

DOI: 10.22034/AS.2022.40879.1577

برآورد وراثت‌پذیری، همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی برای خصوصیات منحنی رشد بلدرچین ژاپنی

راضیه ساقی^{۱*} و داوودعلی ساقی^۲

تاریخ دریافت: ۹۹/۵/۴ تاریخ پذیرش: ۹۹/۹/۱۷

^۱دانش‌آموخته دکتری ژنتیک و اصلاح دام

^۲دانشیار گروه علوم دامی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی

*مسئول مکاتبه: Email: saghi9099@yahoo.com

چکیده

زمینه مطالعاتی: صفات رشد به عنوان یکی از ویژگی‌های شناخته شده موجودات زنده، به دلیل ارتباط مستقیمی که با سود اقتصادی دارند، از اهمیت ویژه‌ای برخوردارند. منحنی رشد، تغییرات وزن بدن حیوان را در بازه‌های مختلف زندگی حیوان نشان می‌دهد و توصیف ژنتیکی منحنی رشد در تعیین راهبردهای انتخاب به منظور تغییر شکل منحنی رشد می‌تواند مفید باشد. **هدف:** برآورد وراثت‌پذیری، همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی برای پارامترهای منحنی رشد و صفات مختلف وزن بدن در بلدرچین ژاپنی می‌باشد. **روش کار:** از داده‌های ۲۰۳۵ قطعه بلدرچین، نتایج حاصل از ۲۴۲ بلدرچین نر و ۲۴۲ بلدرچین ماده که طی سال‌های ۱۳۹۸-۱۳۹۶ در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. پرندگان از زمان هچ تا ۴۲ روزگی به فاصله ۷ روز و در طی چهار نسل، به طور انفرادی وزن‌کشی شدند. به منظور شناسایی عوامل ثابت مؤثر بر صفات از مدل خطی رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده شد. برای مقایسه میانگین صفات در سطوح مختلف اثرات ثابت، از آزمون توکی و برای تخمین پارامترهای منحنی رشد، از مدل رگرسیون غیرخطی استفاده شد. اجزای (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی منحنی رشد و صفت وزن بدن در سنین مختلف حداکثر درست‌نمایی محدود شده با استفاده از تجزیه و تحلیل چند صفتی توسط نرم‌افزار DMU برآورد شدند. **نتایج:** متوسط پارامترهای تابع غیرخطی گمپرتز شامل، وزن مجانب (a)، نرخ رشد (b) نرخ بلوغ (k)، به ترتیب ۲۹۸/۵۸، ۳/۵ و ۰/۵۳ برآورد شدند. وراثت‌پذیری وزن هچ، ۱، ۲، ۳، ۴، ۵ و ۶ هفته‌گی به ترتیب ۰/۳۵، ۰/۴۵، ۰/۴۴، ۰/۴۲، ۰/۴۵ و ۰/۴۵، ۰/۹۶ و ۰/۷۲ برآورد گردید. قوی‌ترین همبستگی ژنتیکی بین وزن ۳-۴ هفته‌گی (۰/۹۳) و ۱-۲ هفته‌گی (۰/۹۲) و بیشترین همبستگی فنوتیپی هم بین ۳-۴ هفته‌گی (۰/۸۳) مشاهده شد. **نتیجه‌گیری نهایی:** نتایج حاصل از این مطالعه پیشنهاد می‌کند که به منظور افزایش بازده تولید، انتخاب بر اساس پارامترهای منحنی رشد به جای انتخاب برای وزن بدن صورت گیرد.

واژگان کلیدی: بلدرچین، پارامترهای منحنی رشد، همبستگی ژنتیکی، همبستگی فنوتیپی

مقدمه

صفات رشد از مهمترین صفات دام‌های اهلی برای تولید گوشت می‌باشد، که از نظر اقتصادی اهمیت فراوان دارند. مدل‌های رشد جهت بیان میزان ظرفیت رشد و نسبت آماری بین سن و وزن بدن استفاده و به‌صورت غیر خطی محاسبه می‌شود (کام و همکاران ۲۰۱۰). این مدل‌ها قادرند رشد را در فواصل مختلف زمانی پیش‌بینی کنند (درمانی کوهی و همکاران ۲۰۱۸) و ابزاری کارآمد برای درک تاثیر محیط بر صفات رشد و بهبود این صفات هستند (لوییل و همکاران ۲۰۱۰). در واقع مدل‌های رشد توابع ریاضی هستند که برای ترسیم الگوی رشد و وزن بدن بکار می‌روند (نیکخواه و همکاران ۲۰۱۰). الگوی رشد در گونه‌های طیور به صورت سیگموئیدی یا S شکل است و سه مرحله دارد: مرحله رشد سریع، مرحله رشد خطی و مرحله رشد کند که به بلوغ دام منتهی می‌شود (وحید و همکاران ۲۰۱۱). در نقطه عطف منحنی، نرخ رشد به حداکثر مقدار خود می‌رسد و سن رسیدن به نقطه عطف بیانگر طول مرحله افزایشی رشد می‌باشد و سنی است که حیوان، سریع‌ترین رشد خود را نشان می‌دهد (گیل ۲۰۱۱). با انتخاب می‌توان شکل منحنی رشد را تغییر داد و باعث افزایش وزن بدن شد (آنتونی و همکاران ۱۹۹۶)، هر چند انتخاب به منظور افزایش وزن بدن، اثرات نامطلوبی مانند چاقی، مشکلات پا و سندرم مرگ ناگهانی را در طیور به همراه دارد. محققین زیادی برای مدل سازی پدیده رشد از مدل‌های رگرسیون خطی و غیر خطی استفاده کرده‌اند. مدل‌های سیگموئیدی غیر خطی به دلیل داشتن تعداد محدود پارامتر، نسبت به مدل‌های خطی قابل اعتمادتر هستند (ووری ۲۰۰۶) و برازش بهتری از داده‌ها دارند (لمب و همکاران ۲۰۰۶). به همین دلیل در بیشتر موارد پیش‌بینی رشد در دام‌های اهلی از توابع رگرسیون غیر خطی سه پارامتری (مانند گمپرتز، لجستیک، برودی و ون برتالانفی) و چهار پارامتری (ریچارد) استفاده می‌شود. بر حسب نژاد دام و جمعیت مورد بررسی یک تابع رشد نتایج مختلفی ارائه می‌دهد،

بنابراین لازم است تا مدل سازی رشد برای هر گله به طور جداگانه انجام شود (بحرینی بهزادی ۲۰۱۵). مدل گومپرتز به عنوان یکی از مدل‌های غیرخطی مناسب در اکثر نژادها می‌تواند در تعیین مشکلات مدیریتی و عملکردی مورد استفاده قرار گیرد. همچنین بدلیل اهمیت اقتصادی وزن بلوغ و نرخ رشد، استفاده از مدل رشد گومپرتز در پیش بینی سن مناسب رسیدن به وزن بلوغ می‌تواند مفید باشد. نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که عوامل محیطی تاثیر مهم و معنی‌داری بر پارامترهای منحنی رشد دارند. بنابراین با تغییر مدیریت و بهبود عوامل محیطی امکان تغییر منحنی رشد وجود دارد. همچنین نتایج به دست آمده از برآورد پارامترهای ژنتیکی نشان می‌دهد که متغیرهای منحنی رشد دارای وراثت پذیری متوسطی می‌باشند و بدلیل وجود همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین پارامترها امکان انتخاب و بهبود این صفت در گله وجود دارد (لویی و همکاران ۲۰۱۵).

بررسی‌های زیادی روی صفات رشد بلدرچین‌ها مانند پارامترهای منحنی رشد و کیفیت گوشت (اکباس و یایلاک ۲۰۰۰، نارینس و همکاران ۲۰۱۰ و اوزسوی ۲۰۱۹a)، پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در سنین مختلف در بلدرچین ژاپنی (دایکو و همکاران ۲۰۱۴، باربری و همکاران ۲۰۱۵، کپلان و همکاران ۲۰۱۶ و اوزسوی ۲۰۱۹b)، مقایسه منحنی‌های رشد و تغییرات ژنتیکی در مدل‌های رشد (نارینس و همکاران ۲۰۱۰، کاراباک و همکاران ۲۰۱۷ و کپلان و گورکان ۲۰۱۸) و تخمین پارامترهای ژنتیکی برای صفات اقتصادی، وراثت پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی در صفات مختلف وزن بدن در بلدرچین ژاپنی (فین کو و همکاران ۲۰۱۶، گتوزو و همکاران ۲۰۱۸ و اوزسوی ۲۰۱۹b) صورت گرفته است، اما مطالعاتی که برآورد وراثت پذیری پارامترهای منحنی رشد، همبستگی‌های ژنتیکی بین این پارامترها و همبستگی ژنتیکی بین پارامترهای منحنی رشد و صفات دیگر مانند صفات رشد، تولید، ضریب تبدیل و صفات

شامل رکوردهای وزن بدن در سنین مختلف (۱، ۷، ۱۴، ۲۱، ۲۸، ۳۵ و ۴۵ روزگی) بودند. به منظور شناسایی عوامل ثابت موثر بر صفات و تصمیم‌گیری مدل‌های نهایی ارزیابی ژنتیکی، از مدل خطی و رویه GLM نرم-افزار SAS (نسخه ۹/۲) استفاده شد. برای مقایسه میانگین صفات در سطوح مختلف اثرات ثابت، از آزمون توکی استفاده گردید. عوامل ثابت در این مطالعه شامل سال (در دو سطح) و ماه تولد جوجه‌ها (در چهار سطح) و نوبت هچ (در سه سطح) بود.

تخمین پارامترهای منحنی رشد در گله مورد مطالعه از مدل رگرسیون غیر خطی گمپرتز (معادله ۱) استفاده شد.

$$W_t = ae^{-(b^e - kt)} \quad [\text{معادله ۱}]$$

که در آن W_t وزن در سن t ، a پارامتر مرتبط با وزن مجانبی، b : پارامتر مرتبط با نرخ رشد از تولد تا بلوغ و k : پارامتر توضیح دهنده نرخ بلوغ می‌باشد (اگری ۲۰۰۲ و نارینس و همکاران ۲۰۱۰).

پارامترهای تابع منحنی رشد شامل a ، b و k با استفاده از رویه NLIN نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۲ برای تک تک پرندگان پیش‌بینی گردید.

اجزای (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی منحنی رشد و صفات وزن بدن در سنین مختلف با مدل حیوانی و روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده با استفاده از تجزیه و تحلیل چند صفتی توسط نرم‌افزار DMU (مدسن و جنسن ۲۰۰۸) برآورد شدند.

$$y_1 = Xb_i + Za_j + e_{ij} \quad [\text{معادله ۲}]$$

در این مدل y_1 : بردار مشاهدات برای صفت مورد مطالعه، b_i : بردار اثرات ثابت که شامل نوبت هچ است، a_j : بردار اثرات تصادفی پرند و e_{ij} : بردار اثرات تصادفی باقیمانده می‌باشند. همچنین، Z_a و X_b ، ماتریس‌های ضرایب که رکوردهای صفت را به ترتیب به اثرات ثابت و اثرات تصادفی حیوان مرتبط می‌نمایند، می‌باشند.

لاشه را گزارش کرده باشند بسیار محدود است. هدف از مطالعه حاضر برآورد وراثت‌پذیری، همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی پارامترهای منحنی رشد و صفات مختلف وزن بدن در بلدرچین ژاپنی می‌باشد.

مواد و روش

در مطالعه حاضر از داده‌های ۲۰۳۵ بلدرچین، نتاج حاصل از ۲۴۲ بلدرچین نر و ۲۴۲ بلدرچین ماده که طی سال‌های ۹۶-۹۸ در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. والدین به صورت (یک نر و یک ماده) در داخل قفس‌هایی به ابعاد ۳۰×۳۰×۳۰ نگهداری شدند. تخم‌های هر قفس به تفکیک شماره‌گذاری شده و در شانه‌های مجزا و در دمای ۱۵ درجه سانتی‌گراد تا زمان انکوباسیون نگهداری شدند. تخم‌های جمع‌آوری شده در طی فواصل زمانی ۷-۵ روز به دستگاه جوجه‌کشی منتقل گردید. در روز هچ با استفاده از شماره‌های کاغذی و سنجاق قفلی شماره پدر به بال جوجه‌ها نصب شد و شماره شناسایی پرند به همراه وزن هچ در دفتر ثبت گردید. برنامه نوری به صورت ۲۴ ساعت روشنایی پیوسته اعمال گردید. جیره‌های مورد استفاده نیز بر اساس توصیه انجمن تحقیقات ملی (NRC ۱۹۹۴) تنظیم گردید. در طول دوره پرورش، دسترسی به آب و خوراک آزاد بود. پرندگان از زمان هچ تا ۴۲ روزگی به فاصله ۷ روز و در طی چهار نسل به طور انفرادی وزن‌کشی شدند. حدود ۲ ساعت قبل از عملیات وزن‌کشی توزیع دان برای پرندگان متوقف و دانخوری‌ها جمع شدند. وزن‌کشی با ترازوی دیجیتالی و با دقت ۰/۰۱ انجام گرفت.

اطلاعات شجره شامل شماره پرند، شماره پدر و شماره قفس، سال، ماه و روز تولد پرند و نوبت هچ در طی ۴ نسل بودند. ابتدا داده‌ها با نرم‌افزار CFC (سرگلزایی و همکاران ۲۰۰۶) ویرایش و برای تجزیه تحلیل آماده-سازی شدند. صفات مورد بررسی در مطالعه حاضر

نتایج و بحث

خلاصه اطلاعات آماری در جدول ۱ ارائه شده است. میانگین وزن تولد ۹/۶۲ گرم و میانگین وزن بدن از ۲۹ گرم در هفت روزگی تا ۲۱۰/۲ گرم در ۴۲ روزگی افزایش داشته است. میانگین‌های وزن بدن در مطالعه حاضر

کمتر از گزارش اگری و چنگ (۱۹۹۴) و بیشتر از گزارشات ساتسی و همکاران (۲۰۰۲)، نارینس و همکاران (۲۰۱۰)، ماموه (۲۰۱۴) و اوزسوی (۲۰۱۹C) بود که به ترتیب دامنه ۷/۶-۱۷۹/۱، ۷/۶-۲۰۰/۴۷، ۸/۶۷-۸۹/۸۱، ۵/۷۴-۸۹/۸۱ و ۸/۲۰۲-۰۴/۲ را گزارش کرده بودند.

Table 1- Characteristics of statistical data on growth traits in Japanese quail

Body weight	Observations	Mean	Minimum	Maximum	Standard Deviation	CV
Hatch weight (gr)	766	9.62	6.13	14.68	1.68	16.73
7days weight (gr)	754	29	17.08	45.00	5.65	19.48
14days weight (gr)	744	59.51	35.32	90.94	11.86	19.92
21days weight (gr)	732	101.78	60.61	151.87	17.15	16.85
28days weight (gr)	729	138.69	91.17	208.19	21.08	15.19
35days weight (gr)	719	181.8	120	243.00	24.75	13.61
42days weight (gr)	699	210.2	141.1	286.9	26.62	12.66

Table 2- Heritabilities $\pm$ SE (on diagonal), genetic (above diagonal) and phenotypic correlation (below diagonal) of different body weight and Gompertz model parameters

Trait	a	b	k	Hatch weight	7days weight	14days Weight	21days weight	28days weight	35days weight	42days weight
a	0.21 $\pm$ 0.06	0.85 $\pm$ 0.07	-0.60 $\pm$ 0.11	-0.16 $\pm$ 0.07	-0.61 $\pm$ 0.12	-0.44 $\pm$ 0.14	-0.24 $\pm$ 0.15	0.09 $\pm$ 0.07	0.36 $\pm$ 0.14	0.47 $\pm$ 0.15
b	0.57	0.48 $\pm$ 0.06	-0.31 $\pm$ 0.15	-0.45 $\pm$ 0.10	-0.62 $\pm$ 0.07	-0.52 $\pm$ 0.09	-0.09 $\pm$ 0.02	0.16 $\pm$ 0.10	0.18 $\pm$ 0.09	0.36 $\pm$ 0.1
k	-0.82	-0.23	0.22 $\pm$ 0.05	-0.26 $\pm$ 0.16	0.8 $\pm$ 0.10	0.72 $\pm$ 0.11	0.86 $\pm$ 0.06	0.66 $\pm$ 0.11	-0.13 $\pm$ 0.09	-0.21 $\pm$ 0.11
Hatch weight	-0.02	-0.51	-0.09	0.35 $\pm$ 0.05	0.12 $\pm$ 0.02	0.07 $\pm$ 0.03	-0.21 $\pm$ 0.1	-0.15 $\pm$ 0.09	-0.05 $\pm$ 0.01	0.016 $\pm$ 0.01
7days weight	-0.29	-0.62	0.36	0.45	0.45 $\pm$ 0.06	0.92 $\pm$ 0.03	0.82 $\pm$ 0.05	0.63 $\pm$ 0.09	0.11 $\pm$ 0.01	-0.014 $\pm$ 0.01
14days Weight	-0.17	-0.51	0.35	0.41	0.72	0.42 $\pm$ 0.05	0.81 $\pm$ 0.04	0.72 $\pm$ 0.06	0.06 $\pm$ 0.01	-0.12 $\pm$ 0.1
21days weight	-0.31	-0.21	0.66	0.14	0.69	0.72	0.44 $\pm$ 0.06	0.93 $\pm$ 0.02	0.20 $\pm$ 0.1	0.10 $\pm$ 0.01
28days weight	-0.04	0.05	0.49	0.17	0.53	0.7	0.83	0.45 $\pm$ 0.07	0.19 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.11
35days weight	0.17	0.16	-0.02	-0.019	0.09	0.09	0.2	0.24	0.96 $\pm$ 0.05	0.34 $\pm$ 0.07
42days weight	0.18	0.2	-0.1	-0.006	-0.01	-0.08	0.05	0.12	0.30	0.72 $\pm$ 0.06

SE: standard error

برآورد وراثت پذیری‌ها برای وزن هچ و وزن‌های هفتگی بدن در جدول ۲ نشان داده شده است. در مطالعه حاضر وراثت پذیری متوسط به بالا ($0/72 - 0/21$) برای صفات مورد مطالعه بدست آمد. وراثت پذیری وزن هچ در گله مورد مطالعه ($0/05 \pm 0/35$) با گزارشات نارینس و همکاران (2014) و رسنده و همکاران (2005) مطابقت داشت. اکباس و یایلاک (2000) و باربری و همکاران (2015) وراثت پذیری وزن هچ را در بلدرچین ژاپنی به ترتیب $0/09 \pm 0/26$ و $0/06 \pm 0/03$ برآورد کردند که کمتر از مطالعه حاضر ($0/35$) بود. اما گزارشات ماموه و همکاران (2014)، دایکو و همکاران (2014) و سینگ و همکاران (2009) بترتیب با مقادیر $0/14 \pm 0/82$ ، $0/11 \pm 0/91$ و $0/51$ بیشتر از برآورد ما بود. برآوردهای وراثت پذیری در ۱ هفتگی ($0/06 \pm 0/45$)، ۲ هفتگی ($0/05 \pm 0/42$)، ۳ هفتگی ($0/06 \pm 0/44$)، ۴ هفتگی ($0/07 \pm 0/45$)، ۵ هفتگی ($0/07 \pm 0/52$) و ۶ هفتگی ($0/06 \pm 0/72$) بیشتر از مقادیر گزارش شده توسط اوزسوی ($2019C$)، باربری و همکاران (2015)، رسنده و همکاران (2005) و ساتسی و همکاران (2002)، کمتر از برآوردهای اکباس و یایلاک (2000) و نارینس (2010) بود و هم از نظر مقدار و هم روند با گزارشات دایکو و همکاران (2014) و ماموه و همکاران (2014) اختلاف داشت. ایشان وراثت پذیری-های بالا را در سنین اولیه گزارش کردند که به تدریج در هفته‌های بعد کاهش یافته بود و در وزن نهایی به کمترین مقدار و حدود $0/1$ رسیده بود. مشاهدات تحقیق حاضر با یافته‌های رسنده و همکاران (2005) مطابقت دارد ایشان گزارش کردند تخمین وراثت پذیری در بلدرچین ژاپنی و مرغ گوشتی با افزایش سن، افزایش می‌یابد. ماموه و همکاران (2013) هم روند افزایشی وراثت پذیری را با افزایش سن در کبوتر گزارش کرده بودند. ولی و همکاران (2005) وراثت پذیری وزن بدن در سنین ۵ و ۶ هفتگی را در بلدرچین ژاپنی $0/26$ و $0/22$ گزارش کردند که کمتر از برآوردهای مطالعه حاضر بود. شکوهمند و همکاران (2007) نیز وراثت پذیری وزن بدن در ۲ و ۴

هفتگی را برای سویه سفید به ترتیب $0/37$ و $0/33$ گزارش کردند که این مقادیر نیز کمتر از برآوردهای ما بود. رسنده و همکاران (2005) وراثت پذیری وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتگی را به ترتیب $0/44$ و $0/48$ برآورد کردند که تا حدودی مطابق با برآوردهای مطالعه حاضر بود. با توجه به وراثت پذیری‌های متوسط و بالا در سن ۲ و ۳ هفتگی (مخصوصاً وزن ۳ هفتگی که در این سن جنسیت هم قابل تفکیک است)، این سن می‌تواند به عنوان معیار انتخاب برای بهبود عملکرد رشد بلدرچین‌ها استفاده شود. برآورد وراثت پذیری متوسط به دست آمده برای وزن بدن در سنین ۱ و ۴ هفتگی و وراثت پذیری بالای وزن‌ها در سنین ۵ و ۶ هفتگی نشان می‌دهد پاسخ به انتخاب در سنین ابتدایی کم بوده و با افزایش سن در ۵ و ۶ هفتگی افزایش یافته و سریع می‌شود. برآورد وراثت پذیری صفات وزن بدن در بلدرچین ژاپنی در طیف گسترده‌ای گزارش شده است. تفاوت در برآوردهای وراثت پذیری می‌تواند مربوط به مدل و روش آماری مورد استفاده، نژاد، اثرات محیطی و شاید خطای نمونه‌برداری به دلیل کوچک بودن سائز دیتاها باشد (میلنز و همکاران 2006).

برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی برای وزن هچ و وزن‌های هفتگی بدن در جدول ۲ آمده است. بالاترین همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در ۱ هفتگی و سایر وزن‌ها ($0/92 - 0/1$) مشاهده شد. قوی‌ترین همبستگی‌ها بین وزن ۳ - ۴ هفتگی ($0/93$) و ۱ - ۲ هفتگی ($0/92$) بود. اکباس و همکاران (2004) همبستگی ژنتیکی بین وزن ۴ - ۲ هفتگی و ۶ - ۲ هفتگی را به ترتیب $0/84$ ، $0/80$ و $0/87$ گزارش کردند. رسنده و همکاران (2005) و دایکو و همکاران (2014) همبستگی‌های ژنتیکی بین ۲ - ۱ و ۳ - ۱ هفتگی را به ترتیب $0/90$ ، $0/84$ ، $0/93$ و $0/82$ و همبستگی‌های ژنتیکی بین ۳ - ۲ و ۴ - ۲ هفتگی را به ترتیب $0/94$ ، $0/87$ ، $0/85$ و $0/97$ گزارش کردند که تا حدودی مطابق با برآوردهای مطالعه حاضر بود. ماموه و همکاران (2014) همبستگی‌های ژنتیکی بین ۲ - ۱، ۳ - ۱

۲-۳ و ۴-۲ هفتگی را در بلدرچین ژاپنی به ترتیب ۰/۷۱، ۰/۷۳ و ۰/۸۵ گزارش کردند که کمتر از برآوردهای مطالعه حاضر بود. اوزسوی (۲۰۱۹C) همبستگی ژنتیکی بین ۲-۳ و ۴-۲ هفتگی را به ترتیب ۰/۹۹ و ۰/۹۲ گزارش کردند که بالاتر از برآوردهای تحقیق حاضر بود. به جز همبستگی‌های ژنتیکی بین وزن هچ و سنین پایانی اکثر همبستگی‌ها مثبت برآورد شد. تا قبل ۵ هفتگی همبستگی‌های ژنتیکی بالا و مثبت بود این نشان دهنده آن است که انتخاب برای وزن بدن در سنین اولیه رشد اثرات مثبت بر وزن بدن در سنین بالاتر دارد. پرنده‌های سنگین در هفته‌های ابتدایی در وزن‌های پایانی هم سنگین‌تر از سایر بلدرچین‌ها هستند که به دلیل همبستگی ژنتیکی بالا بین اوزان مختلف وزن بدن در این هفته‌ها می‌باشد (ساتسی و همکاران ۲۰۰۲). ولی و همکاران (۲۰۰۵)، ساتسی و همکاران (۲۰۰۲) و باربری و همکاران (۲۰۱۵) همبستگی ژنتیکی بالا بین صفات مختلف وزن بدن در سنین اولیه گزارش کردند.

بیشترین همبستگی فنوتیپی بین ۴-۳ هفتگی (۰/۸۳) بود و همبستگی فنوتیپی بین وزن هچ و ۶ هفتگی (۰/۰۰۶) پایین‌ترین برآورد بود. سزار و همکاران (۲۰۰۶)، باربری و همکاران (۲۰۱۵)، دایکو و همکاران (۲۰۱۴) و رسنده و همکاران (۲۰۰۵) بیشترین همبستگی فنوتیپی را بین ۴-۳ هفتگی به ترتیب با مقادیر ۰/۸۸، ۰/۸۶، ۰/۹۲ و ۰/۸۰ گزارش کردند. اما ساتسی و همکاران (۲۰۰۲) و ماموه و همکاران (۲۰۱۴) همبستگی فنوتیپی بین ۵-۴ هفتگی را به ترتیب با مقادیر ۰/۸۵ و ۰/۳۸ بالاترین همبستگی‌های فنوتیپی گزارش کردند. اوزسوی (۲۰۱۹C) بیشترین همبستگی فنوتیپی را بین ۲-۱ و ۳-۲ هفتگی با مقدار ۰/۸۸ و ضعیف‌ترین همبستگی فنوتیپی را هم بین وزن هچ و ۶ هفتگی (۰/۰۸) گزارش کردند. باربری و همکاران (۲۰۱۵) و دایکو و همکاران (۲۰۱۴) نیز همبستگی بین وزن هچ و ۶ هفتگی را به ترتیب با برآوردهای ۰/۱۷ و ۰/۳۰ ضعیف‌ترین همبستگی فنوتیپی گزارش کردند. همبستگی‌های ژنتیکی بالاتر از همبستگی‌های فنوتیپی بود

که نتایج مشابه توسط باربری و همکاران (۲۰۱۵) و دایکو و همکاران (۲۰۱۴) و ماموه و همکاران (۲۰۱۴) و اوزسوی (۲۰۱۹C) برای اکثر وزن‌ها در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است. مقدار و روند همبستگی‌های فنوتیپی مطالعه حاضر با گزارشات ساتسی و همکاران (۲۰۰۲) و ماموه و همکاران (۲۰۱۴) اختلاف داشت. این محققین نشان دادند که همبستگی فنوتیپی برای وزن بدن در بلدرچین ژاپنی با افزایش سن کاهش می‌یابد. به دلیل تخمین بالای وراثت‌پذیری در سنین ۲ و ۳ هفتگی و همچنین همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بالا، این سن می‌تواند معیار انتخاب برای بهبود عملکرد رشد در بلدرچین‌ها استفاده شود. همبستگی ژنتیکی قوی و مثبت وزن بدن در سنین مختلف نشان دهنده ژن‌های مشابه در این سنین می‌باشد که کنترل وزن بدن را برعهده دارند. به طور مشابه همبستگی ژنتیکی بالا بین وزن بدن در سنین اولیه با وزن بدن در سنین بالاتر می‌تواند نشان دهنده آن باشد که انتخاب در سنین پایین باعث افزایش وزن بدن در سنین بالاتر به‌خصوص وزن بلوغ خواهد شد.

مقادیر پیش‌بینی پارامترهای منحنی رشد با استفاده از مدل رشد گمپرتز در بلدرچین ژاپنی در جدول ۳ آمده است. نتایج نشان داد که مدل گمپرتز با بالاترین مقدار ضریب تبیین (۰/۹۹۹۸) و کمترین واریانس خطا (۱/۸۲۶۲) بهترین مدل پیش‌بینی کننده رشد در بلدرچین-های ژاپنی بود. برآورد پارامترهای منحنی رشد (k و b, a) به ترتیب ۲۹۸/۵۸، ۳/۵ و ۰/۰۵۳ بود. گورکان و همکاران (۲۰۱۲) و اکباس و اوگوز (۱۹۹۸) برآورد پارامترهای منحنی رشد (k و b, a) را ۱۸۶/۹، ۳/۸، ۰/۰۶۶ و ۲۴۴/۷، ۳/۳۹، ۰/۰۵۵ گزارش کردند. نارینس و همکاران (۲۰۱۴) نیز پارامترهای a و k را به ترتیب ۲۳۳/۱۲ و ۰/۰۷۵ و الکان و همکاران (۲۰۰۹) در مطالعه‌ای با هدف افزایش وزن بدن، رنج وزن مجانبی منحنی رشد (a) را ۲۹۵-۳۰۶ برآورد کردند.

متوسط نرخ رشد (b) که نرخ یا سن بلوغ را توضیح می‌دهد در مطالعه حاضر (۳/۵) موافق با برآورد نارینس و همکاران (۲۰۱۰) با مقدار ۳/۴۴ و کمتر از برآورد گورکان و همکاران (۲۰۱۲) به میزان ۳/۸ و بیشتر از گزارش اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) با مقدار ۳/۳۹ بود. نرخ بلوغ (k)، نرخ سرعت رشد در دوران بلوغ را تعیین می‌کند. نرخ بلوغ بالاتر نشان دهنده بلوغ زودتر و نرخ بلوغ کمتر نشان دهنده بلوغ دیرتر است (اکباس و یایلاک ۲۰۰۰). هر

چند (اکباس و یایلاک ۲۰۰۰ و نارینس و همکاران ۲۰۱۰) نشان دادند که افزایش در نرخ بلوغ منجر به تغییر در متوسط نرخ رشد آن هم در جهت مخالف می‌شود. نرخ بلوغ در گله مورد مطالعه (۰/۰۵۳) موافق با برآورد اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) با مقدار (۰/۰۵۵) و کمتر از برآوردهای نارینس و همکاران (۲۰۱۴) با مقدار ۰/۰۷۵، گورکان و همکاران (۲۰۱۲) به میزان ۰/۰۶۶ و اگر و همکاران (۲۰۰۳) با مقدار ۰/۰۷۳ بود.

Table3- prediction of Growth curve parameters using the Gompertz model in the Japanese quail

Parameter	Mean	SE	Min	Max	CV
A (gr)	298.58	12.17	104.1	499.01	25.66
b	3.50	0.07	2.5	4.98	11.17
k	0.053	0.002	0.03	0.009	18.64

a: asymptotic BW parameter; b: scale parameter related to initial weight; k: intrinsic growth rate parameter

مقادیر مشاهده شده و پیش‌بینی شده وزن بدن و باقیمانده‌های آن برای وزن هچ و سایر وزن‌ها در مدل گمپرتز در جدول ۴ نشان داده شده است. اختلاف بسیار

ناچیز بین مقادیر مشاهده شده و پیش‌بینی شده وزن بدن نشان می‌دهد که مدل گمپرتز به خوبی توانسته رشد بلدرچین‌ها را توصیف کند.

Table4- Observed and Estimated values with their Residual for weekly body weight in Gompertz model

Traits	Observed	Estimated	Residual
Hatch weight (gr)	9.62	10.76	-1.14
7days weight (gr)	29	26.60	2.4
14days weight (gr)	59.51	56.29	3.22
21days weight (gr)	101.78	99.41	2.37
28days weight (gr)	138.68	135.90	2.79
35days weight (gr)	181.8	182.57	-0.77
42days weight (gr)	210.2	208.54	1.66

برآوردهای وراثت‌پذیری و همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی پارامترهای منحنی رشد مدل گمپرتز در جدول ۲ آورده شده است.

وراثت‌پذیری پارامترهای منحنی رشد (a , b و k) به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۴۸ و ۰/۲۲ برآورد شد. متوسط وزن جانبی منحنی رشد (a) ارتباط نزدیکی با وزن بلوغ دارد. در مطالعه حاضر وراثت‌پذیری صفات مختلف وزن بدن از ۶-۱۱ هفتهگی بالاتر از وراثت‌پذیری وزن جانبی بود. برآورد وراثت‌پذیری وزن جانبی در تحقیق حاضر (۰/۲۲) کمتر از گزارشات نارینس و همکاران (۲۰۱۴) و اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) بود که به ترتیب مقادیر ۰/۳۸ و ۰/۳۵ را گزارش کرده بودند. برآورد وراثت‌پذیری نرخ بلوغ هم (۰/۳۲) موافق با برآورد اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) و کمتر از گزارش نارینس و همکاران (۲۰۱۴) بود.

همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی بین پارامترهای a و b با صفات مختلف وزن بدن عموماً منفی بود. همبستگی‌های ژنتیکی هم بالاتر از همبستگی‌های فنوتیپی برآورد شد. بیشترین همبستگی ژنتیکی (۰/۸۶) و فنوتیپی (۰/۶۶) بین پارامتر k و وزن ۳ هفتهگی به‌دست آمد. همبستگی وزن جانبی با صفات مختلف وزن بدن تا ابتدای ۴ هفتهگی منفی بود پس از آن افزایش یافت و به ۰/۴۷ در سن ۶ هفتهگی رسید. انتظار می‌رود تا ماکزیمم وزن بدن هم روند افزایشی باشد. این همبستگی بالا در سنین ۵ و ۶ هفتهگی نشان می‌دهد که وزن جانبی بازتابی از وزن نهائی است. اکباس و اوگوز (۱۹۹۸) هم همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین وزن جانبی و وزن بلوغ را به‌ترتیب ۰/۷۰ و ۰/۹۹ گزارش کردند. برآورد وراثت‌پذیری وزن جانبی و همبستگی ژنتیکی بین وزن جانبی و وزن بدن بلدرچین-ها به خصوص در سنین انتهائی نشان داد که وزن جانبی می‌تواند به عنوان یک معیار برای افزایش وزن بلوغ استفاده شود (تیگلی ۱۹۹۶). با این حال تمایل اصلاحگران طیور برای بهبود ژنتیکی وزن بدن در سنین پایین هست. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ رشد (b) و صفات وزن بدن در بلدرچین ژاپنی برای سه هفته

ابتدائی منفی و برای سایر سنین مثبت بود. همبستگی ژنتیکی بین نرخ رشد و صفات وزن بدن در هج تا ۳ هفتهگی تا نزدیک صفر کاهش، سپس تا سن ۶ هفتهگی افزایش می‌یابد. همبستگی ژنتیکی بین متوسط نرخ رشد و صفات مختلف وزن بدن بین ۰/۶۲-۰/۰۹ بدست آمد. این همبستگی‌های بالای ژنتیکی به دلیل ارتباط بین متوسط نرخ رشد و وزن بدن در سنین اولیه می‌باشد. در مطالعه حاضر همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ رشد و وزن هج، نرخ رشد و وزن یک هفتهگی و نرخ رشد و وزن ۲ هفتهگی بالاتر از دیگر همبستگی‌ها بود. اکباس و اوگوز (۱۹۹۸)، اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) و نارینس و همکاران (۲۰۱۰) همبستگی بالایی بین نرخ رشد و وزن بدن در سنین ابتدائی گزارش کردند و نشان دادند این پارامتر بازتابی از وزن در سنین اولیه است. همبستگی-های ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ بلوغ (k) و صفات مختلف وزن بدن به جز وزن هج و وزن‌های نهائی عموماً مثبت و بالا بود. نارینس و همکاران (۲۰۱۰) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ بلوغ و صفات هفتهگی وزن بدن را بجز وزن ۳ هفتهگی منفی گزارش کرده بودند. اکباس و یایلاک (۲۰۰۰) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ بلوغ و صفات مختلف وزن بدن را بجز وزن هج مثبت گزارش کردند. در حالی که در مطالعه حاضر بالاترین همبستگی-های ژنتیکی و فنوتیپی بین نرخ بلوغ و وزن‌های ۲، ۳ و ۴ هفتهگی برآورد شد. این یک واقعیت است که افزایش در پارامتر a باعث کاهش در پارامتر k می‌شود که نشان دهنده نرخ متوسط بلوغ است. همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین پارامترهای منحنی رشد عموماً منفی بود. تنها همبستگی بین وزن جانبی و متوسط نرخ رشد مثبت و بالا بود. هانکوا و همکاران (۲۰۰۱)، نارینس و همکاران (۲۰۱۴) و اکباس و اوگوز (۱۹۹۸) همبستگی‌های منفی بین وزن جانبی و نرخ بلوغ را گزارش کرده بودند که موافق با مطالعه حاضر بود. این همبستگی‌های منفی نشان می‌دهد که اگر انتخاب برای افزایش وزن بلوغ

استفاده شود، اثرات منفی بر روی نرخ رشد خواهیم داشت و نرخ رشد تمایل به کاهش خواهد داشت.

نتیجه گیری

هر چند رکوردگیری وزن در حیوانات سخت است اما برای مطالعه رشد و برآورد پارامترهای منحنی رشد ضروری است. برآورد وراثت پذیری پارامترهای منحنی رشد و همبستگی آن‌ها با اوزان بدن در سنین مختلف نشان داد که افزایش بازده تولید بوسیله انتخاب بر اساس پارامترهای منحنی رشد به جای انتخاب برای وزن بدن می‌تواند مفید باشد. تغییر شکل منحنی به منظور اهداف تولیدی می‌تواند بسیار ساده باشد. بخصوص پارامتر a و k که مرتبط با نرخ رشد هستند مهمتر از دیگر پارامترها می‌باشند. انتخاب بر اساس k بدون تغییر در پارامتر a می‌تواند مطلوب و موثر باشد. انتخاب برای نرخ رشد بالاتر در صفر تا ۱۴ روزگی تغییری در وزن بلوغ ایجاد نمی‌کند اما انتخاب برای وزن بدن بالاتر، یعنی نقطه عطف

منحنی یا نزدیک به آن، شکل منحنی را تغییر می‌دهد بدون این که تغییر مهمی در پارامتر a داشته باشد. از طرف دیگر محدود کردن شاخص انتخاب می‌تواند کاربردی باشد، k تغییر کند بدون این که هیچ تغییری در پارامتر a صورت بگیرد. هدف اصلی بیشتر برنامه‌های اصلاحی، بهبود صفات اقتصادی است. به منظور تحقق این اهداف لاین‌های مادری به شدت برای نرخ رشد بالاتر و لاین‌های پدری برای صفات تولیدی مورد انتخاب قرار می‌گیرند. این در حال است که روش‌های انتخاب مدرن به طور مساوی در همه لاین‌های گوشتی بکار برده نمی‌شود و مطالعات انتخاب بیشتر بر روی وزن زنده در یک سن ثابت متمرکز است. برآورد وراثت پذیری پارامترهای منحنی رشد گمپرتز و همبستگی آن‌ها با وزن‌های هفتگی پیشنهاد می‌کنند که پارامتر نرخ رشد ممکن است در انتخاب حیواناتی که در سنین اولیه رشد سریع دارند مفید باشد.

منابع مورد استفاده

- Aggrey SE and Cheng KM, 1994. Animal model analysis of genetic (co)variance of growth traits in Japanese quail. *Poultry Science* 73: 1822–1828.
- Aggrey SE, 2002. Comparison of three nonlinear and spline regression models for describing chicken growth curves. *Poultry Science* 81(12): 1782–1788.
- Aggrey SE, Ankra-Badu GA and Marks HL, 2003. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poultry Science* 82: 538–542.
- Akbas Y and Oguz I, 1998. Growth curve parameters of lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week bodyweight. *European Poultry Science* 62: 104–109.
- Akbas Y and 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. *Archiv Geflügelkunde* 64(4): 141–146.
- Akbas Y, Takma C and Yaylak E, 2004. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal Animal Science* 34(2): 104–109.
- Alkan S, Mendes M, Karabag K and Balcioglu MS, 2009. Effects short term divergent selection for 5-week body weight on growth characteristics in Japanese quail. *Archive Geflugelkd* 73: 124–131.
- Anthony NB, Emmerson DA, Nestor KE, Bacon WL, Siegel PB and Dunnington EA, 1991. Comparison of growth curves of weight selected populations of turkeys, quail and chickens. *Poultry Science* 70: 13–19.
- Anthony NB, Nestor KE and Marks HL, 1996. Short-term selection for four-week body weight in Japanese Quail. *Poultry Science* 75: 1192–1197.
- Bahreini Behzadi MR, 2015. Comparison of different growth models and artificial neural network to fit the growth curve of Lori-Bakhtiari sheep. *Journal of Ruminant Research* 3: 125–148. (in persian)

- Barbieri A, Ono RK, Cursino LL, Farah V, Pires MP, Bertipaglia TS, Pires AV, Cavani L, Carreno LOD and Fonseca R, 2015. Genetic parameters for body weight in meat quail. *Poultry Science* 94: 169-171.
- Daikwo SI, Dike UA and Dim NI, 2014. Estimation of genetic parameters of weakly body weight and growth rate of Japanese quail. *LOSIR Journal of agriculture and veterinary science* 7(10): 56-62.
- Darmani Kuhi H, Shabanpour A, Mohit A, Falahi S and France J, 2018. A sinusoidal function and the Nelder-Mead simplex algorithm applied to growth data from broiler chickens. *Poultry Science* 97(1): 227-235.
- Finco EM, Marcato SM, Furlan AC, Rossi RM, Grieser DO, Zancanela V, Moraes de Oliveira TM and Espejo Stanquevis C, 2016. Adjustment of four growth models through Bayesian inference on weight and body nutrient depositions in laying quail. *Brazilian Journal of Animal Science* 45(12): 737- 744.
- Gille U, 2010. Analysis of growth. From <http://www.uni-leipzig.de/~vetana/growth.htm>.
- Gurcan EK, Cobanoglu O, Genc T, 2012. Determination of body weight-age relationship by nonlinear models in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 11(3): 314- 317.
- Gotuzzo AG, Piles M, Delle-Flora RP, Germano JM, Reis JS, Tyska DU and Dionello NJL, 2018. Bayesian hierarchical model for comparison of different nonlinear function and genetic parameter estimates of meat quails. *Poultry Science* 98: 1601-1609.
- Hyankova L, Knizetova H, Dedkova L and Hort J, 2001. Divergent selection shape of growth curve in Japanese quail 1. Responses in growth parameters and food conversion *British Poultry Science* 42: 583-589.
- Kaplan S, Narinc D and Gurcan EK, 2016. Genetic parameter estimates of weekly body weight and Richard's growth curve in Japanese quail. *European Poultry Science* 80: 1-10.
- Kaplan S and Gurcan EK, 2018. Comparison of growth curve using non-linear regression function in Japanese quail. *Journal of Applied Animal Research* 46(1): 112-117.
- Karabağ K, Alkan S, Karşı T and Balçioğlu MS, 2017. Genetic changes in growth curve parameters in Japanese quail lines diver-gently selected for body weight. *European Poultry Science* 81: 1-10.
- Kum D, Karakus K and Ozdemir T, 2010. The best non-linear function for body weight at early phase of Norduz female lambs. *Trakia Journal of Sciences* 8: 62-67.
- Lambe NR, Navajas EA, Simm G and Bunger L, 2006. A genetic investigation of various growth models to describe growth of lambs of two contrasting breeds. *Journal of Animal Science* 84: 2642-2654.
- Loibel S, Andrade MG, do Val JB and Freitas ARD, 2010. Richards's growth model and viability indicators for populations subject to interventions. *Anais da Academia Brasileira de Ciências* 82: 1107-1126.
- Lupi TM, León JM, Nogales S, Barba C and Delgado JV, 2016. Genetic parameters of traits associated with the growth curve in Segureña sheep. *Animal* 10(5):729-735.
- Madsen P and Jensen J, 2008. DMU. A package for multivariate analyzing multivariate mixed models. Version 6. University of Aarhus, Faculty Agricultural Sciences (DJF), Department of Genetics and Biotechnology, Research Centre Foulum, Box 50, 8830 Tjele, Denmark.
- Mielenz N, Ronny RN and Schuler L, 2006. Estimation of additive and non-additive genetic variances of body weight, egg weight and egg production for quails *Coturnix coturnix japonica* with an animal model analysis. *Archive Tierzucht Dummerstorf* 49: 300-307.
- Momoh OM, Anebi PE and Carew SN, 2013. Heritability estimates and phenotypic correlations of body and egg traits of domestic pigeon (*Colomba livia domestica*) reared On-station in Benue State of Nigeria. *Research Opinions Animal Veterinary Science* 3(10): 370- 373.
- Momoh OM, Gambo D and Dim NI, 2014. Genetic parameters of growth, body, and egg traits in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) reared in southern guinea savannah of Nigeria. *Journal of Applied Biosciences* 79: 6947 – 6954.
- Narinc D, Aksoy T, Karaman E and Firat MZ, 2014. Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. *Poultry Science* 93 :24-30.
- Narinc D, Aksoy T, and Karaman E, 2010. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quail. *Journal of Animal Veterinary advances* 9: 501-507.
- National Research Council, 1994. Nutrient requirement of poultry. 9th Ed., National Academy Press, Washington DC. USA.

- Nikkhah M, MotaghiTalab M and Zavareh M, 2010. Hyperbolastic vs. Classic Model to Estimate Male Broiler Chicken Growth. Iranian Journal of Animal Science 40: 71-78. (in persian)
- Ozsoy AN, 2019a. Egg and chick quality characteristics of meat type Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) line by canonical correlation analysis. Fresenius Environmental Bulletin 28(4): 2582-2588.
- Ozsoy AN, 2019b. The genetic parameters of weight gain and feed efficiency of Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) under *Tenebrio molitor* L and control nutritional environments. Fresenius Environmental Bulletin 28(3): 2115- 2120.
- Ozsoy AN, 2019c. Genetic parameter estimations of bayesian hierarchical linear and nonlinear growth curves in japanese quails. Fresenius Environmental Bulletin 28 (9): 6883-6889.
- Resende RO, Martins EN, George PC, Paiva E, Conti ACM, Santos AI, Sakaguti ES and Murakami AE, 2005. Variance components for body weight in Japanese quails. Brazil Journal of Poultry Science 7(1): 23-25.
- Saatci M, Dewi I, Aksoy R, Kirmizibayrak T and Ulutas Z, 2002. Estimation of genetic parameters for weekly Live weight in one to one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. p20. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Paris, France.
- Sargolzaei M, Iwaisaki H and Colleau J, 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. in Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte; Minas Gerais Brazil 13: 27-28.
- SAS Institute Inc, 2009. SAS/STAT User's Guide, Version 9.2. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Sezer M, Berberoglu E and Ulutas Z, 2006. Genetic association between sexual maturity and weekly live weights in laying-type Japanese quail. South African Journal of Animal Science 36(2): 142-148.
- Singh CB, 2009. Estimation of genetic parameters for growth traits in Japanese quail. Pantnagar Journal of Research 7 (2): 226- 227.
- Shokoohmand M, Emam Jomeh Kashan N and Emami Maybody MA, 2007. Estimation of heritability and genetic correlations of body weight in different ages for three strains of Japanese quail. International Journal of Agricultural and Biological 6: 945- 947.
- Tigli R, Yaylak E and Balcioglu MS, 1996. Phenotypic and genetic parameters for various yield characteristics in Japanese quail. I. Genetic environmental and phenotypic correlations for live weight. 1st animal science congress, AKBENIS university, Antalia. Turkey.
- Vali V, Edriss MA and Rahmani HR, 2005. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. International Journal of Poultry Science 5: 296- 300.
- Vuori K, Strandén I, Sevon-Aimonen ML and Mantysaari EA, 2006. Estimation of non-linear growth models by linearization: a simulation study using a Gompertz function. Genetics Selection and Evolution 38: 343-358.
- Waheed A, Sajjad Khan M, Safdar, A and Sarwar M, 2011. Estimation of growth curve parameters in Beetal goats. Archiv Tierzucht 54(3): 287-296.

Estimation of heritability, phenotypic and genetic correlations for growth curve characteristics of Japanese quail

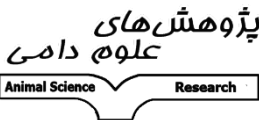
R Saghi^{1*} and DA Saghi²

Received: July 25, 2020 Accepted: December 7, 2020

Graduated in Genetics and Animal breeding.

Associate Professor, Department of Animal Science, Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Iran

*Corresponding author: Email: saghi9099@yahoo.com

 پژوهش‌های علوم دامی Animal Science Research	Journal of Animal Science/vol.31 No.4/ 2022/pp 113-126 https://animalscience.tabrizu.ac.ir	
© 2009 Copyright by Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran This is an open access article under the CC BY NC license (https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/) DOI: 10.22034/AS.2022.40879.1577		

Introduction

Growth traits of domestic animals and their economic significance have been always considered important by breeders and breeding specialist. Growth models, calculated non-linearly, are used to express growth rate and statistical ratio between age and body weight (Kum et al. 2010). One of the ways to draw and describe the growth curve is to use growth models. By selection, you can change the shape of the growth curve and increase body weight (Anthony et al. 1996), although selecting to increase body weight has adverse effects such as obesity, leg problems and sudden death syndrome in poultry. Growth curve parameters are suitable and efficient criterion allowing to change the relationship between age and body weight through selection (Narince et al. 2010). Many researchers have used linear and nonlinear regression models to model the growth phenomenon. These models are more reliable (Vuori et al. 2006) than linear models due to the limited number of parameters and have a better fit of the data (Lambe et al. 2006). Depending on the breed of livestock and population studied, a growth function presents different results, so it is necessary to model growth for each herd separately (Bahreini Behzadi et al. 2015). Though many have investigated the growth traits of quails, studies estimating the heritability of growth curve parameters, genetic correlations between these parameters and genetic correlation between growth curve parameters and other traits (e.g., growth traits, production, conversion ratio and carcass traits) are very limited. Therefore, the aim of this study was to estimate heritability, phenotypic and genetic correlations of growth curve parameters and different body weight traits in Japanese quail.

Material and methods: Data were obtained from 242 male and 242 female quail hatched between 2017-2019 that belonged to the Khorasan Razavi Agricultural and Natural Resources Research and Education Research Center. Birds were weighed individually for four generations from hatching to 42 days of age over four generations. Pedigree information included bird number, sire number and cage number, year, month, and birthday of the bird and hatching times over 4 generations. The data were first edited with CFC software and prepared for analysis. The traits studied in this study included body weight records at different ages (1, 7, 14, 21, 28, 35 and 45 days of age). SAS software's linear model and GLM procedure were used to identify constant factors affecting traits. Nonlinear regression model was used to estimate the growth curve parameters. Covariance components and genetic parameters of growth and body weight trait at different ages in quail were estimated using animal model and restricted maximum likelihood method using multivariate analysis by DMU software.

Results and discussion: In the present study, moderate to high heritability (0.21-0.72) was obtained for different traits of body weight. Estimation of heritability at 1 week (0.45 ± 0.06), 2 weeks (0.42 ± 0.05), 3 weeks (0.44 ± 0.06), 4 weeks (0.45 ± 0.07), 5 weeks (0.52 ± 0.07) and 6 weeks (0.72 ± 0.06) were higher than the values reported by Barbieri et al. (2015) yet less than the estimate of Narinc et al. (2010). Estimation of moderate heritability obtained for body weight at 1 and 4 weeks of age and high heritability at 5 and 6 weeks of age show that the response to selection is low at early ages and increases with age at 5 and 6 weeks. The strongest correlations were between 3-4 weeks weight (0.93) and 1-2 weeks (0.92). Except for genetic correlations between hatching weight and final ages, most correlations were positive. The highest phenotypic correlation was between 3-4 weeks (0.83) and the phenotypic correlation between hatch weight and 6 weeks (0.006) was the lowest estimate. The results showed that the Gompertz model with the highest coefficient of determination (0.998) and the lowest error variance (1.8262) was the best growth predictor model in Japanese quails. Estimation of growth curve parameters (a, b and k) were 298.58, 3.5 and 0.053, respectively. The small difference between the observed and predicted body weight values indicates that the Gompertz model was able to describe the growth of quails well. Heritability of growth curve parameters (a, b and k) were estimated to be 0.21, 0.48 and 0.22, respectively. Phenotypic and genetic correlations between parameters a and b with different traits of body weight were generally negative. The highest genetic correlation (0.86) and phenotypic (0.66) were obtained between k parameter and 3-week weight. Genetic correlation between mean growth rate (b) and various traits of body weight was 0.9-0.62. The highest genetic and phenotypic correlations were estimated between maturity rate (k) and 2, 3 and 4 weeks weights. Genetic and phenotypic correlations between growth curve parameters were generally negative. The only correlation between asymptotic weight (a) and mean growth rate (b) was positive and high. These negative correlations indicate that if selection is used to increase puberty weight, we will have negative effects on growth rate and the growth rate will tend to decrease.

Conclusion: Estimation of heritability of growth curve parameters and their correlation with body weights at different ages showed that increasing production efficiency by selection based on growth curve parameters rather than selection for body weight could be useful. Curve deformations are more important than other parameters for productive purposes, especially the parameters a and k that are related to growth rates. Choosing a higher growth rate at 0- to 14-day-old does not change maturity weight, but choosing a higher body weight, that is, the near-inflection point of the curve, changes the shape of the curve without any significant change in parameter a. Nonetheless, k would change without any change in parameter a when limiting selection index is applied. The heritability of the Gompertz growth curve parameters and their correlation with weekly weights suggest that the growth rate parameter may be useful in selecting animals that are of early growth.

Key word: Genetic correlation, Growth curve, Phenotypic correlation, Quail