

بررسی ژنتیکی واریانس باقیمانده برای وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی مرغان بومی آذربایجان

وحید شاهی^۱، صادق علیجانی^{۲*}، آرش جوانمرد^۳ و مجید علیایی^۳

شماره صفحات

۸۱-۸۹

(۱) دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران.

(۲) دانشیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران.

(۳) استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران.

* نویسنده مسئول: sad-ali@tabrizu.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۶/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۹/۲۳

چکیده

در دامپروری، ارزیابی صحیح ژنتیکی صفات تولیدی با پیش فرض اولیه وجود همگنی در واریانس باقیمانده صورت می‌پذیرد، در صورتیکه همگنی واریانس باقیمانده با وجود عواملی همچون سطوح مختلف تولید و اخذ داده در زمان‌ها و شرایط محیطی مختلف بعید به نظر می‌رسد. هدف از پژوهش حاضر بررسی ژنتیکی واریانس باقیمانده صفات وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی مرغان بومی آذربایجان بود. مجموعه داده‌ها شامل ۸۲۸۳ رکورد وزن تخم‌مرغ (EW) و ۶۶۰۸ رکورد سن بلوغ جنسی (ASM) مربوط به ۹ نسل از مرکز پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی آذربایجان غربی بود. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده از نرم افزارهای خانواده BLUPF90 استفاده شد. وراثت پذیری صفات EW و ASM در مدل تک صفتی به ترتیب برابر با 0.288 ± 0.022 و 0.355 ± 0.127 برآورد گردید. وراثت پذیری واریانس باقیمانده این صفات به ترتیب برابر با 0.0484 ± 0.004 و 0.0005 ± 0.002 برآورد گردید که نشان دهنده احتمال پایین پیشرفت ژنتیکی این صفات با اعمال انتخاب مستقیم ژنتیکی است. مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات و واریانس باقیمانده آن‌ها به ترتیب برابر با $0.154 -$ و $0.076 -$ برآورد شد که حاکی از آن است با انتخاب ژنتیکی برای ارتقا صفت EW، ارزش ژنتیکی برای یکنواختی آن‌ها بهبود پیدا خواهد کرد ولی در صورت کاهش صفت ASM، نتایج مورد انتظار مطلوب نخواهد بود. به عنوان نتیجه‌گیری نهایی برای برآورد دقیق ارزش اصلاحی و رتبه بندی بر اساس صفات تولیدی در طیور توجه ویژه به ناهمگنی واریانس و اعمال تصحیحات لازم اجتناب ناپذیر می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: مرغان بومی، واریانس باقیمانده، همبستگی ژنتیکی و یکنواختی تولید.

مقدمه

امروزه وجود یکنواختی در محصولات دامی قابل عرضه در بازار، معیاری اقتصادی و مشتری محور محسوب می‌شود (Mulder *et al.*, 2008). همچنین در صنعت پرورش طیور بومی یکنواختی در پرورش پرندگان به منظور تولید محصولات پروتئینی استاندارد و با کیفیت بالا تأثیر گذار است. در دامپروری، ارزیابی صحیح ژنتیکی صفات تولیدی با پیش فرض اولیه وجود همگنی در واریانس باقیمانده صورت می‌پذیرد، در صورتیکه عواملی همچون سطوح مختلف تولید و اخذ داده در زمان ها و محیط های مختلف این فرض بعید به نظر می‌رسد و در نتیجه منجر به تغییر در ارزیابی و رتبه بندی مبتنی بر ارزش اصلاحی می‌شود (Neves *et al.*, 2011).

پیامد های منفی نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس باقیمانده و ژنتیکی در مطالعات زیادی گزارش شده است. عدم توجه به همگنی یا ناهمگنی واریانس باقیمانده در ارزیابی های ژنتیکی منجر به کاهش پاسخ انتخاب، میزان پیشرفت ژنتیکی کمتر از حد انتظار و ایجاد تغییرات کاذب در رتبه بندی ارزیابی های مبتنی بر مدل های حیوانی می‌شود. مطالعات پیشین نشان می‌دهد ناهمگنی واریانس منجر به برآورد بیش از حد واقعی ارزش اصلاحی در دام های حاوی ارزش میانگین بالا در گله های با واریانس بالا می‌گردد. در واقع میزان برآورد ارزش اصلاحی و مولفه های واریانس در مدل های حیوانی تابع واریانس درون گله می‌باشد و عوامل مختلفی همانند سطوح تولید، موقعیت جغرافیایی محل پرورش، اندازه گله، دوره تولید، میزان واریانس باقیمانده را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Ehsaninia *et al.*, 2020).

یکی از مشکلات اصلی در بررسی ناهمگنی ژنتیکی واریانس باقیمانده برآورد آن است. دو روش آماری برای برآورد اجزای واریانس و بررسی یکنواختی بخش واریانس باقیمانده صفات وجود دارد. روش اول معروف به روش دو مرحله ای و روش دوم استفاده از مدل ساختاری است (Cardoso *et al.*, 2005). در روش دو مرحله ای از مدل حیوانی تک متغیره برای تجزیه و تحلیل صفت مورد نظر استفاده می‌شود. با استفاده از این روش برای هر رکورد باقیمانده مربوط برآورد شده و در مرحله دوم باقیمانده ها به توان دو رسانده و لگاریتم طبیعی مربوطه محاسبه می‌شود، در نهایت، با استفاده از یک رویکرد دو مرحله ای مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. استفاده از این روش برای برآورد اجزای واریانس بخش باقیمانده منجر به حدوث آریبی در برآورد اجزای واریانس می‌شود (Rönnegård *et al.*, 2013). محققین مختلفی این مدل ها را در زمینه بیزی، با استفاده از نمونه گیری زنجیره مارکف مونت کارلو^۱ (MCMC) بکار گرفتند. علاوه بر روش استفاده از مدل های ساختاری، روش آماری دیگری وجود دارد که در یک تجزیه، اجزای واریانس باقیمانده ها و میانگین صفت برآورد می‌شود. مشکل این روش عدم برآورد

¹ Markov Chain Monte Carlo

همبستگی ژنتیکی بین ارزش اصلاحی بخش میانگین و واریانس باقیمانده صفت می باشد، لازم به ذکر است که اریب ناشی از روش اول در این روش وجود ندارد.

Rönnegård و همکاران (۲۰۱۰) برای اولین بار در زمینه اصلاح دام و طیور، روش مدل های خطی تعمیم یافته دو مرحله ای^۲ (DHGLM) را ارائه کردند. با توجه به تحقیقات انجام شده، کنترل ژنتیکی واریانس باقیمانده را در برخی از صفات تولیدی مورد بررسی قرار داده اند (Silva et al., 2021; Yousefi Zonuz et al., 2019). قیاسی و همکاران (۲۰۱۷) در تحقیقی به بررسی برآورد و امکان سنجی انتخاب فراسنجه های ژنتیکی برای افزایش یکنواختی وزن بدن در بلدرچین ژاپنی پرداختند، در این بررسی واریانس ژنتیک افزایشی برای بخش میانگین و بخش واریانس باقیمانده به ترتیب ۱۸۹/۵۵ و ۰/۱۸ با استفاده از نرم افزار ASREML برآورد شد. نتایج این بررسی نشان داد، بخش واریانس باقیمانده صفت وزن بدن بلدرچین ژاپنی در ۲۸ روزگی تحت تأثیر ژنتیک افزایشی است. با وجود مشاهده وراثت پذیری پایین برای بخش واریانس باقیمانده، واریانس ژنتیک افزایشی قابل توجهی برآورد شد همچنین همبستگی ژنتیکی منفی بین میانگین و واریانس باقیمانده گزارش شد. در ارتباط با صفات تولیدی مرغان بومی، تحقیقات اندکی صورت گرفته است اما در مورد مرغان صنعتی مطالعاتی در مورد کاهش واریانس باقیمانده از طریق انتخاب ژنتیکی و بالا بردن یکنواختی صورت گرفته است (Rowe et al., 2006; Mulder et al., 2009). در تحقیق انجام یافته توسط یوسفی و همکاران (۲۰۱۹) نشان داده شد که صفت وزن تفریح ضریب تغییرات ژنتیکی بالایی برای واریانس باقیمانده دارد؛ اما وراثت پذیری آن در حد پایینی قرار دارد، همبستگی ژنتیکی بین وزن تفریح و واریانس باقیمانده آن منفی بوده که در این حالت با انتخاب ژنتیکی برای وزن تفریح واریانس باقیمانده کاهش خواهد یافت و یکنواختی صفت افزایش پیدا خواهد کرد. با این حال، چنین تحقیقی در مورد صفات وزن تخم مرغ^۳ (EW) و سن بلوغ جنسی^۴ (ASM) برای مرغان بومی انجام نگرفته است، بنابراین با توجه به اهمیت موضوع، این پژوهش با هدف برآورد پارامتر های ژنتیکی و بررسی ژنتیکی واریانس باقیمانده صفات وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی در مرغ های بومی آذربایجان انجام پذیرفت (Yousefi Zonuz et al., 2019).

مواد و روش ها

در اصلاح نژاد طیور بومی صفاتی همچون، سن بلوغ جنسی و وزن تخم مرغ مانند اکثر صفات کمی از لحاظ اقتصادی حائز اهمیت فراوانی می باشند. سن بلوغ جنسی در واقع زمانی است که مرغ اولین تخم خود را تولید می کند و در مورد گله نیز سن بلوغ جنسی از میانگین تولید افراد گله تعیین می گردد. سن بلوغ جنسی گله معمولاً بین ۱۴۵ تا ۱۷۰ روزگی قرار دارد با توجه به ماهیت این صفت، عواملی از جمله وراثت و برنامه نوری روی این صفت تأثیر گذارند، اقتصادی ترین سن شروع تولید نسبت

² Double Hierarchical Generalized Linear Model

³ Egg Weight

⁴ Age at Sexual Maturity

به نژاد و کشور های مختلف به دلیل تنوع در سیستم‌های تخم گذاری متفاوت است. عوامل مختلفی مانند نژاد، وزن بدن در سن بلوغ جنسی و تولید سالیانه روی وزن تخم‌مرغ تاثیرگذار است، بطوری که مرغان با تولید بالا، اندازه تخم‌مرغ کوچکتری دارند. بین وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی رابطه مثبتی وجود دارد. غیر از عوامل ژنتیکی، عوامل محیطی، دما و تغذیه بر اندازه تخم‌مرغ موثر است. در این تحقیق از داده های مرکز پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی آذربایجان غربی استفاده شد. این مرکز در ۲۷ کیلومتری شهرستان ارومیه واقع در جاده طلاپه می باشد که از سال ۱۳۶۷ فعالیت خود را آغاز کرده است. داده های استفاده شده مربوط به صفت وزن تخم‌مرغ در سن ۳۲ هفتگی (EW) و سن بلوغ جنسی (ASM) بوده و به ترتیب شامل تعداد ۸۲۸۳ و ۶۶۰۸ رکورد برای ۹ نسل مرغان بومی آذربایجان بود. برای شروع انجام تجزیه و تحلیل آماری هدف، گام های ذیل برای پیش پردازش داده ها انجام گرفت؛ ویرایش داده های خام توسط نرم‌افزار SAS 9.3 (2009)، آماده سازی و استخراج اطلاعات مربوط به فایل شجره با استفاده از نرم افزار CFC (Sargolzaei *et al.*, 2006) استفاده گردید و پس از حصول اطمینان و اعتبار سنجی داده های خام، تنوع ژنتیکی در واریانس باقیمانده با استفاده از روش دو مرحله ای مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. با توجه به روش دو مرحله ای برای بررسی همگنی در ابتدا برای هر کدام از صفات، مدل های آماری زیر با استفاده از نرم افزار های خانواده (Misztal *et al.*, 2002) BLUPF90 از نظر عملکرد برازش و مورد مقایسه قرار گرفتند.

$$y = X\beta + Zu + e \quad (\text{مدل ۱})$$

$$y = X\beta + Zu + Wmg + e \quad (\text{مدل ۲})$$

$$y = X\beta + Zu + Wmg + Mmpe + e \quad (\text{مدل ۳})$$

در این مدل ها y بردار مشاهدات، β بردار اثر ثابت شامل نسل_نوبت جوجه‌کشی، u : بردار ارزش های ژنتیک افزایشی مرغ ها، mg : بردار اثرات ژنتیک مادری، mpe : بردار اثرات محیط دائم مادری، e : بردار اثرات باقیمانده تصادفی بود. همینطور ماتریس های X, Z, W, M به ترتیب ماتریس های ضرایب اثرات ثابت، اثرات تصادفی ژنتیک افزایشی، اثرات تصادفی ژنتیک مادری و اثرات تصادفی محیط مادری می باشند. در مرحله اول، برای تک تک صفات با استفاده از شاخص AIC^5 مدل مناسب مشخص گردیده و به دنبال آن با این مدل ها تجزیه و تحلیل ژنتیکی تک صفت صورت گرفت.

سپس باقیمانده های مدل برازش شده استخراج و پس از به توان دو رساندن، لگاریتم طبیعی آن ها بدست آمد. در مرحله بعد مقادیر $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ توسط مدل ۱ مورد تجزیه و تحلیل ژنتیکی قرار گرفته و پارامتر های ژنتیکی برای واریانس باقیمانده برآورد گردید. در آخر رکورد صفات همراه با $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ مربوطه و بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیک مادری و محیط دائم مادری برای $\ln(\hat{\epsilon}^2)$ با مدل ۴ بصورت دو صفته آنالیز ژنتیکی شد.

$$\begin{bmatrix} y \\ \ln(\hat{\epsilon}^2) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_y & 0 \\ 0 & x_{\ln(\hat{\epsilon}^2)} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ b^* \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_y & 0 \\ 0 & z_{\ln(\hat{\epsilon}^2)} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a \\ a^* \end{bmatrix} + w_y d_y + \begin{bmatrix} e_y \\ e_{res} \end{bmatrix} \quad (\text{مدل ۴})$$

⁵ Akaike Information Criterion

به ترتیب y بردار مشاهدات، $\ln(e^2)$ بردار لگاریتم طبیعی صفت، x_y و $x_{\ln(e^2)}$ ماتریس های طرح برای اثرات ثابت صفت و لگاریتم طبیعی صفت، b و b^* بردار پاسخ برای اثرات ثابت، z_y و $z_{\ln(e^2)}$ ماتریس های طرح اثرات ژنتیکی افزایشی برای صفت و لگاریتم طبیعی صفت، a و a^* بردار پاسخ برای اثرات ژنتیکی صفت و لگاریتم طبیعی صفت، w_y ماتریس طرح برای اثرات مادری، d_y ماتریس طرح برای محیط دائم مادری، e_y و e_{res} بردار باقیمانده برای صفت و لگاریتم طبیعی صفت هستند. مجدداً پارامتر های ژنتیکی به همراه همبستگی های ژنتیکی برای صفات و $\ln(\hat{e}^2)$ مربوطه برآورد گردیدند.

برای محاسبه وراثت پذیری واریانس باقیمانده ها و ضریب تغییرات ژنتیکی^۶ (GCV) از فرمول های زیر استفاده گردید (Mulder *et al.*, 2009):

$$h_v^2 = \sigma_{Av}^2 / (2\sigma_p^4 + 3\sigma_{Av}^2) \quad [1] \quad \sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_{mg}^2 + \sigma_e^2 \quad [2] \quad GCV = \frac{\sigma_{Av}}{\sigma_e} \quad [3]$$

که به ترتیب h_v^2 وراثت پذیری واریانس باقیمانده، σ_{Av}^2 واریانس ژنتیک افزایشی باقیمانده، σ_p^2 واریانس فنوتیپی، σ_g^2 واریانس ژنتیکی، σ_{mg}^2 واریانس ژنتیک مادری، σ_e^2 واریانس باقیمانده و GCV ضریب تغییرات ژنتیکی می باشد. برای صفت EW از فرمول ۲ برای محاسبه واریانس فنوتیپی استفاده شد و برای صفت ASM مولفه واریانس محیط دائم مادری نیز به این فرمول اضافه گردید.

نتایج و بحث

آماره های توصیفی شامل میانگین، انحراف معیار و سایر شاخص های توصیفی برای دو صفت ASM و EW به همراه اطلاعات شجره ای در جدول ۱ نشان داده شده است. با توجه به مقدار ضریب تغییرات (۱۰/۰۵ در برابر ۷/۸۱) مشاهده می گردد که میزان تغییرات در صفت ASM بالاتر از صفت EW می باشد، لذا برای این صفت موضوع همگن سازی از اهمیت بیشتری برخوردار است.

جدول (۱) آمار توصیفی رکورد های مربوط به صفات و خلاصه اطلاعات شجره ای

اطلاعات شجره	اطلاعات صفات	
	سن بلوغ جنسی (روز)	وزن تخم مرغ (گرم)
تعداد	۸۲۸۳	۶۶۰۸
میانگین	۱۸۴/۷۷	۵۱/۰۵
حداقل	۱۳۳/۰۰	۳۶/۰۰
حداکثر	۲۴۴/۰۰	۶۷/۹۰
انحراف معیار	۱۸/۵۷	۳/۹۹
ضریب تغییرات (/)	۱۰/۰۵	۷/۸۱

^۶ Genetic Coefficient of Variation

میانگین وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی مرغ بومی آذربایجان بالاتر از مرغ بومی استان یزد و مرغ بومی استان خراسان رضوی بدست آمد، نتایج نشان می‌دهد که مرغ بومی این منطقه از وضعیت نسبتاً مناسبی برخوردار می‌باشد (Emamgholi et al., 2017; Ghadamgahi et al., 2010). در جدول ۲ با در نظر گرفتن شاخص AIC، برای صفت EW مدل ۲ مناسب‌ترین مدل بوده و برای صفت ASM مدل ۳ دارای کمترین AIC بود، بنابراین در ادامه تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی از این مدل‌ها استفاده گردید. همانطوری که ملاحظه می‌گردد؛ برای صفت سن بلوغ جنسی علاوه بر ژنتیک افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیک مادری و اثر محیط دائم مادری در مدل باقی ماندند. برای صفت وزن تخم‌مرغ تنها اثر ژنتیک مادری در مدل قرار گرفت.

جدول ۲) مقایسه انواع مدل‌ها با استفاده از معیارهای نیکویی برازش برای صفات وزن تخم‌مرغ و سن بلوغ جنسی

ASM		EW		صفت
AIC	-2LogL	AIC	-2LogL	اثرات موجود در مدل
۶۰۵۷۷/۶۷۲	۶۰۵۷۳/۶۷۲	۴۹۵۱۴/۲۵۲	۴۹۵۱۰/۲۵۲	ژنتیک افزایشی
۵۰۷۷۹/۱۷۶	۵۰۷۷۱/۱۷۶	۳۸۱۱۸/۹۹۶	۳۸۱۱۰/۹۹۶	ژنتیک افزایشی + ژنتیک مادری
۵۰۷۷۶/۴۶۷	۵۰۷۶۶/۴۶۷	۳۸۱۱۹/۱۳۷	۳۸۱۰۹/۱۳۱	ژنتیک افزایشی + ژنتیک مادری + محیط دائم مادری

لازم به ذکر است که برای آنالیز ژنتیکی صفت یکنواختی که بصورت لگاریتم طبیعی توان دوم خطاها تعریف گردید و از مدلی که شامل اثرات ثابت نوبت نسل-جوجه‌کشی و اثر ژنتیک افزایشی بود، استفاده شد. مقادیر مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات تولیدی و لگاریتم طبیعی توان دوم خطاها مربوطه در جدول ۳ آورده شده است. وراثت پذیری صفات EW و ASM در مدل تک‌صفتی به ترتیب برابر با ۰/۲۸۸ و ۰/۳۵۵ و وراثت پذیری واریانس باقیمانده این صفات به ترتیب برابر با ۰/۰۰۴۸۴ و ۰/۰۰۰۰۵ برآورد گردید. مقادیر برآورد شده نشان‌دهنده احتمال پایین پیشرفت ژنتیکی این صفات با اعمال انتخاب مستقیم ژنتیکی است. همچنین، مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات و واریانس باقیمانده آن‌ها به ترتیب برابر با ۰/۱۵۴- و ۰/۰۷۶- برآورد شد که حاکی از آن است با انتخاب ژنتیکی برای ارتقا صفت EW، ارزش ژنتیکی برای یکنواختی آن‌ها بهبود پیدا خواهد کرد، ولی در مورد صفت ASM در صورت کاهش صفت، نتایج مورد انتظار مطلوب نخواهد بود. واریانس افزایشی برآورد شده برای صفات ASM و EW به ترتیب ۱/۰۶ و ۳/۷۸۶ و برای بخش واریانس باقیمانده به ترتیب ۰/۰۳۳ و ۰/۱۲۹ بود. انحراف معیار افزایشی بخش واریانس باقیمانده EW برابر با ۰/۳۵ بود، بنابراین اگر میانگین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای بخش واریانس باقیمانده به میزان یک انحراف معیار از ژنتیک افزایشی کاهش پیدا کند، یکنواختی وزن تخم‌مرغ ۳۵ درصد افزایش پیدا خواهد کرد.

در تحقیق حاضر میزان وراثت پذیری صفت سن بلوغ جنسی ۰/۳۵۵ محاسبه گردید که در مقایسه با تحقیقات انجام شده توسط (Szwaczkowski et al., 2003)، (Emamgholi et al., 2010)، (Chenge et al., 1995) و (Navidizadeh et al., 2009) در مرغ بومی خراسان بالاتر برآورد گردید. (Kianimanesh et al., 2002) وراثت پذیری صفت سن بلوغ جنسی را در مرغ

بومی آذربایجان و مازندران به ترتیب ۰/۲ و ۰/۱۵ گزارش کردند که پایین تر از مقدار برآورد شده است. از دلایل تفاوت در تخمین وراثت پذیری های مطالعات مختلف می توان به عوامل تغذیه‌ای، ساختار ژنتیکی گله، شرایط محیطی و پرورشی اشاره کرد. وراثت پذیری واریانس باقیمانده این صفات به ترتیب برابر با ۰/۰۰۴۸۴ و ۰/۰۰۰۰۵ برآورد گردید که نشان دهنده احتمال پایین پیشرفت ژنتیکی آن ها بر اثر انتخاب مستقیم ژنتیکی خواهد بود. نتایج مشابهی در مورد پایین بودن وراثت پذیری بخش واریانس باقیمانده برای میزان تولید شیر و تعداد سلول های بدنی در گاو شیری (Rönnegård *et al.*, 2013) و وزن بدن در جوجه گوشتی (Mulder *et al.*, 2009) گزارش شده است.

در این تحقیق همبستگی ژنتیکی بین ارزش ژنتیکی مستقیم برای صفات وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی و واریانس باقیمانده آن ها به ترتیب ۰/۱۵۴- و ۰/۰۷۶- برآورد شد. همبستگی برآورد شده منفی بوده، می توان نتیجه گرفت افزایش وزن تخم مرغ که در نتیجه کاهش ارزش اصلاحی واریانس باقیمانده برای افزایش یکنواختی بوده که این همبستگی مطلوب است. به عبارت دیگر با انتخاب برای افزایش وزن تخم مرغ سبب افزایش یکنواختی در مجموعه پرورشی می شود. همانطور که مشاهده می شود در همبستگی منفی، میانگین صفت افزایش پیدا می کند، چون با افزایش میانگین صفت، ارزش اصلاحی واریانس باقیمانده کاهش یافته و یکنواختی صفت افزایش پیدا می کند. در تحقیق دیگری که برای صفت وزن بدن در جوجه های گوشتی صورت گرفت، همبستگی ژنتیکی منفی و مطلوب بین واریانس باقیمانده و بخش میانگین صفت گزارش شد، که با نتایج این تحقیق همخوانی دارد (Mulder *et al.*, 2009).

جدول ۳- مقادیر مولفه های واریانس و پارامتر های ژنتیکی صفات وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی

صفت	σ_A^2	σ_{mat}^2	σ_{mpe}^2	σ_e^2	$h^2 \pm se$	GCV	r_g^*
EW	۳/۷۸۶	۰/۹۲۵	-	۸/۴۵۰	۰/۲۸۸ \pm ۰/۰۲۲	۰/۲۳۰	-۰/۱۵۴
ASM	۱۰۶/۱۰۰	۹/۹۶۲	۶/۶۹۶	۱۷۵/۹۰۰	۰/۳۵۵ \pm ۰/۱۲۷	۰/۰۵۹	-۰/۰۷۶
In($\hat{\epsilon}^2_{EW}$)	۰/۱۲۹	-	-	۵/۰۴۷	۰/۰۰۴۸۴ \pm ۰/۰۰۴	۰/۰۷۱	-
In($\hat{\epsilon}^2_{ASM}$)	۰/۰۳۳	-	-	۴/۸۲۴	۰/۰۰۰۰۵ \pm ۰/۰۰۲	۰/۰۳۸	-

σ_A^2 واریانس ژنتیکی مستقیم، σ_{mat}^2 واریانس ژنتیک مادری، σ_{mpe}^2 واریانس ژنتیکی محیط دائم مادری، σ_e^2 واریانس ژنتیکی باقیمانده،

h^2 وراثت پذیری، GCV ضریب تغییرات ژنتیکی، r_g همبستگی ژنتیکی

نتیجه گیری کلی

در این پژوهش تأثیر ژنتیک افزایشی در واریانس باقیمانده صفات وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی مشخص گردید. از طرفی وراثت پذیری واریانس باقیمانده ها برای این صفات در حد پایینی قرار دارد که نشان دهنده این است که امکان بهبود همگنی برای این صفات از طریق انتخاب مستقیم ژنتیکی موفقیت اندکی خواهد داشت. علاوه بر این میزان ضریب تغییرات ژنتیکی برای واریانس باقیمانده دو صفت نیز (به ترتیب برابر با ۰/۰۷۱ و ۰/۰۳۸ برای صفات EW و ASM) کم بوده و نشان دهنده تنوع ژنتیکی پایین در جمعیت مرغان بومی آذربایجان برای واریانس باقیمانده صفات می باشد.

با بررسی مقادیر همبستگی ژنتیکی مابین ارزش ژنتیکی مستقیم برای خود صفات و واریانس باقیمانده آن‌ها ملاحظه می‌گردد که این همبستگی‌ها منفی بوده و مقدارشان پایین است ($-0/154$ و $-0/076$ به ترتیب برای صفات EW و ASM) که این امر حاکی از این است که با انتخاب ژنتیکی برای بالا بردن صفت وزن تخم مرغ، ارزش ژنتیکی برای یکنواختی آن‌ها بهبود پیدا خواهد کرد ولی در مورد صفت سن بلوغ جنسی، در صورت کاهش صفت، نتایج مورد انتظار مطلوب نخواهد بود، با این تفاسیر برای برآورد دقیق ارزش اصلاحی و رتبه بندی بر اساس صفات تولیدی در طیور توجه ویژه به ناهمگنی واریانس و اعمال تصحیحات لازم اجتناب ناپذیر می‌باشد. از معایب این روش می‌توان به عدم دسترسی به بسته نرم افزاری استاندارد اشاره کرد.

سپاسگزاری

بدینوسیله از مسئولین وزارت جهاد کشاورزی، بویژه از کارشناسان و کارکنان مرکز مرغ بومی ارومیه که همکاری صمیمانه با ما داشتند، اظهار تشکر ویژه می‌شود.

منابع

Cardoso, F. F., Rosa, G. J. M. and Tempelman, R. J. (2005). Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. *Journal of Animal Science* 83: 1766–1779.

Cheng, Y.S., Rouvier, R., Poivey, J.P., Tai, C. (1995). Genetic parameters of body weight, egg production and shell quality traits in the Brown Tsaiya laying duck. *Genetics Selection Evolution* 27(5):459-472.

Ehsaninia, J., and Ghavi Hossein-Zadeh, N. (2020). Heterogeneity of variance components for milk yield test-day records and their effects on genetic parameters and breeding values of Iranian Holstein cows. *Journal of Ruminant Research* 7(4): 93-109.

Emamgholi, B. H., Zerehdaran, S., Hassani, S., Abbasi, M., & Khan, A. A. (2010). Estimation of genetic parameters of economically important traits in native fowl, Yazd Province.

Ghadamgahi, F., Zerehdaran, S., Azari, M. A., & Nasab, M. S. (2017). Genetic characteristics of growth and egg production traits in native fowl of Khorasan Razavi province using Bayesian statistical method. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 9(1).

Ghiasi, H., and Khaldari, M. (2017). The study of possibility of genetic selection in order to increase the uniformity of body weight in Japanese quail." *Iranian Journal of Animal Science* 48(3): 371-377.

Kiani-Manesh, H. R., Nejati-Javaremi, A., & Saneei, D. (2002). Estimation of (co) variance components of economically important traits in Iranian native fowls. *In Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August* (pp. 19-23).

Misztal, I. (2002). Auvray B, Druet T, Lee DH. BLUPF90 and related programs (BGF90). In *Proceedings of 7 th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 2002.*

Mulder, H. A., Bijma, P. and Hill, W. G. (2008). Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. *Genetics Selection Evolution*, 40: 37-60.

Mulder, H. A., Hill, W. G., Vereijken, A. and Veerkamp, R. F. (2009). Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. *Animal*, 3: 1673-1680.

Navidi Zadeh, M. E., Farhangfar, H., Hosseini, S. M., Saghi, D. A., & Mirzaei, R. A. (2010). Estimation of phenotypic and genetic parameters for productive traits of indigenous chickens of Khorasan province. *Animal Sciences Journal*.

Neves, H. H. R., Carneiro, R., Roso, V. M., & Queiroz, S. A. (2011). Genetic variability of residual variance of production traits in Nelore beef cattle. *Livestock Science*, 142(1-3): 164-169.

Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, F., Mulder, H. A. and Strandberg, E. (2010). Genetic heterogeneity of residual variance-estimation of variance components using double hierarchical generalized linear models. *Genetics Selection Evolution*, 42: 8-17.

Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, W. F., Mulder, H. A. and Strandberg, E. (2013). Variance component and breeding value estimation for genetic heterogeneity of residual variance in Swedish Holstein dairy cattle. *Journal of dairy science*, 96: 2627-2636.

Rowe, S. J., White, I. M., Avendaño, S., & Hill, W. G. (2006). Genetic heterogeneity of residual variance in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 38(6): 617-635.

Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J. J. (2006, August). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In *Proceedings of the 8th world congress on genetics applied to livestock production* (pp. 13-18). Belo Horizonte, Minas Gerais.

SAS Institute (2009). SAS Proprietary Software Version 9.3. SAS Institute, Cary, NC. USA.

Silva, A. A., Silva, D. A., Pereira, C. R. M., Abreu, C. P., Caetano, G., Paiva, J. T., ... & Veroneze, R. (2021). Exploring the use of residual variance for uniformity of body weight in meat quail lines using Bayesian inference. *British Poultry Science*, 62(4): 474-484.

Szwaczkowski, Tomasz, Katarzyna Cywa-Benko, and S. Wezyk. (2003). A note on inbreeding effect on productive and reproductive traits in laying hens." *Animal Science Papers and Reports*. 21(2): 121-129.

Yousefi Zonuz, A., S. Alijani, and S. A. Rafat. (2019). Genetic heterogeneity of residual variance of hatch weight in Mazandaran native chicken." *British poultry science* 60(4): 366-372.