شماره ۶۷، تابستان ۱۳۸۴

در امور دام و آبزیان

بررسی اثر عوامل مادری بر صفات تولیدی و تولید مثل یک لاین تجارتی گوشتی

• **علیرضا فتحی**، دانشجوی سابق کارشناسی ارشد علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس
• **رسول واعظ ترشیزی**، استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس (مسؤل مکاتبه)
• **ناصر امام جمعه کاشان**، استاد گروه علوم دامی مجتمع آموزش عالی ابوریحان دانشگاه تهران

تاریخ دریافت: اردیبهشت ماه۱۳۸۳ **تاریخ پذیرش:** آبان ماه۱۳۸۳

E.mail: rasoult@modares.ac.ir

چکیده

در این تحقیق اثر عوامل ژنتیکی افزایشی و محیطی مادری بر صفات وزن ۶ هفتگی، وزن تخم مرغ، سن بلوغ جنسی و تولید تخم مرغ ۲۵ تا ۵۰ هفتگی یک لاین تجارتی گوشتی از طریق مقایسه مولفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی مشترک مادری و کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده و مدل حیوان بررسی شد. برای هر صفت، با در نظر گرفتن اثر عوامل مادری و بدون آن، ۶ مدل مختلف برازش و مناسب‌ترین مدل از طریق آزمون نسبت درست‌نمایی تعیین گردید. برای صفت وزن ۶ هفتگی، اثر ژنتیکی افزایشی مادری، اثر محیطی مشترک مادری و کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری معنی‌دار بود. وراثت پذیری مستقیم، وراثت پذیری مادری، نسبت واریانس محیطی مشترک مادری به واریانس فنوتیپی و همبستگی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری این صفت به ترتیب، ۰/۳۴۰، ۰/۰۵۰، ۰/۰۴۰ و ۰/۶۷۰- برآورد شد. برای وزن تخم مرغ، سن بلوغ جنسی و تولید تخم مرغ ۲۵ تا ۵۰ هفتگی اثر ژنتیکی افزایشی مادری تنها عامل موثر بود. وراثت پذیری مستقیم و مادری برای وزن تخم مرغ به ترتیب، ۰/۴۷۰ و ۰/۱۲۸، برای سن بلوغ جنسی، ۰/۱۵۰ و ۰/۰۶۰ و برای تولید تخم مرغ ۲۵ تا ۵۰ هفتگی، ۰/۲۴۰ و ۰/۰۵۰ برآورد شد. نتایج این مطالعه نشان داد که تجزیه و تحلیل داده‌های وزن بدن در ۶ هفتگی با مدل حیوان بدون در نظر گرفتن اثر عوامل ژنتیکی افزایشی و محیطی مادری و داده‌های وزن تخم مرغ، سن بلوغ جنسی و تولید تخم ۲۵ تا ۵۰ هفتگی بدون در نظر گرفتن اثر عوامل ژنتیکی افزایشی مادری باعث برآورد بیش از حد مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری حاصل از آن می‌شود.

کلمات کلیدی: عوامل مادری، مدل حیوان، روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده، لاین گوشتی

Pajouhesh & Sazandegi No: 67 pp: 16-21

Maternal effects on production and reproduction traits in a commercial broiler line

By:R. Fathi, Former Graduate Student of Animal Breeding and Genetics, Tarbiat Modarres University; R. Vaez Torshizi, Member of Scientific Board of Tarbiat Modarres University; N. Emam Jomeh Kashan, Member of Scientific Board of Aboureihan College of Agriculture, University of Tehran.

The effect of genetic and non-genetic factors on body weight at 6 weeks (BW6WT), egg weight (EWT), age at sexual

maturity (ASM) and egg production from 25 to 50 weeks (EP) of a commercial broiler line were investigated using restricted maximum likelihood procedure through estimation of direct and maternal additive genetic and common environmental variances. Six different animal models were taken into account by including maternal direct additive or environmental effects in the models of analysis. Likelihood ratio test was used to determine the most appropriate model. For BW6WT, maternal additive and common environmental effects together with the covariance between direct and maternal additive genetic effects were significant. For this trait, direct heritability (h^2), maternal heritability (h^2), maternal environmental variance as a proportion of the phenotypic variance (c^2) and the correlation between direct and maternal additive genetic effects (r) were 0.350, 0.050, 0.040 and -0.670, respectively. For EWT, ASM and EP, only maternal additive genetic effects were important, in addition to the direct additive genetic effects. The estimates of h^2 and h^2 were 0.470 and 0.130 for EWT, 0.150 and 0.060 for ASM, and 0.240 and 0.05 for EP, respectively. The results of this study indicated that ignoring the maternal effects in the analysis tended to overestimate direct additive genetic variance and heritability for all traits.

Key Words: Maternal effects, Animal Model, REML, Broiler line.

مقدمه

تغییر در مقدار تولید و بهبود فرآورده‌های دام و طیور از طریق انتخاب ژنتیکی حیوانات برتر به عنوان والدین نسل آینده انجام می‌گیرد. این انتخاب با استفاده از ارزش‌های اصلاحی پیش بینی شده برای هر حیوان بر اساس یک یا ترکیبی از چند صفت کمی صورت می‌گیرد. برای پیش بینی ارزش اصلاحی لازم است پارامترهای ژنتیکی صفات معلوم باشد و یا با استفاده از اطلاعات جمع‌آوری شده، از طریق مدل‌های مناسب برآورد شوند.

برآورد وراثت پذیری برای صفات مختلف تولیدی و تولید مثل در طیور با روش تجزیه واریانس و استفاده از اطلاعات برادر-خواهران تنی و ناتنی مادری بیشتر از اطلاعات برادر-خواهران ناتنی پدری بوده است (۱، ۳). این تفاوت‌ها به دلیل وجود اثر مادری و اثر ژنتیکی غیر افزایشی عنوان شده، ولی میزان تاثیر این عوامل (به خصوص اثر مادری) مشخص نشده است.

اثر عوامل مادری (ژنتیکی افزایشی و محیطی) بر صفات تولیدی در گوسفند و گاو گوشتی با استفاده از مدل‌های حیوان مطالعه شده است (۷، ۱۲). درطیور نیز وجود این عوامل در بررسی‌های محدودی که توسط برخی محققین صورت گرفته، نشان داده شده است. در مطالعه‌ای توسط Koerhuis و McKay (۸) با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و مدل حیوان برای صفات وزن بدن در ۶ هفتگی، تولید تخم, سن بلوغ جنسی و وزن تخم در یک لاین گوشتی نسبت واریانس محیطی مشترک مادری به واریانس فنوتیپی از ۱/۸ درصد برای سن بلوغ جنسی تا ۴/۰ درصد برای وزن بدن در ۶ هفتگی گزارش شد. در یک مطالعه دیگر توسط Koerhuis و Thompson (۹) بر روی وزن بدن جوجه‌های یک لاین تجارتی گوشتی، دامنه وراثت پذیری مادری ۲ تا ۴ درصد و نسبت واریانس محیطی مشترک مادری به واریانس فنوتیپی ۵ تا ۶ درصد و همبستگی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری منفی (۰/۵۴-) بود. اثر عوامل مادری (ژنتیکی افزایشی و محیطی مشترک) در بوقلمون (۵)، مرغان بومی‌جنوب شرقی مکزیک (۱۴) و بلدرچین ژاپنی (۲) نیز با استفاده از مدل‌های مختلف حیوان مطالعه و مشخص شد که هر دو اثر ژنتیکی افزایشی و محیطی مشترک مادری عوامل مهمی‌در ایجاد تنوع در وزن بدن پرندگان مورد بررسی می‌باشند. علاوه بر این، در مطالعه Chapuis و همکاران (۵) مشخص شد که حذف هر یک از آثار مادری از مدل موجب برآورد بیش از حد مولفه واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری می‌شود.

با توجه به متفاوت بودن نتایج مطالعات گزارش شده، هدف تحقیق حاضر بررسی آثار مادری بر صفات تولیدی و تولید مثل یک لاین تجارتی گوشتی و تاثیر منظور نمودن این عوامل در مدل بر مولفه واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌ها

در تحقیق حاضر، از داده‌های صفات وزن بدن در شش هفتگی (BW۶WK)، تعداد تولید تخم‌مرغ از ۲۵ تا ۵۰ هفتگی (EP)، وزن تخم‌مرغ ۳۱ و ۳۳ هفتگی (EWT)، و سن بلوغ جنسی (ASM) شش نسل یک لاین گوشتی تجاری در مزرعه زیاران برای بررسی اثر عوامل مادری استفاده شد. در فایل داده‌ها، برای هر پرنده اطلاعات ثبت شده در هر نسل شامل شماره پرنده، شماره پدر، شماره مادر، نوبت جوجه‌کشی، سن در زمان وزن‌کشی و جنس بود. ساختار داده‌ها و اطلاعات آماری مربوط به صفات مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

مدل آماری

داده‌ها با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) و شش مدل حیوان مختلف با در نظر گرفتن اثرعوامل مادری و بدون منظور نمودن این اثرات تجزیه و تحلیل شدند. این مدل‌ها به شکل ماتریس به شرح زیر می‌باشند:

$$y=Xb+Z_1a+e \quad (M1)$$
$$y=Xb+Z_1a+Wc+e \quad (M2)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_2m+e \quad Cov_{am}=0 \quad (M3)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_2m+e \quad Cov_{am}\neq 0 \quad (M4)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_2m+Wc+e \quad Cov_{am}=0 \quad (M7)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_2m+Wc+e \quad Cov_{am}\neq 0 \quad (M8)$$

در این مدل ها، $\mathbf{y}$ بردار مشاهدات، $\mathbf{X}, \mathbf{Z_1}, \mathbf{Z_2}$ و $\mathbf{W}$ ماتریس‌های طرح هستند که مشاهدات را به ترتیب، به اثر عوامل ثابت، تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم (حیوان)، تصادفی ژنتیکی افزایشی مادری و تصادفی محیطی مشترک مادری ربط می‌دهند. همچنین، $\mathbf{b}$ بردار نامعلوم اثر عوامل ثابت (شامل نسل، نوبت جوجه کشی و جنس برای صفت وزن بدن در ۶ هفتگی و نسل و نوبت جوجه‌کشی برای سایر صفات) و a، c، m و e، نیز به ترتیب، بردارهای اثر عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، مادری، محیطی مشترک مادری و باقی مانده می‌باشند.

مولفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری، واریانس محیطی مشترک مادری و پارامترهای آن‌ها با استفاده از نرم‌افزار DFREML (۱۱) برآورد شدند. تابع درست‌نمایی در یک مرحله با استفاده از روش سیمپلکس (۱۳) حداکثر شد. معیار همگرایی برای توقف تکرارها نیز 10^{-8} در نظر گرفته شد.

برای بررسی تاثیر عوامل مادری بر صفات مورد مطالعه و واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری مستقیم از آزمون نسبت لگاریتم درستنمایی به صورت زیر استفاده شد:

$$\chi^2 = -2(LogL_M - LogL_{M_j})$$

در این رابطه، χ^2، عبارت ازمربع کای محاسبه شده و $LogL_M$ و $LogL_{M_j}$ نیز به ترتیب لگاریتم درستنمایی مدل مورد نظر و مدل کامل می‌باشند. این مقدار با مربع کای جدول با درجه آزادی به‌دست آمده از تفاضل تعداد اثرات تصادفی مدل j از مدل i مقایسه می‌شود. در صورتی که تفاوت مدل‌ها از نظر آماری معنی‌دار نباشد ($p>0/05$) ساده‌ترین مدل به عنوان مناسب ترین آن پیشنهاد می‌شود (۶).

نتایج وبحث

برآورد مولفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تحت مطالعه، همراه با لگاریتم درستنمایی محدود شده هر مدل حیوان در جدول ۲ ارائه شده است. واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری مستقیم وزن ۶ هفتگی بر اساس مدل ۱ به ترتیب، ۱۶۳۶۳/۵۲ و ۰/۴۲ برآورد شدند. منظور نمودن اثر تصادفی محیطی مشترک مادری (مدل ۲) و یا اثر ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳) سبب افزایش معنی‌دار لگاریتم درستنمایی ($p<0/01$) و کاهش وراثت پذیری مستقیم (به ترتیب، ۴۲/۸ و ۳۱/۷ درصد) در مقایسه با مدل ۱ شد. بر اساس این مدل‌ها، c^2 و h_m^2

جدول۱- ساختار داده ها و اطلاعات صفات مورد مطالعه

صفت	BW۶WK (kg)	EWT (gr)	ASM (day)	EP
تعداد حیوانات دارای رکورد	۱۵۱۱۱	۴۲۱۸	۴۳۳۵	۳۱۶۶
تعداد پدرها	۳۳۸	۳۱۶	۳۳۸	۲۷۶
متوسط تعداد نتاج هر پدر	۸۴	۱۳	۱۳	۱۱
تعداد مادرها	۱۸۰۰	۱۲۴۲	۱۸۰۰	۹۹۲
متوسط تعداد نتاج هر مادر	۱۲	۳	۳	۳
میانگین (انحراف معیار)	۱۶۶۴/۶ (۲۵۶/۸)	۵۵/۶ (۳/۸)	۱۸۸/۴ (۱۳/۱)	۴۷/۶ (۱۵/۲)
ضریب تغییرات (درصد)	۱۶/۰	۶/۹	۶/۹	۳۱/۹

جدول ۲- برآورد مولفه های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی Ψ صفات تولیدی و تولید مثل

صفت	مدل	σ_a^2	σ_c^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_e^2	σ_p^2	$h_a^2 \pm SE$	$c^2 \pm SE$	$h_m^2 \pm SE$	r_{am}	LogL
BW۶WK	۱	۱۶۳۶۳/۵۲				۲۲۵۷۶/۷۰	۳۸۹۴۰/۲۰	۰/۴۲۰ ± ۰/۰۲۷				-۸۶۰۱۵/۴
	۲	۸۷۰۳/۸۰	۱۷۲۵/۶۰			۲۵۸۵۷/۹۰	۳۶۲۸۷/۳۰	۰/۲۴۰ ± ۰/۰۳۵	۰/۰۴۷ ± ۰/۰۱۰			-۸۵۹۸۵/۹
	۳	۱۰۸۲۸/۰۴		۱۹۴۰/۲۰		۲۴۹۰۴/۰۰	۳۷۶۷۲/۲۰	۰/۲۹۰ ± ۰/۰۳۵		۰/۰۵۰ ±۰/۰۱۰		-۸۵۳۸۳/۴
	۴	۱۳۵۶۵/۹۷		۳۰۸۷/۵۰	-۲۴۴۷/۳۰	۲۳۵۷۱/۸۰	۳۷۷۷۸/۰۰	۰/۳۶۰ ± ۰/۰۳۵		۰/۰۸۰ ± ۰/۰۱۰	-۰/۳۸۰	-۸۵۹۷۹/۶
	۷	۹۴۵۰/۶۷	۹۷۸/۶۰	۹۱۱/۱۴		۲۵۵۰۷/۳۰	۳۶۸۴۷/۷۰	۰/۲۶۰ ± ۰/۰۳۵	۰/۰۲۶ ± ۰/۰۱۰	۰/۰۲۰ ± ۰/۰۱۰		-۸۵۹۷۸/۹
	۸	۱۲۶۶۲/۹۴	۱۴۷۲/۱۰	۱۷۳۸/۵۱	-۳۱۳۱/۵۳	۲۳۹۰۱/۶۰	۳۶۶۴۳/۳۰	۰/۳۴۰ ± ۰/۰۳۵	۰/۰۴۰ ± ۰/۰۱۰	۰/۰۵۰ ± ۰/۰۱۰	-۰/۶۷۰	-۸۵۹۷۴/۷
EWT	۱	۸/۸۴				۵/۴۶	۱۴/۲۶	۰/۶۲۰ ± ۰/۰۳۴				-۴۶۷۱/۷۵
	۲	۷/۸۹	۱/۰۱			۵/۲۸	۱۴/۱۸	۰/۵۶۰ ± ۰/۰۴۸	۰/۰۶۷ ± ۰/۰۱۵			-۴۶۵۹/۵۳
	۳	۶/۷۱		۱/۸۳		۵/۷۶	۱۴/۳۱	۰/۴۶۹ ± ۰/۰۴۸		۰/۱۲۸ ± ۰/۰۲۲		-۶۴۴۹/۷۹
	۴	۶/۶۶		۱/۸۲	۰/۰۴	۵/۷۸	۱۴/۳۲	۰/۴۶۰ ± ۰/۰۷۴		۰/۱۳۰ ± ۰/۰۲۵	۰/۰۱۳	-۶۴۴۹/۷۹
	۷	۶/۷۲	۱/۸۳	۱/۸۳		۵/۷۵	۱۴/۳۱	۰/۴۷۰ ± ۰/۰۴۸	۰/۰۰۸ ± ۰/۰۲۱	۰/۱۳۰ ± ۰/۰۳۴		-۶۴۴۹/۸۸
	۸	۶/۶۵	۱/۸۲	۱/۸۲	۰/۰۵	۵/۷۹	۱۴/۳۱	۰/۴۶۰ ± ۰/۰۷۱	۰/۰۰۹ ± ۰/۰۲۱	۰/۱۳۰ ± ۰/۰۳۵	۰/۰۱۵	-۶۴۴۹/۷۹
ASM	۱	۲۳/۰۱				۷۴/۱۵	۹۷/۲۷	۰/۲۴۰ ± ۰/۰۳۵				-۱۰۶۵۸/۵۰
	۲	۱۶/۲۹	۵/۲۸			۷۲/۷۹	۹۶/۳۵	۰/۱۷۰ ± ۰/۰۳۸	۰/۰۵۰ ± ۰/۰۱۵			-۱۰۶۵۸/۱۵
	۳	۱۴/۱۸		۶/۱۲		۷۶/۴۲	۹۶/۷۱	۰/۱۵۰ ± ۰/۰۳۸		۰/۰۶۰ ± ۰/۰۱۶		-۱۰۶۴۸/۷۳
	۴	۱۶/۴۳		۸/۱۰	-۳/۴۳	۷۵/۲۵	۹۶/۳۶	۰/۱۷۰ ± ۰/۰۴۰		۰/۰۸۰ ± ۰/۰۱۸	-۰/۳۰۰	-۱۰۶۴۷/۷۱
	۷	۱۳/۲۸	۲/۲۸	۴/۴۸		۷۶/۳۳	۹۶/۳۶	۰/۱۴۰ ± ۰/۰۴۰	۰/۰۲۰ ± ۰/۰۱۷	۰/۰۵۰ ± ۰/۰۱۸		-۱۰۶۴۸/۹۹
	۸	۱۵/۶۱	۱/۹۸	۶/۴۵	-۳/۰۹	۷۵/۱۸	۹۶/۱۳	۰/۱۶۰ ± ۰/۰۴۰	۰/۰۲۰ ± ۰/۰۱۷	۰/۰۷۰ ± ۰/۰۱۸	-۰/۳۱۰	-۱۰۶۴۸/۱۳
EP	۱	۱۲۰/۸۸				۲۸۵/۸۲	۴۰۶/۷۱	۰/۳۰۰ ± ۰/۰۴۳				-۱۰۹۷۲/۸۸
	۲	۱۰۰/۳۸	۱۸/۲۰			۲۸۵/۸۵	۴۰۴/۴۴	۰/۲۵۰ ± ۰/۰۴۸	۰/۰۴۵ ± ۰/۰۲۰			-۱۰۹۶۹/۱۸
	۳	۹۶/۱۶		۱۹/۲۰		۲۹۰/۶۲	۴۰۵/۹۷	۰/۲۴۰ ± ۰/۰۴۷		۰/۰۵۰ ± ۰/۰۲۰		-۱۰۹۶۶/۴۰
	۴	۱۱۰/۸۷		۳۱/۷۷	-۰/۰۵۰	۲۸۳/۲۴	۴۰۲/۹۸	۰/۲۷۰ ± ۰/۰۴۷		۰/۰۸۰ ± ۰/۰۲۰	-۰/۳۸	-۱۰۹۶۶/۳۰
	۷	۹۲/۵۸	۹/۳۰	۱۳/۴۰		۲۸۹/۶۳	۴۰۲/۸۶	۰/۲۳۰ ± ۰/۰۴۹	۰/۰۲۳ ± ۰/۰۲۱	۰/۰۳۰ ± ۰/۰۲۱		-۱۰۹۵۷/۷۳
	۸	۱۰۷/۸۱	۸/۹۰	۲۵/۴۷	-۰/۰۵۰	۲۸۲/۱۴	۴۰۲/۲۳	۰/۲۷۰ ± ۰/۰۴۹	۰/۰۲۲ ± ۰/۰۲۳	۰/۰۶۰ ± ۰/۰۲۱	-۰/۴۲	-۱۰۹۶۶/۱۰

Ψ ، واریانس h_a^2 ژنتیکی افزایشی مستقیم؛ σ_c^2 ، واریانس محیطی مشترک؛ σ_m^2 ، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری؛ σ_{am} ، کواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری؛ σ_e^2 ، واریانس باقی مانده؛ σ_p^2 ، واریانس فنوتیپی؛ ، وراثت پذیری مستقیم c^2 ، نسبت واریانس محیطی مشترک به واریانس فنوتیپی؛ h_m^2 ، وراثت پذیری مادری، r_{am} ، همبستگی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری؛ SE ، انحراف خطا؛ LogL ، لگاریتم درست‌نمایی؛ BW۶WK ، ورن بدن در ۶ هفتگی EWT ؛ ورن تخم مرغ؛ ASM ، سن بلوغ جنسی و EP ، تولید تخم مرغ.

به ترتیب ۰/۰۴۷ و ۰/۰۵۰ برآورد شدند. با درنظر گرفتن کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (مدل ۴) افزایش لگاریتم درست‌نمایی نسبت به مدل ۳ معنی‌دار ($p<0/01$) بود. همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری براساس مدل ۴ معادل ۰/۳۸۰- برآورد شد. این برآورد منفی، وراثت پذیری مستقیم و مادری را به ترتیب، ۲۵/۴ و ۶۰ درصد نسبت به مدل ۳ افزایش داد. با برازش هر دو اثر ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی مادری (مدل، ۷) لگاریتم درست‌نمایی افزایش و پارامترهای c^2 و h_m^2 کاهش معنی دار ($p<0/01$) نسبت به مدل‌های ۲ و ۳ داشت. مقایسه نتایج این مدل‌ها نشان می‌دهد که حذف هر یک از این دو عامل از مدل، باعث بیش از حد برآورد شدن عامل دیگر می‌شود (جدول ۲). وجود کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در مدل ۸ باعث شد که افزایش لگاریتم درست‌نمایی نسبت به مدل ۷ معنی‌دار ($p<0/01$) باشد. بنابراین، با توجه به این نتایج مدل ۸ مناسب ترین مدل برای وزن ۶ هفتگی در نظر گرفته شد. بر اساس این مدل، مقادیر برآورد شده برای c^2، h_m^2 و r_{am} به ترتیب، ۰/۳۴۰، ۰/۰۴۰، ۰/۰۵۰ و ۰/۶۷۰- بود. از مقایسه نتایج این مدل با مدل‌های ۲، ۳ و ۷ مشخص می‌شود که وزن بدن در ۶ هفتگی بیشتر تحت تاثیر عامل ژنتیکی مادری بوده و تاثیر عامل محیطی مشترک مادری بر آن ناچیز است.

برای صفت وزن تخم مرغ وراثت‌پذیری مستقیم حاصل از مدل ۱ معادل ۰/۶۲۰ بود (جدول ۲). تاثیر برازش اثر محیطی مشترک مادری (مدل ۲) یا اثر ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳) در کاهش وراثت‌پذیری مستقیم معنی‌دار بوده، به‌طوری که مقدار آن از ۰/۶۲۰ درمدل ۱ به ۰/۵۶۰ در مدل ۲ و ۰/۴۶۹ در مدل ۳ (به ترتیب، کاهش معادل ۱۱ و ۲۴/۴ درصد) تغییر یافت. در این مدل‌ها،۶/۷ درصد تغییرات فنوتیپی ناشی ار اثر محیطی مشترک مادری و ۱۲/۸ درصد آن ناشی از اثر ژنتیکی افزایشی مادری بود. با در نظر گرفتن کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در مدل ۳ (مدل ۴) افزایش لگاریتم درست‌نمایی معنی دار نبود ($p>0/05$). بر اساس این مدل، مقدار وراثت پذیری مادری معادل مدل ۳ و همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری نیز بسیار ناچیز (۰/۰۱۳) برآورد شد. همچنین در نظر گرفتن اثر محیطی مشترک مادری همراه با اثر ژنتیکی افزایشی مادری بدون برازش کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (مدل۷) و با برازش آن (مدل ۸) نیز تغییر معنی‌داری را در لگاریتم درست‌نمایی ایجاد نکرد. لذا برای وزن تخم مرغ مدل ۳ به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد.بر اساس این مدل، مقدار h_a^2 و h_m^2 به ترتیب، ۰/۴۶۹ و ۰/۱۲۸ برآورد گردید (جدول ۲).

برآورد وراثت پذیری مستقیم از مدل ۱ برای سن بلوغ جنسی ۰/۲۴۰ بود. برای این صفت نسبت واریانس محیطی مشترک مادری (مدل۲) و واریانس ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳) به واریانس فنوتیپی نیز نسبتاً ناچیز (به ترتیب ۰/۰۵۰ در مدل۲ و ۰/۰۶۰ در مدل۳) اما معنی‌دار ($p<0/01$) بود و وجود هر یک از آن‌ها در مدل باعث کاهش وراثت پذیری مستقیم از ۰/۲۴۰ در مدل ۱ به ۰/۱۷۰ در مدل ۲ و ۰/۱۵۰ در مدل ۳ گردید (جدول ۲). در برازش مدل ۴، اگرچه به علت برآورد منفی برای همبستگی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (۰/۳۰۰-) وراثت پذیری مادری افزایش یافت (۰/۸۰ در مقایسه با ۰/۰۶۰)، اما تغییر معنی‌داری در لگاریتم درست‌نمایی ایجاد نکرد ($p>0/05$). همچنین، با توجه به معنی‌دار نبودن افزایش لگاریتم درست‌نمایی در برازش مدل‌های ۷ و ۸، مدل ۳ به‌عنوان مناسب‌ترین مدل برای صفت سن بلوغ جنسی در نظر گرفته شد. بر اساس این مدل، برآورد h_a^2 و h_m^2 به ترتیب، ۰/۱۵۰ و ۰/۰۶۰ بود.

برای تولید تخم‌مرغ ۲۵ تا ۵۰ هفتگی با برازش مدل ۱ مشخص شد که ۳۰ درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم می‌باشد (جدول ۲). با در نظر گرفتن اثر محیطی مشترک مادری (مدل ۲) یا اثر ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳)، c^2 و h_m^2 به ترتیب، ۰/۰۴۵ و ۰/۰۵۰ برآورد شد. تاثیر وجود هر یک از این دو عامل بر صفت تحت مطالعه معنی‌دار ($p<0/01$) بود. به دلیل این تاثیر وراثت‌پذیری مستقیم از ۰/۳۰۰ در مدل ۱ به ۰/۲۵۰ در مدل ۲ و ۰/۲۴۰ در مدل ۳ کاهش یافت. با قرار دادن کواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در مدل ۳ (مدل ۴) و همچنین افزودن اثر محیطی مشترک مادری در مدل ۳ با و بدون برازش کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری تغییر لگاریتم درست‌نمایی معنی‌دار نبود. لذا برای تولید تخم مرغ ۲۵ تا ۵۰ هفتگی نیز مدل مناسب مدل ۳ بود. بر اساس این مدل، h_a^2 و h_m^2 به ترتیب، ۰/۲۴۰ و ۰/۰۵۰ برآورد شد (جدول ۲).

اثر عوامل مادری با استفاده از مقایسه مولفه‌های برآورد شده از مدل‌های برادر-خواهران ناتنی پدری، مادری و برادر-خواهران تنی بدون تفکیک آنها به واریانس‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیطی مادری بررسی شده است. دراین بررسی‌ها زیاد بودن وراثت‌پذیری حاصل از اطلاعات برادر-خواهران ناتنی مادری و برادر-خواهران تنی در مقایسه با برادر-خواهران ناتنی پدری ناشی از آثار مادری گزارش شده است (۳، ۴). همچنین، زیاد بودن وراثت پذیری حاصل از اطلاعات برادر-خواهران تنی و ناتنی مادری در مقایسه با برادر-خواهران ناتنی پدری برای صفات تولیدی و تولید مثل در مرغ‌های بومی‌استان فارس ایران نیز گزارش شده است (۱). در این مطالعات، تفاوت برآوردهای وراثت‌پذیری را ناشی از آثار مادری، اثر ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس در مولفه‌های مادری و اثر غیر افزایشی در مولفه‌های برادر-خواهران تنی گزارش نموده‌اند که با نتایج تحقیق حاضر مبنی بر تاثیر عوامل مادری بر صفات مورد مطالعه مطابقت دارد.

وجود اثر عوامل مادری با استفاده از مدل‌های حیوان در بررسی‌های محدود توسط برخی محققین گزارش داده شده است. در مطالعه Koerhuis و McKay(۸)، وراثت‌پذیری برآورد شده برای وزن بدن در ۴۲ روزگی، سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ و تولید تخم با استفاده از مدل حیوان و روش REML به ترتیب، ۰/۲۹، ۰/۳۴، ۰/۵۵ و ۰/۱۴ گزارش شده است.در مطالعه این محققین، مقدار برآورد اثر محیطی مشترک مادری بسیار کم (بین ۲ تا ۳ درصد) بود. در مطالعه دیگری که توسط Koerhuis و Thompson (۹) بر روی وزن بدن جوجه‌های گوشتی انجام شد، دامنه وراثت‌پذیری مادری از ۲ تا ۴ درصد و نسبت واریانس محیطی مشترک مادری به واریانس فنوتیپی از ۵ تا ۶ درصد و همبستگی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری منفی (۰/۵۴-) گزارش شد که مشابه با نتایج تحقیق حاضر می‌باشد. در بررسی Le Bihan-Duval و همکاران (۱۰) نیز بر روی داده‌های وزن بدن در جوجه‌های گوشتی، ۳ تا ۸ درصد تغییرات فنوتیپی به اثر محیطی مشترک مادری نسبت داده شده است. این عوامل برای اثر ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی مشترک مادری در مرغان بومی جنوب شرقی مکزیک توسط Prado-Gonzalez و همکاران (۱۴) به ترتیب ۱۶ درصد و ۸ درصد تغییرات فنوتیپی گزارش شده است. اثر ژنتیکی افزایشی و محیطی مادری با استفاده

از اطلاعـات وزن بدن و تعداد تخم در بوقلمون با برازش مدل‌های مشـابه مدل‌هـای ۱، ۲ و ۳ تحقیق حاضر بررسـی و مقدار وراثت‌پذیری مسـتقیم صفت تعداد تخم به ترتیب، ۰/۳۷، ۰/۳۲ و ۰/۳۱ برآورد شد (۵).

نتایج بررسـی حاضر نشـان داد کـه با برازش یک مدل سـاده حیوان (مدل بدون اثر ژنتیکی افزایشـی مادری و محیطی مشترک مادری) مقدار وراثت‌پذیری مسـتقیم بیش از حد برآورد می‌شـود. همچنین مشخص شد کـه تاثیر مقدار و علامت کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشـی مسـتقیم و مادری بر برآوردهای وراثت‌پذیری مسـتقیم و مادری صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسـی و تعداد تخم نسبتاً زیاد اسـت. با منظور نمودن این عامل در مدل، با وجود عدم افزایش معنی‌دار در لگاریتم درسـت‌نمایی برخی صفات تحت مطالعه، تغییر در مقادیر وراثت پذیری مسـتقیم و مادری نسـبت به مدل‌های بـدون کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشـی مسـتقیم و مادری قابل ملاحظه می‌باشد.

سپاسگزاری

بدین‌وسـیله از مرکز پرورش لاین زیاران به جهت در اختیار قرار دادن داده‌ها صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

۱- نیـک بین، س.، واعظ ترشـیزی ر. و میـر حسـینی، س. ض.، ۱۳۸۱؛ برآورد پارامترهـای ژنتیکـی صفات تولیـدی و تولید مثل مرغ‌های بومی‌اسـتان فارس با اسـتفاده از گروه‌های ناتنی پدری، گروه‌های تنـی و مدل حیوان. مجموعه مقالات دومین سمینار پژوهشـی طیور کشور. موسسـه تحقیقات علوم دامی‌کشور، کرج، ص ۱۴۵-۱۳۷.

2- Aggrey, S. E. and Cheng, K. M., 1994; Animal model analysis of genetic (co)variances for growth traits in Japanese quail. Poult. Sci. 73: 1822-1828.

3- Akbas, A., Unver, Y., Oguz, I. and Aitan, O., 2002; Estimation of genetic parameters for clutch traits in laying hens. Proc. 7th world congr. on genet. applied to livest. Prod., Montpellier, France.

4- Chamber, J. R., 1990; Genetics of growth and meat production in chicken. In Crowford, R.D. (Eds.) Poultry Breeding and Genetics. , Elsevier, Netherland. pp: 599-664.

5- Chapuis, H., Tixier-Boichard, M., Delabrosse, Y. and Ducrocq, V., 1996; Multivariate restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters for production traits in three selected turkey strains. Genet. Sel. Evol. 28: 197-215.

6- Dabson, A. J., 1991; An intoduction to generalized linear models. Chapman and Hall, London, UK. pp: 74.

7- Fogarty, N. M., 1995; Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: A review. Anim. Breed. Abst. 63: 101-144.

8- Koerhuis, A. N. M. and Mckay, J. C., 1996; Restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters on egg production traits in relation to juvenile body weight in broiler chicken. Livest. Prod. Sci. 46: 117-127.

9- Koerhuis, A. N. M. and Thompson, R., 1997; Models to estimate maternal effects for juvenile body weight in broiler chickens. Genet. Sel. Evol. 29: 225-249.

10- Le Bihan-Duval, E., Mignon-Grasteau, S., Millet, N. and Beaumont, C., 1998; Genetic analysis of selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. Brit. Poult. Sci. 39: 346- 353.

11- Meyer, K., 2000; DFREML. Version 3.0 -Programs to estimate variance components by restricted maximum likelihood using derivative-free algorithm. User notes. Animal genetics and breeding unit. Univ. New England, Armidale, NSW, Australia. pp: 84.

12- Meyer, K., 1994; Estimation of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. Livest. Prod. Sci. 38: 91-105.

13- Nedler, J. A. and Mead, R., 1965; A simple method for function minimization. Computer J. 7: 145-151.

14- Prado-Gonzalez, E. A., Ramirez-Avila, I. and Segura-Correa, J. C., 2003; Genetic parameters for body weights of creole chickens from Southeastern Mexico using an animal model. Livest. Res. For Rural. Devel. 15 (1).