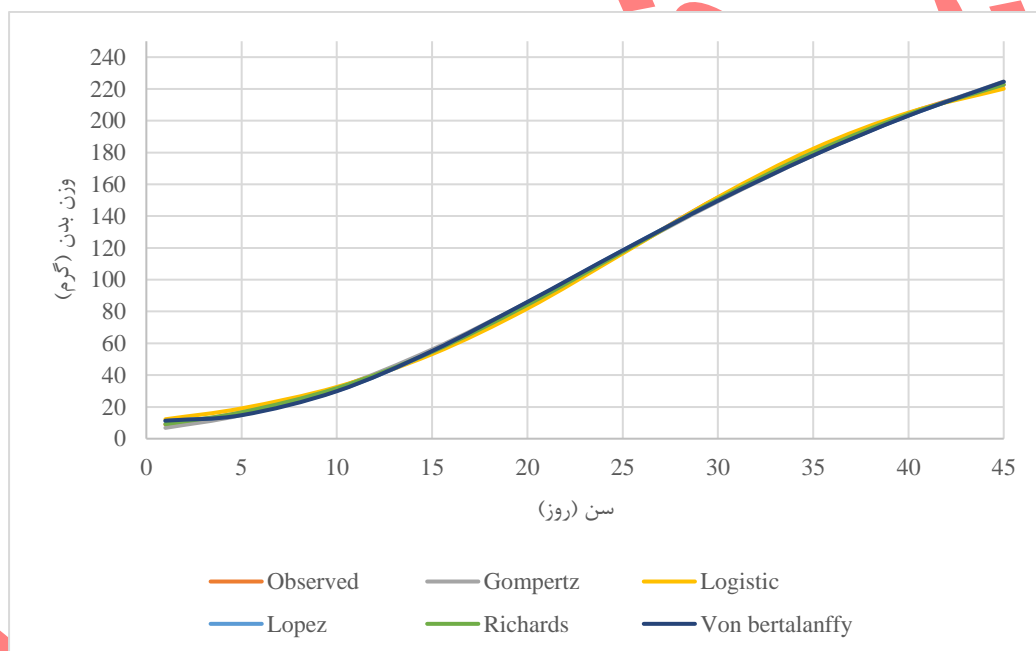


Figure 1. Comparison of the growth curve obtained from real data with estimated values in Japanese quail

شکل ۱. مقایسه‌ی منحنی رشد بدست آمده از مقدار مشاهده شده با مقادیر برآورد شده توسط توابع برازش شده در بلدرچین ژاپنی سویه وحشی

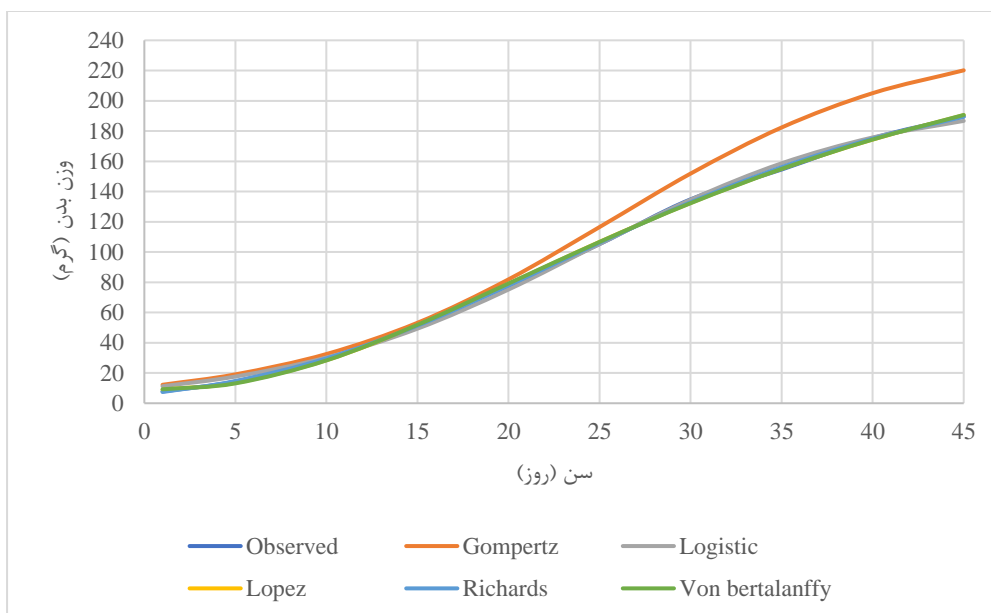


Figure 1. Comparison of the growth curve obtained from real data with estimated values in Italian speckled quail
شکل ۲. مقایسه منحنی رشد به دست آمده از مقدار مشاهده شده با مقادیر برآورد شده توسط توابع برازش شده در بلدرچین خالدار ایتالیایی

بحث

اغلب توابع توصیف کننده منحنی های با شکل سیگموئیدی که به عنوان منحنی رشد معروف شده اند قدمتی طولانی دارند، اما مطالعه توابع رشد در بلدرچین تنها نزدیک به سه دهه می گذرد (Gebhardt-Henrich & Marks, 1993). با وجود این در اغلب مطالعات تنها یک تابع رشد به منظور مقایسه گروه های مختلف پرندگان (گروه بندی بر اساس نژاد، سویه، تیمار غذایی، هدف انتخاب و ...) مورد بررسی قرار گرفت و پارامترهای تابع رشد در هر گروه با یکدیگر مقایسه شد. در بررسی الگوی رشد دو لاین سبک و سنگین وزن بلدرچین، که طی ۳۰ نسل انتخاب واگرا برای وزن ۴ هفته ای ایجاد شده بودند، نشان داده شد که انتخاب بطور معنی داری پارامترهای منحنی رشد را تحت تاثیر قرار می دهد (Aggrey *et al.*, 2003). بر همین اساس، می توان نتیجه گرفت که در نژادهای مختلف پرندگان از جمله بلدرچین که اهداف انتخاب و تولید متفاوتی دارند پارامترهای منحنی رشد بطور معنی داری تحت تاثیر قرار می گیرد. در یک مطالعه برای مدل سازی الگوی رشد بوقلمون از توابع غیر خطی گمپرتز، لجستیک، مورگان-مرکز-فلودین (Morgan-Mercer-Flodin; MMF) و ریچارد استفاده شد و با در نظر گرفتن معیارهای مختلف انتخاب تابع، توابع گمپرتز، لجستیک و ریچاردز به عنوان مناسب ترین توابع برای توصیف الگوی رشد در بوقلمون بزرگ سفید معرفی شدند (Sengul & Kiraz, 2005). در مطالعه دیگری بر روی مرغان بومی کره ای سه تابع غیر خطی گمپرتز، لجستیک و وون برتالانفی مورد مقایسه قرار گرفت و تابع لجستیک به عنوان تابع مناسب در نظر گرفته شد. در مقایسه توابع گمپرتز، وون برتالانفی، برودی و لجستیک بر روی داده های بیست هفته وزن بدن در کبک تابع گمپرتز به عنوان مناسب ترین تابع در نظر گرفته شد (Sariyel *et al.*, 2017).

در یک مطالعه بر روی هفت سویه بلدرچین، مناسب ترین تابع برای سویه های وحشی و خالدار ایتالیایی تابع گمپرتز برآورد شد (Faraji-Arough *et al.*, 2018). در مطالعه مزبور، تعداد رکورد بلدرچین سویه وحشی و خالدار ایتالیایی (به ترتیب ۸۳ و ۱۳۶) کمتر از مطالعه حاضر بود و فاصله بین دو وزن کشتی متوالی نیز که تا سن ۴۲ روزگی، یک هفته بود. بنابراین، در روش رکورد برداری هفتگی در مجموع ۷ رکورد و در روش وزن کشتی با فواصل ۵ روزه، ۱۰ رکورد مورد استفاده قرار گرفت. با توجه به دقیق تر بودن برازش ها در مطالعه حاضر، به نظر می رسد در نظر گرفتن تعداد بیشتری از رکوردهای وزن بدن با فواصل کمتر (پنج روز در مطالعه حاضر در

مقایسه با هفت روز در سایر مطالعات)، موجب مناسب شدن تابع با پارامترهای بیشتر (ریچاردز در مقایسه با گمپرتز) شد. همچنین، علاوه بر تعداد رکورد بیشتر و فواصل کمتر، ممکن است شیوه پرورش پرندگان در شرایط نیمه متراکم نیز بر روی این وضعیت موثر باشد. مقایسه توابع گمپرتز، لجستیک، گمپرتز-لایرد و الگوریتم ژنتیک که بر روی داده‌های وزن بدن یک جمعیت آمیخته جوجه‌گوشی انجام شد نشان داد که صرف نظر از مناسب‌ترین تابع توصیف‌کننده الگوی رشد، مقایر باقی‌مانده (حاصل تفاضل مقدار واقعی از مقدار برآورد شده توسط تابع) مرتبط با هر تابع نسبت به تابع دیگر متفاوت است (Roush & Branton, 2005). از طرفی مدل‌سازی بر روی داده‌های منحنی رشد تحت تاثیر پیچیدگی تابع نیز می‌باشد؛ بطوری که اغلب توابع توصیف‌کننده منحنی رشد دارای سه پارامتر هستند و برخی توابع داری چهار پارامتر می‌باشند. لذا مقایسه توابع مختلف نشان داد که توابع غیرخطی بر روی داده‌های وزن بدن به خوبی برازش می‌شوند، ولی پیچیدگی خود تابع ممکن است به گونه‌ای باشد که منجر به نتایج قابل قبولی نگردد (Roush & Branton, 2005). تابع ریچاردز بدلیل توانایی در تناسب دادن انواع منحنی‌های سیگموئیدی انعطاف مناسبی نسبت به داده‌های مورد استفاده در مطالعه حاضر دارد (Richards, 1959).

نتیجه‌گیری

با توجه به نزدیکی مقادیر نکویی برازش در توابع مختلف می‌توان نتیجه گرفت که همه‌ی توابع عملکرد خوبی روی داده‌های وزنی این دو سویه بلدرچین داشتند. ولی بر اساس نتایج مطالعه حاضر به‌طور کلی تابع رشد ریچاردز برای توصیف الگوی رشد در هر دو سویه بلدرچین وحشی ژاپنی و خالدار ایتالیایی و برای هر دو جنس ماده و نر عملکرد بهتری داشت که می‌تواند به‌عنوان یک تابع مناسب برای این صفت معرفی شود. با توجه به دو منظوره بودن این دو سویه بلدرچین وحشی ژاپنی و خالدار ایتالیایی و سیستم مدیریت یکسان برای پرورش این دو سویه در پژوهش حاضر می‌توان نتیجه گرفت که الگوری رشد این دو سویه در پژوهش حاضر یکسان بوده است. الگوی رشد نسبتاً مشابه و توابع یکسان توصیف‌کننده رشد در دو سویه‌ی بلدرچین وحشی ژاپنی و خالدار ایتالیایی مؤید این نکته است که این دو سویه تشابهات زیادی از نظر الگوی رشد دارند و امکان پرورش توأم آنها تحت یک مدیریت واحد وجود دارد. مطالعه حاضر نشان داد افزایش تعداد رکورد و کوتاه شدن فواصل وزن‌کشی می‌تواند بر روی تعیین تابع مناسب مؤثر باشد.

References

- فرجی آروق، هادی؛ رکوعی، محمد و مقصودی، علی (۱۳۹۸). بررسی اثر سویه و جنس بر فراسنجه‌های بیوشیمیایی سرم خون و صفات رشد بلدرچین. *علوم دامی*، ۳۲(۱۲۳)، ۳۱-۴۶.
- محمدی-تیغ‌سیاه، ایوب؛ مقصودی، علی؛ باقرزاده کاسمانی، فرزاد؛ رکوعی، محمد و فرجی-آروق، هادی (۱۳۹۹). برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در دوره پایانی رشد و ایمنی همورال در بلدرچین ژاپنی. *علوم دامی ایران*، ۵۱(۱)، ۱۷-۲۵.
- محمودی زرنندی، مژده؛ رکوعی، محمد؛ وفای‌واله، مهدی و مقصودی، علی (۱۳۹۹). برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات افزایش وزن بدن و بازده مصرف خوراک در بلدرچین ژاپنی. *تولیدات دامی*، ۲۲(۱)، ۹-۲۲.
- Aggrey, S.E., Ankra-Badu, G.A., and Marks, H.L. (2003). Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poultry Science* 82, 538-542.
- Biermann, A.D., Pimentel, E.C., Tietze, M., Pinent, T., and Konig, S. (2014). Implementation of genetic evaluation and mating designs for the endangered local pig breed 'Bunte Bentheimer'. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 36-45.
- Buzala, M., Janicki, B., and Czarnecki, R. (2015). Consequences of different growth rates in broiler breeder and layer hens on embryogenesis, metabolism and metabolic rate: A review. *Poultry Science* 94, 728-733.

- Cabrales, L.E., Nava, J.J., Aguilera, A.R., Joa, J.A., Ciria, H.M., Gonzalez, M.M., Salas, M.F., Jarque, M.V., Gonzalez, T.R., Mateus, M.A., et al. (2010). Modified Gompertz equation for electrotherapy murine tumor growth kinetics: predictions and new hypotheses. *BMC Cancer* 10, 589.
- Dufosse, L., De La Broise, D., and Guerard, F. (2001). Evaluation of nitrogenous substrates such as peptones from fish: a new method based on Gompertz modeling of microbial growth. *Current Microbiology* 42, 32-38.
- Faraji Arough, H., Rokouei, M., Maghsoudi, A., and Mehri, M. (2019). Evaluation of Non-linear Growth Curves Models for Native Slow-growing Khazak Chickens. *Poultry Science Journal* 7, 25-32.
- Faraji-Arough, H., Rokouei, M., and Maghsoudi, A. (2019). Examination the strain and sex effect on blood serum biochemical parameters and growth traits of quail. *Animal Sciences Journal* 32, 31-46. (In Persian)
- Faraji-Arough, H., Rokouei, M., Maghsoudi, A., and Ghazaghi, M. (2018). Comparative study of growth patterns in seven strains of Japanese quail using nonlinear regression modeling. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences* 42, 441-451.
- Gebhardt-Henrich, S.G., and Marks, H.L. (1993). Heritabilities of growth curve parameters and age-specific expression of genetic variation under two different feeding regimes in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). *Genetical Research* 62, 45-55.
- Hyankova, L., Knizetova, H., Dedkova, L., and 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.
- Lopez, S., France, J., Dhanoa, M.S., Mould, F., and Dijkstra, J. (2000). A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. *Journal of Animal Science* 78, 1816-1828.
- Mahmoudi Zarandi, M., Rokouei, M., Vafaei Valleh, M., and Maghsoudi, A. (2020). Estimation of genetic parameters for body weight gain and feed efficiency traits in Japanese quail. *Animal Production* 22, 9-22. (In Persian)
- Mohammadi-Tighsiah, A., Maghsoudi, A., Bagherzadeh-Kasmani, F., Rokoei, M., and Faraji-arough, H. (2020). Estimates of genetic parameters for body weights at late growth period and humoral immunity in Japanese quail. *Iranian Journal of Animal Science* 51, 17-25. (In Persian)
- Mohammadi-Tighsiah, A., Maghsoudi, A., Bagherzadeh-Kasmani, F., Rokouei, M., and Faraji-Arough, H. (2018). Bayesian analysis of genetic parameters for early growth traits and humoral immune responses in Japanese quail. *Livestock Science* 2018, 197-202.
- Porter, T., Kebreab, E., Darmani Kuhl, H., Lopez, S., Strathe, A.B., and France, J. (2010). Flexible alternatives to the Gompertz equation for describing growth with age in turkey hens. *Poultry Science* 89, 371-378.
- Richards, F. J. 1959. A flexible growth function for empirical use. *Journal of experimental Botany*, 10, 290-301.
- Roush, W.B., and Branton, S.L. (2005). A comparison of fitting growth models with a genetic algorithm and nonlinear regression. *Poultry Science* 84, 494-502.
- Roush, W.B., Dozier, W.A., 3rd, and Branton, S.L. (2006). Comparison of Gompertz and neural network models of broiler growth. *Poultry Science* 85, 794-797.
- Sariyel, V., Aygun, A., and Keskin, I. (2017). Comparison of growth curve models in partridge. *Poultry Science* 96, 1635-1640.

- Schon, C.C., and Simianer, H. (2015). Resemblance between two relatives - animal and plant breeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132, 1-2.
- Sengul, T., and Kiraz, S. (2005). Non-linear models for growth curves in large white turkeys. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science* 29, 331-337.
- Simianer, H., and Sorensen, P. (2016). ICQG 5 on Madison's Isthmus links genomics and statistics of complex traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 133, 249-250.
- Stratz, P., Wimmers, K., Meuwissen, T.H., and Bennewitz, J. (2014). Investigations on the pattern of linkage disequilibrium and selection signatures in the genomes of German Pietrain pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 473-482.
- Tavaniello, S., Maiorano, G., Siwek, M., Knaga, S., Witkowski, A., Di Memmo, D., and Bednarczyk, M. (2014). Growth performance, meat quality traits, and genetic mapping of quantitative trait loci in 3 generations of Japanese quail populations (*Coturnix japonica*). *Poultry Science* 93, 2129-2140.
- Tompic, T., Dobsa, J., Legen, S., Tompic, N., and Medic, H. (2011). Modeling the growth pattern of in-season and off-season Ross 308 broiler breeder flocks. *Poultry Science* 90, 2879-2887.
- von Bertalanffy, L. (1957). Quantitative laws for metabolism and growth. *Q Rev Biol* 32, 217-231.

Extended Abstract

Introduction

The global population growth and diversification of food preferences have led to an increase in the consumption of quail meat and eggs worldwide. Quail has become one of the smallest domesticated birds raised for egg and meat production due to its desirable characteristics. Numerous studies have been conducted on the genetic capacity of quail growth, body weight yield, and growth curve. Growth is an essential biological indicator that refers to an increase in body mass per unit of time. Growth curve parameters that can be interpreted biologically can correct the changes caused by the environment. The aim of this research is to compare some parameters of the growth curve in two wild and spotted Italian quail strains.

Methodology

The present investigation was carried out at the Special Livestock Research Institute of Zabul University. The study employed growth data from 1182 wild quails, comprising 905 females and 277 males, and 674 Italian spotted quails, comprising 499 females and 175 males. Prior to incubation, the eggs were collected, numbered, and disinfected. The chicks were identified by assigning a flight number immediately after hatching, and their one-day weight was recorded with an accuracy of 0.01 g. The birds were weighed at five-day intervals until the age of 45 days. The growth curve parameters were estimated using Gompertz, Logistic, Lopez, Richards, and von Bertalanffy functions. The functions were analyzed using the R software package nlme.

Results

Tables 4 and 5 show the goodness of fit criterion and parameters of the five nonlinear regression functions Gompertz, Logistic, Richards, Lopez, and Von Bertalanffy for wild and Italian quail based on their species. Table 4 displays the goodness of fit for each function. In wild quail, the Richards function was the best function for both female and male sexes based on the Akaike criterion, with the lowest Akaike value of 182592. 0 and 57187. 90, respectively. The logistic function was the worst function for both sexes, with the highest Akaike value of 182667. 70 and 57210. 70. The Bayesian information criterion gave similar results, with the Richards function being the best function for both sexes. Based on the mean squared error, the Richards function had the lowest value for both male and female sexes. Overall, the Richards function was the most suitable function for describing the growth curve in both female and male wild strain quail. For Italian spotted quail, the Richards and Gompertz functions were the best functions for both female and male sexes based on the Akaike criterion, with the lowest AIC value of 15636. 90 and 5650. 60, respectively. The logistic function was the worst function for both sexes, with the highest AIC value of 15667. 80 and 5657. 50. The Bayesian information criterion gave similar results, with the Gompertz function being the best function for both sexes.

Discussion

The study of growth functions in quail has been conducted for approximately three decades, in contrast to the long history of sigmoid-shaped curves commonly referred to as growth curves. Most studies have investigated only one growth function to compare different groups of birds based on breed, strain, food treatment, selection purpose, and other factors. However, selection significantly affects the parameters of the growth curve in different breeds of birds, including quail. Various nonlinear functions have been used to model the growth pattern of different bird species. The present study suggests that using a function with more parameters, such as Richards, may lead to more accurate fits. The complexity of the function itself may affect the modeling of growth curve data.

Conclusion

After analyzing the goodness of fit values of various functions, it can be inferred that all functions performed well in describing the weight data of the two quail strains under consideration. However, the results of this study indicate that Richard's growth function was more effective in characterizing the growth pattern of both male and female wild Japanese and spotted Italian quail strains. Therefore, it can be recommended as a suitable function for this trait.

Given that the two strains were managed under the same breeding system in this study, it can be concluded that their growth patterns were similar. The comparable growth patterns and the use of the same functions to describe growth in both strains further support the notion that they share many similarities in terms of growth. Consequently, it is feasible to breed these two strains together under a single management system. This study also highlights the importance of increasing the number of records and shortening the weighting intervals to determine the appropriate function effectively.