دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

برازش منحنی‌های رشد در آمیخته‌های دی آلل بلدرچین ژاپنی و مقایسه الگوهای رشد آمیخته‌ها

خدیجه ابراهیمی[۱]، غلامرضا داشاب[۲]، هادی فرجی آروق[۳] و محمد رکوعی[۴]

۱ و ۲- دانشجوی کارشناسی ارشد و استادیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل
۳- استادیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، پژوهشکده دام‌های خاص، دانشگاه زابل، (نویسنده مسوول: hadifaraji@uoz.ac.ir)
۴- دانشیار اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل
تاریخ دریافت: ۹۶/۸/۹ تاریخ پذیرش: ۹۷/۲/۵

چکیده

بخش قابل توجهی از عملکرد رشد در پرندگان نتیجه اثرات ترکیبی ژن‌ها است که تغییرات آنها نیازمند طراحی یک سیستم مطلوب جفتگیری جهت استفاده از توانایی ترکیبی عام و خاص ژن‌ها است. هدف از مطالعه حاضر بررسی الگوهای رشد ترکیبی چهار سویه مختلف بلدرچین ژاپنی در یک سیستم تلاقی دی آلل جزئی بود. برای این منظور، چهار سویه خالدار ایتالیایی (A)، تکسدو (B)، وحشی (C) و ای ام تگزاس (D) در یک طرح تلاقی دی‌آلل کراس جزئی جهت تولید ترکیب‌های ژنی مختلف در طی چهار نسل استفاده شد. چهار تابع گمپرتز، ریچارد، لجستیک و ویبول برای رکوردهای وزنی ترکیبات مختلف برازش شدند. مناسب‌ترین تابع برای هر ترکیب توسط معیارهای نکویی برازش انتخاب گردید. سپس فراسنجه‌های تابع و الگوهای رشد حاصل از مناسب‌ترین تابع بین ترکیب‌ها مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج معیارهای برازش نکویی نشان داد که تابع گمپرتز مناسب‌ترین تابع برای ترکیب‌های دوتایی AB، BA، CD و DC و ترکیب‌های برگشتی ABCD-DCBA، DCBA-ABCD و تابع ویبول مناسب‌ترین تابع برای ترکیب‌های چهارتایی ABCD و DCBA جهت توصیف رشد بودند. سال و ماه جوجه درآوری بر تمامی الگوهای رشد اثر معنی‌دار داشتند. همچنین، اثر ترکیب‌های مختلف ژنی بر وزن ابتدایی، وزن نهایی، سن و وزن در نقطه عطف و وزن یک‌روزگی معنی‌دار بود ($p<0/05$). اثر جنس پرنده به‌جز در وزن نهایی ٤٥ روزگی در سایر فراسنجه‌های منحنی معنی‌دار نبود ($p>0/05$). ترکیب DC بالاترین وزن ابتدایی و نهایی، سن و وزن در نقطه عطف را نسبت به سایر ترکیب‌ها داشت. ترکیب‌های چهارتایی به‌خصوص ترکیب DCBA بالاترین وزن نهایی، وزن ٤٥ روزگی و نرخ رشد ٤٥ روزگی، اما پایین‌ترین نرخ بلوغ را داشت. سن و وزن در نقطه عطف ترکیب DCBA در بین سایر ترکیب‌ها در حد متوسط بود و عملکرد بهتری نسبت به سایر آمیخته‌ها داشت که می‌تواند به‌دلیل بیشترین مقدار هتروزیس در این ترکیب باشد.

واژه‌های کلیدی: آمیخته‌گری، بلدرچین ژاپنی، توابع رشد، گمپرتز

مقدمه

رشد به‌عنوان تغییرات وزن زنده در واحد زمان تعریف می‌گردد. رشد در پرندگان تحت تأثیر عوامل مختلفی اعم از ژنتیکی، محیطی و اثرات متقابل آنها قرار دارد. روند رشد روندی غیرخطی و سیگموئیدی را در طی دوره‌های زمانی مختلف نشان می‌دهد که این از ویژگی‌های تمام گونه‌ها است. به‌دلیل اهمیت اقتصادی وزن تولد، وزن کشتار و سن در زمان کشتار پرنده و روابط بین آنها، شناخت روابط ژنتیکی و محیطی بین وزن‌های مختلف در تمام مراحل رشد برای طراحی یک برنامه اصلاح نژادی می‌تواند باعث کارآیی برنامه‌های اصلاح نژادی شود (۱۴). لذا با توجه به اهمیت مراحل مختلف رشد در طیور، استفاده از مدل‌های ریاضی جهت توصیف منحنی و تعیین نقاطی که در بین پرندگان تنوع دارد، جهت پیشرفت ژنتیکی حائز اهمیت است. با توجه به وراثت‌پذیر بودن فراسنجه‌های منحنی رشد می‌توان از آنها در توصیف تفاوت‌های بین لاین‌ها، سویه‌ها و درون آنها استفاده نمود و بهترین استراتژی انتخاب جهت پیشبرد اهداف اصلاح نژاد را اتخاذ نمود (۳،۲،۲۴).

با توجه به همبستگی بین فراسنجه‌های منحنی و صفات مرتبط با رشد می‌توان از توابع توصیف کننده رشد برای پیش‌بینی میزان رشد و برآورد تغییرات شکل منحنی در آینده استفاده نمود (۱۵). استفاده از منحنی رشد به‌عنوان ابزار کمکی جهت بهبود مدیریت گله از جهت سلامت و تغذیه یکی دیگر از مزایای توصیف منحنی رشد محسوب می‌شود و می‌توان بهترین زمان کشتار پرنده را تعیین نمود. همچنین، فراسنجه‌های توصیف‌کننده منحنی رشد معیاری است که امکان تغییر بین سن و وزن بدن را با انتخاب فراهم می‌کند (۱۱،۱۶).

مدل‌های ریاضی قادر هستند بر اساس فراسنجه‌های منحنی امکان تفسیر بیولوژیکی روند رشد را ارائه نمایند و از این‌نظر کاربردهای فراوانی در صنعت دام و طیور پیدا کرده است (۱۸،۱،۳۰). مدل‌های مختلف رگرسیون خطی و غیرخطی جهت مدل‌سازی رشد مورد استفاده قرار گرفته است. مدل‌های غیرخطی شکل توسعه یافته از مدل‌های رگرسیونی هستند که در برگیرنده اثرات ثابت (محیطی) و تصادفی می‌باشند و برای توصیف منحنی‌های رشد مورد استفاده قرار می‌گیرند (۵). رشد به‌جهت این که یک مدل سیگموئیدی غیرخطی دارد و نسبت به مدل‌های خطی دارای تعداد محدودی متغیر هستند، قابلیت اعتماد بیشتری نسبت به مدل‌های خطی دارند (۳۴). لذا در بیشتر مطالعات از توابع رگرسیون غیرخطی شامل برودی، لجستیک، گمپرتز، ویبول و ریچارد استفاده شده است و نتایج مختلفی در بین و درون نژادها و لاین‌های انتخابی و غیرانتخابی داشته است (۳۵،۹).

هر یک از توابع رشد خصوصیاتی دارند که باید پیش از انتخاب آن جهت توصیف داده‌ها مورد بررسی قرار گیرند. توابع رشد گمپرتز و لجستیک دارای شکل سیگموئیدی

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]
[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

(S شکل) همراه با نقطه عطفی به‌ترتیب در حدود ۵۰ و ۳۷ درصد وزن بلوغ جسمی می‌باشند. مطالعات نشان داده است که انتخاب تابع رشد وابسته به‌گونه، نژاد، لاین، سویه و برنامه‌های انتخاب جمعیت مورد مطالعه است (۱۰،۱۱). تابع گمپرتز برای اولین بار جهت محاسبه میزان مرگ و میر مورد استفاده قرار گرفت و بعدها به‌جهت داشتن شکل سیگموئیدی به‌عنوان یک تابع ریاضی جهت توصیف سری‌های زمانی به کار گرفته شد (۱۳). تابع دیگر مدل لجستیک یا رگرسیون دوجمله‌ای است که از سوی ورهولست (۳۳) برای رشد تعریف شد. تابع مذکور نقطه عطف مستقل از داده‌های اندازه‌گیری شده دارد و در حدود نیمی از ارزش نهایی واقع شده است و برای پیش‌بینی وقوع یک حادثه در زمان خاص استفاده می‌شود. مدل‌های غیرخطی حداقل دارای سه فراسنجه اصلی شامل وزن بلوغ (A)، نرخ رشد از تولد تا بلوغ یا نقطه عطف منحنی (B) و نرخ بلوغ هستند. بررسی این فراسنجه‌ها و تعیین بهترین مدل توصیف کننده رشد اطلاعات مفیدی جهت انتخاب و تغییرات بعد از انتخاب در اختیار محققین اصلاح نژاد قرار می‌دهد (۴،۳۲). محققین تفاوت‌های بین و درون گونه‌ای را در منحنی رشد گزارش کرده‌اند، که بیشتر تفاوت‌ها در بین گونه‌ها در زمان رسیدن به اوج رشد یا نقطه عطف منحنی‌های رشد است. ریکلف (۲۶) در توصیف منحنی رشد در بلدرچین ژاپنی با مدل گمپرتز گزارش نمودند که رشد اولیه پرنده معیار بسیار مناسبی جهت تعیین وزن نهایی است.

از زمانی که بلدرچین ژاپنی به‌عنوان یک مدل حیوانی مناسب در اصلاح نژاد معرفی گردید، گزارشات مختلفی در ارتباط با اثرات انتخاب، افت به واسطه هم‌خونی و اثر هتروزیس بر صفات تولیدی، رشد و باروی ارائه شده است. در تلاقی بین ماده‌های لاین سنگین وزن با نرهای لاین کنترل، مقدار قابل توجهی هتروزیس در صفت سرعت رشد در جمعیت حاصل (F1) گزارش شد و وزن بدن نسل اول سنگین‌تر از هر دو والد بودند (۲۱). گزارشات مختلفی در مورد هتروزیس بر صفات زنده‌مانی و ماندگاری وجود دارد که دامنه وسیعی در بین پرنده‌ها دارند. همچنین، برتری هتروزیس برای صفات درصد جوجه‌درآوری، نرخ بقا و زنده‌مانی و سن در اولین تخم‌گذاری گزارش شد (۲۰،۲۴).

مقایسه خصوصیات رشد و فراسنجه‌های منحنی رشد سه لاین گوشتی بلدرچین ژاپنی شامل تیپ وحشی، سفید و قهوه‌ای با مدل ریچارد گزارش گردید که فراسنجه‌های منحنی در سه لاین متفاوت از هم هستند و لاین قهوه‌ای در تمام فراسنجه‌های مدل در هر دو جنس کمتر از دو لاین دیگر بودند (۲۹).

حداکثر راندمان در تولید طیور در نتیجه اثرات ترکیبی ژن‌ها شامل توانایی ترکیبی عام و خاص ژن‌های مربوط به دو والد نر و ماده است. توانایی ترکیبی عام مربوط به اثرات افزایشی ژن‌ها است که بهبود در این بخش با انتخاب میسر است، اما توانایی ترکیبی خاص مربوط به‌اثرات ژن‌های غیرافزایشی یا قابلیت ترکیبی آلل‌ها در یک جایگاه و بین جایگاه‌های مختلف در نتیجه اثرات غالبیت و اپیستازی هستند که صرفاً با اتخاذ سیستم‌های جفتگیری مناسب در بین لاین‌ها و نژادهای مختلف میسر می‌شود (۲۰).

با توجه به این که انتخاب در بلدرچین ژاپنی به‌ویژه در ایران در شروع کار قرار دارد، توصیف منحنی رشد و محاسبه متغیرهای آن می‌تواند در تعیین استراتژی اصلاح نژاد مفید باشد (۱۷،۷). لذا هدف از مطالعه حاضر تعیین بهترین تابع توصیف‌کننده منحنی رشد آمیخته‌های حاصل از ترکیب چهار سویه بلدرچین ژاپنی به‌منظور دستیابی به بهترین ترکیب ژنی در نتیجه اثرات ژن‌های غیرافزایشی بر صفات وزن در یک سیستم تلاقی دی آلل جزئی[1] و برآورد فراسنجه‌های بهترین مدل برازش شده می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جمعیت مورد مطالعه

پژوهش حاضر روی سویه‌های موجود در پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل انجام شد. سویه‌های مورد استفاده برای تلاقی چهار نسلی شامل سویه‌های خالدار ایتالیایی (A) (Italian Speckled)، تکسدو (B) (Tuxedo)، وحشی (C) (Wild) و ای ام تگزاس (D) (A&M Texas) بودند. سویه وحشی دارای رنگ‌های مخلوط همراه با رنگ‌های سیاه و سایه‌های مختلف که تفرق رنگ قهوه‌ای دارند، می‌باشد. بلدرچین خالدار ایتالیایی اغلب به‌عنوان سویه تخم‌گذار بوده، اما از لحاظ رشد بالاتر از سویه وحشی است (۲۸). سویه تکسدو جزء بلدرچین‌های دو رنگ است که به رنگ سفید- قهوه‌ای دیده می‌شود و دارای پوشش سفید رنگی در ناحیه سینه و شکم است. بلدرچین ای ام تگزاس دارای رنگ سفید با لکه سیاه در ناحیه سر است که در روز اول، جوجه‌ها به‌صورت رنگ زرد با رنگ سیاه کوچک در ناحیه سر مشاهده می‌شوند (۶،۲۸،۳۱). پرندگان مربوط به چهار سویه خالص بلدرچین ژاپنی استفاده شده در تحقیق حاضر برای صفات وزنی از تولد تا ۴۵ روزگی به فواصل ۷ روزه رکورد برداری شدند. آمار توصیفی صفات وزن سویه‌های نسل پایه در جدول ۱ آمده است. از هر سویه تعداد ۶ نر و ماده به‌طور تصادفی انتخاب و برای شروع آمیخته‌گری استفاده شدند. از طرح تلاقی دی‌آلل کراس جزئی جهت تولید ترکیب‌های ژنی مختلف در طی چهار نسل استفاده گردید (شکل ۱). ترکیب‌های بدست آمده برای چند نسل شامل AB، BA، CD، DC، ABCD، DCBA، ABCD-DCBA و DCBA-ABCD بودند. جوجه‌های بدست آمده از هر ترکیب در روز اول شماره بال خورده و هر ۵ روز تا ۴۵ روزگی وزن‌کشی شدند. در طول دوره رشد و تخم‌گذاری، تمامی ترکیب‌ها از یک جیره استاندارد، شرایط نوری و دمایی یکسانی برخوردار بودند.

رکوردهای وزن که به صورت ۵ روزه از ترکیب‌های مختلف جمع‌آوری شده بود، مورد ویرایش قرار گرفته و بلدرچین‌هایی که قبل از ۳۵ روز تلف شدند در برازش منحنی‌ها مورد استفاده قرار نگرفتند. بعد از ویرایش تعداد ۱۵۱۸ قطعه بلدرچین از هر ترکیب به شرح زیر بود: AB

1- Partial di-allele cross

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

ABCD ،(۱۲۵) DC ،(۱۴۲) CD ،(۱۲۴) BA ،(۱۲۷)
(۱۶۷)، DCBA (۱۷۵)، ABCD-DCBA (۳۵۴) و DCBA-ABCD (۳۰۴) بودند. آمار توصیفی وزن در سن‌های مختلف برای ترکیب‌های مختلف در جداول ۲ و ۳ آورده شده است.

توابع ریاضی استفاده شده در توصیف منحنی رشد: چهار تابع ریاضی غیرخطی برای برازش مدل‌ها انتخاب و برای ترکیب‌های مختلف برازش شده و فراسنجه‌های هر مدل برآورد گردید. توابع مورد استفاده به شرح زیر بودند:

تابع گمپرتز (۱۳)

$$W = W_0 \exp\{[1-\exp(-k\times Age)]\ln(\frac{W_f}{W_0})\}$$

تابع ریچارد (۲۵)

$$W = \frac{W_0 W_f}{[W_0^m + (W_f^m - W_0^m)e^{-kt}]^{1/m}}$$

تابع لجستیک (۲۷)

$$W = \frac{W_0 W_f}{[W_0 + (W_f - W_0)\exp(-k\times Age)]}$$

تابع ویبول (۳۶)

$$W = W_f - (W_f - W_0)\exp[-(k\times Age)^m]$$

در تمامی توابع، W وزن بدن در سن t، W_0 وزن پیش‌بینی شده برای روز اول، W_f وزن نهایی یا وزن بلوغ، k شاخص بلوغ و m فراسنجه مدل می‌باشد.

معیارهای برازش نکویی بهترین مدل: بعد از برازش تمامی توابع برای ترکیب‌های مختلف، بهترین تابع با استفاده از معیارهای برازش نکویی ذیل برای ترکیب‌های مختلف بدست آمد.

ضریب تبیین تصحیح شده

$$R^2_{Adj} = 1-[(\frac{n-1}{n-p})\times(1-R^2_{model})]$$

میانگین مربعات خطا

$$MSE = \frac{SSE}{n-p}$$

معیار اطلاعات آکائیک $AIC = n.\ln(\frac{SSE}{n}) + 2p$

معیار اطلاعات بیزی

$$BIC = n.\ln(\frac{SSE}{n}) + p.\ln(n)$$

در معیارها، R^2_{model} ضریب تبیین است که به صورت 1-(SSE/SST) محاسبه می‌شود، SSE جمع مربعات خطا، SST جمع مربعات کل، n شمار مشاهدات و p تعداد فراسنجه‌های مدل است. بعد از تعیین بهترین تابع برای هر ترکیب، سن و وزن در نقطه عطف، نرخ رشد روز اول و ۴۵ با استفاده از بهترین تابع برای بلدرچین‌ها پیش‌بینی شد. نسبت وزن به سن در نقطه عطف نیز با استفاده از وزن و سن در نقطه عطف بلدرچین‌ها به عنوان متغییر دیگر در بین ترکیب‌های مختلف محاسبه گردید. توابع رشد برای هر ترکیب با استفاده از بسته آماری nlme و الگوریتم port برنامه کامپیوتری R (۲۲) برازش شدند. مقایسه آماری بین فراسنجه‌های بهترین مدل، وزن بدن در روز یک و ۴۵ روزگی با استفاده از روش GLM برنامه کامپیوتری R صورت گرفت.

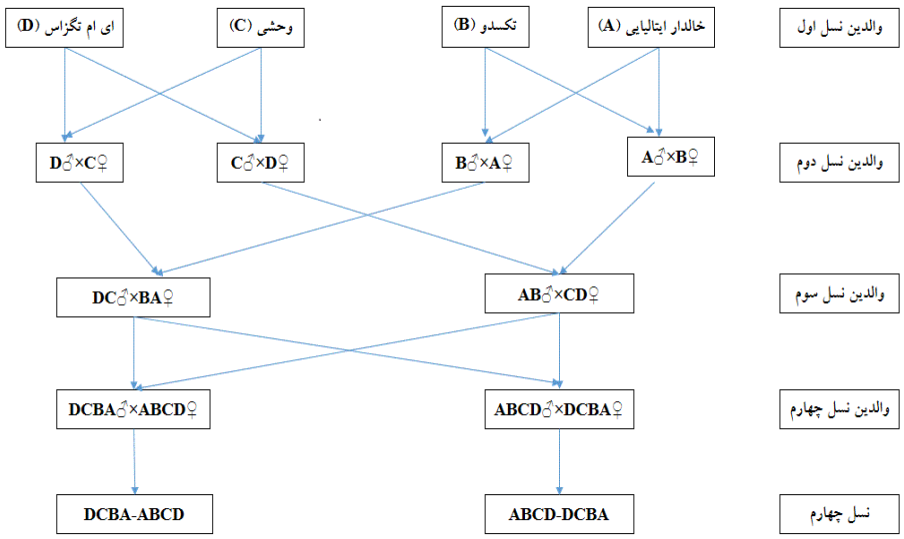
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

جدول ۱- آمار توصیفی وزن بدن در هفته‌های مختلف برای چهار سویه اصلی

Table 1. Descriptive statistics of body weight in different weeks for four major strains

سویه/ وزن بدن (گرم)	میانگین	انحراف استاندارد	ضریب تغییرات (درصد)	حداقل	حداکثر
خالدار ایتالیایی					
یک روزگی	۹/۶۷	۱/۰۳	۱۰/۶۹	۶/۷۶	۱۱/۶۷
۷ روزگی	۲۲/۰۵	۴/۳۹	۱۹/۹۱	۱۲/۳۸	۳۴/۱۹
۱۴ روزگی	۵۴/۳۰	۱۳/۵۴	۲۴/۹۴	۱۸/۵۵	۸۰/۴۵
۲۱ روزگی	۹۳/۹۳	۲۲/۷۶	۲۴/۲۳	۳۱/۷۲	۱۳۷/۸۸
۲۸ روزگی	۱۴۰/۳۶	۲۵/۸۴	۱۸/۴۱	۴۸/۳۰	۱۸۷/۴۰
۳۵ روزگی	۱۴۱/۱۴	۲۶/۷۶	۱۴/۷۷	۸۳/۷۰	۲۴۱/۳۰
۴۲ روزگی	۲۱۲/۷۶	۳۰/۳۳	۱۴/۲۶	۱۰۳/۴۰	۲۹۳/۱۰
تکسدو					
یک روزگی	۹/۴۲	۱/۳۰	۱۳/۸۰	۶/۶۲	۱۲/۷۷
۷ روزگی	۲۰/۰۲	۳/۸۶	۱۹/۲۸	۱۲/۰۰	۳۱/۱۳
۱۴ روزگی	۴۷/۰۱	۱۴/۴۸	۳۰/۸۰	۲۲/۲۱	۷۴/۴۵
۲۱ روزگی	۸۵/۹۰	۲۲/۸۱	۲۶/۵۵	۴۴/۸۵	۱۲۹/۷۸
۲۸ روزگی	۱۳۷/۱۰	۲۹/۰۵	۲۱/۱۹	۶۱/۹۰	۱۹۴/۲۰
۳۵ روزگی	۱۷۸/۵۳	۳۱/۲۴	۱۷/۵۰	۹۶/۷۰	۲۴۱/۸۰
۴۲ روزگی	۲۰۶/۷۶	۳۴/۴۰	۱۶/۶۴	۹۶/۷۰	۲۸۶/۴۰
وحشی					
یک روزگی	۸/۴۵	۱/۱۲	۱۳/۲۵	۵/۹۹	۱۱/۹۰
۷ روزگی	۲۳/۴۹	۵/۱۳	۲۱/۸۴	۱۴/۳۶	۳۴/۱۲
۱۴ روزگی	۵۱/۳۵	۱۲/۵۱	۲۴/۳۶	۲۳/۹۸	۷۷/۱۰
۲۱ روزگی	۸۷/۲۲	۱۷/۴۴	۱۹/۹۹	۴۱/۰۹	۱۲۱/۰۸
۲۸ روزگی	۱۳۷/۳۵	۲۱/۳۶	۱۵/۵۵	۶۶/۶۹	۱۸۱/۹۰
۳۵ روزگی	۱۷۳/۵۹	۲۳/۲۰	۱۳/۳۶	۹۵/۰۰	۲۱۸/۲۰
۴۲ روزگی	۲۰۷/۸۰	۲۹/۷۴	۱۴/۳۱	۱۰۷/۶۰	۲۷۳/۷۰
ای ام تگزاس					
یک روزگی	۸/۸۳	۱/۴۱	۱۵/۹۷	۶/۸۱	۱۲/۷۸
۷ روزگی	۱۹/۱۸	۳/۹۳	۲۰/۴۹	۱۲/۹۳	۳۲/۲۶
۱۴ روزگی	۴۳/۳۲	۱۰/۷۱	۲۴/۷۲	۲۰/۶۹	۷۱/۷۲
۲۱ روزگی	۷۷/۱۹	۱۹/۱۰	۲۴/۷۴	۳۱/۶۲	۱۲۳/۳۷
۲۸ روزگی	۱۲۲/۷۲	۲۶/۱۷	۲۱/۳۲	۶۱/۵۰	۱۷۴/۹۰
۳۵ روزگی	۱۶۱/۶۷	۲۹/۹۸	۱۸/۵۴	۸۲/۶۰	۲۳۴/۴۰
۴۲ روزگی	۱۸۶/۸۰	۳۲/۰۵	۱۷/۱۶	۸۷/۱۰	۲۶۲/۳۰



شکل ۱- طرح آمیخته‌گری دی آلل جزئی چهار نسلی چهار سویه بلدرچین ژاپنی

Figure 1. Partial di-allele cross breeding design of four Japanese quail strains in four generations.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

جدول ۲- آمار توصیفی وزن بدن در روزهای مختلف (گرم) آمیخته‌های دوتایی سویه‌های مختلف بلدرچین ژاپنی

Table 2. Descriptive statistics of body weight in different days (in gram) for dual-crossbred of different strains of Japanese quail

ترکیب	وزن بدن (گرم)	میانگین	انحراف استاندارد	ضریب تغییرات (درصد)	حداقل	حداکثر
AB	یک روزگی	۸/۷۵	۱/۰۴	۱۱/۸۹	۶/۶۱	۱۰/۳۰
	۵ روزگی	۲۰/۰۲	۳/۶۱	۱۸/۰۳	۱۱/۲۵	۲۷/۹۱
	۱۰ روزگی	۳۷/۱۳	۸/۴۳	۲۲/۷۰	۲۳/۲۴	۵۲/۴۸
	۱۵ روزگی	۶۱/۶۱	۱۶/۴۹	۲۶/۷۶	۳۱/۲۹	۸۶/۶۶
	۲۰ روزگی	۸۳/۴۸	۱۸/۱۵	۲۱/۷۴	۴۶/۶۰	۱۱۰/۲۷
	۲۵ روزگی	۱۰۹/۶۹	۳۲/۰۱	۲۹/۱۸	۵۷/۵۱	۱۶۲/۰۲
	۳۰ روزگی	۱۴۶/۲۲	۳۲/۱۳	۲۱/۹۷	۹۰/۳۱	۲۰۲/۹۶
	۳۵ روزگی	۱۷۶/۷۹	۳۲/۳۵	۱۸/۳۰	۱۱۷/۱۵	۲۴۰/۹۲
	۴۰ روزگی	۲۰۶/۵۱	۲۷/۵۸	۱۳/۳۶	۱۷۴/۷۸	۲۶۳/۳۲
	۴۵ روزگی	۲۲۴/۳۷	۲۶/۱۷	۱۱/۶۶	۱۷۹/۳۵	۲۷۴/۵۸
BA	یک روزگی	۸/۷۷	۱/۳۳	۱۵/۱۷	۶/۵۶	۱۱/۲۸
	۵ روزگی	۱۹/۱۰	۳/۷۱	۱۹/۴۲	۱۲/۶۵	۲۶/۲۰
	۱۰ روزگی	۳۶/۸۳	۹/۰۲	۲۴/۴۹	۱۹/۹۵	۵۴/۸۴
	۱۵ روزگی	۶۴/۱۳	۱۶/۲۲	۲۵/۲۹	۳۴/۸۷	۹۰/۷۲
	۲۰ روزگی	۸۲/۰۲	۱۳/۹۸	۱۷/۰۴	۶۰/۴۴	۱۰۶/۹۸
	۲۵ روزگی	۱۰۷/۶۱	۲۵/۲۸	۲۳/۴۹	۷۳/۷۴	۱۵۳/۴۲
	۳۰ روزگی	۱۴۳/۷۹	۲۴/۶۷	۱۷/۱۶	۱۰۲/۱۴	۱۸۵/۸۷
	۳۵ روزگی	۱۷۶/۰۳	۲۶/۴۸	۱۵/۰۴	۱۲۰/۶۵	۲۲۴/۴۰
	۴۰ روزگی	۲۰۰/۸۱	۲۰/۵۳	۱۰/۲۲	۱۶۰/۷۱	۲۳۲/۷۹
	۴۵ روزگی	۲۱۹/۳۸	۲۶/۰۰	۱۱/۸۵	۱۶۱/۲۶	۲۶۴/۸۷
CD	یک روزگی	۹/۰۷	۰/۸۶	۹/۴۸	۶/۹۶	۱۰/۷۱
	۵ روزگی	۲۱/۲۲	۳/۶۶	۱۷/۲۵	۱۴/۴۰	۲۹/۱۶
	۱۰ روزگی	۴۱/۵۳	۹/۳۰	۲۲/۳۹	۲۴/۸۱	۵۷/۸۰
	۱۵ روزگی	۶۷/۶۳	۱۵/۷۵	۲۳/۲۹	۳۳/۰۲	۹۴/۴۳
	۲۰ روزگی	۹۰/۵۵	۱۷/۶۳	۱۹/۴۷	۴۱/۴۳	۱۱۵/۳۰
	۲۵ روزگی	۱۱۴/۱۸	۲۷/۷۷	۲۴/۳۲	۷۲/۷۰	۱۶۳/۰۱
	۳۰ روزگی	۱۵۰/۲۱	۳۰/۳۸	۲۲/۲۳	۹۹/۷۷	۲۰۵/۵۵
	۳۵ روزگی	۱۸۴/۷۱	۳۰/۲۲	۱۶/۳۶	۱۱۰/۵۵	۲۳۴/۲۰
	۴۰ روزگی	۲۱۲/۰۷	۲۵/۵۰	۱۲/۰۲	۱۳۵/۷۵	۲۵۸/۶۶
	۴۵ روزگی	۲۳۰/۳۱	۲۸/۱۵	۱۲/۲۲	۱۶۹/۸۴	۳۰۶/۶۲
DC	یک روزگی	۸/۸۶	۱/۳۳	۱۵/۰۱	۶/۵۲	۱۱/۹۱
	۵ روزگی	۲۰/۲۰	۵/۱۳	۲۵/۴۰	۱۱/۰۱	۲۹/۵۱
	۱۰ روزگی	۳۷/۰۲	۱۰/۰۲	۲۷/۰۷	۱۸/۳۷	۵۵/۱۱
	۱۵ روزگی	۶۰/۸۸	۱۹/۶۰	۳۲/۱۹	۲۲/۳۰	۹۰/۶۹
	۲۰ روزگی	۸۰/۰۵	۲۳/۷۳	۲۹/۶۴	۳۶/۹۶	۱۲۴/۱۰
	۲۵ روزگی	۹۶/۶۳	۲۸/۶۵	۲۹/۶۵	۴۴/۹۵	۱۵۷/۵۱
	۳۰ روزگی	۱۳۵/۰۴	۳۷/۲۷	۲۷/۶۰	۷۱/۳۰	۱۹۴/۸۶
	۳۵ روزگی	۱۶۹/۴۴	۳۶/۱۲	۲۱/۳۲	۹۹/۸۵	۲۲۹/۲۰
	۴۰ روزگی	۲۰۰/۳۸	۳۶/۶۹	۱۸/۳۱	۱۲۵/۲۵	۲۶۲/۰۱
	۴۵ روزگی	۲۲۰/۴۰	۳۷/۱۱	۱۶/۸۴	۱۴۱/۲۰	۲۸۱/۹۵

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

جدول ۳- آمار توصیفی وزن بدن در روزهای مختلف (بر حسب گرم) آمیخته‌های چهارتایی و ترکیب‌های برگشتی سویه‌های مختلف بلدرچین ژاپنی

Table 3. Descriptive statistics of body weight in different days (in gram) for fourth crossbred and its reciprocal combination of different strains of Japanese quail

ترکیب	وزن بدن (گرم)	میانگین	انحراف استاندارد	ضریب تغییرات (درصد)	حداقل	حداکثر
ABCD	یک روزگی	۷/۷۶	۰/۸۶	۱۱/۰۸	۵/۰۳	۹/۲۳
	۵ روزگی	۱۵/۸۹	۳/۶۰	۲۲/۶۶	۹/۹۵	۲۷/۹۴
	۱۰ روزگی	۳۴/۰۴	۹/۲۸	۲۷/۲۶	۱۷/۶۴	۵۳/۸۴
	۱۵ روزگی	۶۲/۶۵	۱۹/۴۳	۳۱/۰۱	۲۹/۶۶	۱۱۲/۱۸
	۲۰ روزگی	۱۰۰/۴۹	۲۷/۰۵	۲۶/۹۲	۳۳/۸۴	۱۵۱/۹۴
	۲۵ روزگی	۱۲۵/۲۲	۲۵/۶۶	۲۰/۴۹	۶۷/۴۲	۱۷۶/۷۰
	۳۰ روزگی	۱۶۰/۳۸	۲۶/۹۱	۱۶/۷۸	۹۶/۰۴	۲۰۸/۴۹
	۳۵ روزگی	۱۸۹/۸۴	۲۹/۶۷	۱۵/۶۳	۱۰۹/۸۶	۲۵۹/۷۲
	۴۰ روزگی	۲۲۳/۴۳	۳۵/۹۷	۱۶/۱۰	۱۲۳/۹۶	۲۸۹/۷۳
	۴۵ روزگی	۲۵۴/۸۹	۳۷/۹۲	۱۴/۸۸	۱۶۵/۸۰	۳۲۵/۹۱
DCBA	یک روزگی	۷/۸۲	۱/۱۰	۱۴/۰۷	۵/۲۹	۱۰/۰۳
	۵ روزگی	۱۴/۰۸	۳/۱۳	۲۲/۲۳	۸/۲۰	۲۲/۴۳
	۱۰ روزگی	۳۰/۲۵	۸/۴۱	۲۷/۸۰	۱۷/۵۹	۵۱/۸۴
	۱۵ روزگی	۵۶/۳۰	۱۶/۷۳	۲۹/۷۲	۲۳/۷۴	۱۰۵/۴۲
	۲۰ روزگی	۹۴/۸۸	۲۶/۸۲	۲۸/۲۷	۲۹/۹۶	۱۸۵/۴۴
	۲۵ روزگی	۱۱۹/۸۲	۲۶/۴۸	۲۲/۱۰	۴۲/۱۸	۲۰۳/۲۶
	۳۰ روزگی	۱۵۷/۲۰	۳۱/۳۹	۱۹/۹۷	۸۳/۴۵	۲۴۱/۹۸
	۳۵ روزگی	۱۸۳/۳۱	۳۱/۳۸	۱۷/۱۲	۱۰۷/۲۹	۲۹۵/۸۶
	۴۰ روزگی	۲۱۹/۱۴	۳۵/۵۵	۱۶/۲۲	۱۳۱/۸۲	۳۱۴/۱۲
	۴۵ روزگی	۲۵۵/۱۷	۳۸/۰۳	۱۴/۹۰	۱۶۸/۰۰	۳۴۰/۲۰
ABCD-DCBA	یک روزگی	۹/۱۴	۰/۸۲	۸/۹۷	۶/۶۵	۱۱/۴۷
	۵ روزگی	۱۷/۹۶	۴/۲۲	۲۳/۵۰	۸/۱۲	۳۲/۱۸
	۱۰ روزگی	۳۳/۷۲	۱۱/۰۵	۳۲/۷۷	۱۰/۰۴	۷۵/۵۶
	۱۵ روزگی	۵۶/۹۶	۱۶/۳۸	۲۸/۷۶	۱۴/۱۸	۱۰۵/۷۹
	۲۰ روزگی	۸۶/۳۸	۲۳/۵۱	۲۷/۲۲	۳۱/۰۵	۱۵۴/۲۲
	۲۵ روزگی	۱۱۷/۷۰	۳۰/۱۵	۲۵/۶۲	۴۷/۱۱	۲۰۴/۰۹
	۳۰ روزگی	۱۵۴/۴۸	۳۸/۷۵	۲۵/۰۸	۷۵/۱۱	۲۵۹/۹۸
	۳۵ روزگی	۱۷۶/۲۳	۳۷/۵۸	۲۱/۹۹	۹۲/۱۱	۲۵۳/۹۱
	۴۰ روزگی	۲۰۰/۷۳	۳۹/۰۶	۱۸/۷۲	۱۰۹/۱۴	۳۰۲/۲۹
	۴۵ روزگی	۲۲۵/۰۸	۴۰/۸۴	۱۷/۳۵	۱۲۰/۱۲	۳۳۶/۶۹
DCBA-ABCD	یک روزگی	۸/۵۷	۰/۹۳	۱۰/۸۵	۵/۹۸	۱۰/۵۸
	۵ روزگی	۱۸/۵۱	۳/۸۶	۲۰/۸۵	۷/۵۵	۲۳/۴۸
	۱۰ روزگی	۳۳/۳۹	۹/۸۶	۲۹/۵۳	۱۰/۵۱	۷۳/۹۱
	۱۵ روزگی	۵۶/۶۶	۱۶/۰۶	۲۸/۳۴	۱۷/۶۹	۱۰۸/۷۷
	۲۰ روزگی	۸۶/۳۱	۲۱/۸۹	۲۵/۳۶	۲۴/۷۱	۱۴۳/۸۲
	۲۵ روزگی	۱۲۰/۱۷	۲۸/۳۰	۲۳/۵۵	۳۷/۶۰	۱۹۳/۹۰
	۳۰ روزگی	۱۵۳/۹۵	۳۵/۶۱	۲۳/۱۳	۵۰/۰۶	۲۵۶/۰۹
	۳۵ روزگی	۱۷۵/۹۳	۳۶/۱۰	۲۰/۲۴	۶۲/۰۲	۲۷۴/۰۲
	۴۰ روزگی	۲۰۱/۳۱	۳۶/۱۴	۱۷/۹۳	۸۳/۷۱	۳۰۰/۹۹
	۴۵ روزگی	۲۲۴/۲۰	۴۲/۳۷	۱۶/۱۲	۱۱۰/۱۴	۴۶۷/۷۷

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس اثرات جنس، سال و ماه جوجه‌درآوری و ترکیبات مختلف ژنی حاصل از تلاقی دی آلل بر فراسنجه‌های بهترین منحنی رشد در جدول ۴ آورده شده است. اثر جنس بر اکثر فراسنجه‌های منحنی رشد به جزء وزن ۴۵ روزگی معنی‌دار نبود ($p>۰/۰۵$). نتایج نشان داد که فراسنجه‌های بهترین منحنی رشد شامل وزن ابتدایی، وزن نهایی، وزن یک‌روزگی، سن و وزن در نقطه عطف در ترکیبات ژنی (آمیخته‌ها) مختلف معنی‌دار بودند ($p<۰/۰۵$)، اما شاخص بلوغ، وزن ۴۵ روزگی، نرخ رشد یک و ۴۵ روزگی و همچنین نسبت وزن به سن در نقطه عطف معنی‌دار نبود ($p>۰/۰۵$).

فراسنجه‌های مختلف توابع مورد استفاده جهت توصیف منحنی رشد ترکیب‌های ژنی مختلف حاصل از یک طرح دی آلل چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی در جدول ۵ آورده شده است. فراسنجه‌های توابع گمپرتز، ریچارد، لجستیک و ویبول در ترکیب‌های ژنی حاصل از تلاقی‌های مختلف تفاوت‌های زیادی داشتند. در ترکیب‌های ژنی حاصل از تلاقی متقابل (Reciprocal) دو سویه‌ای (AB، BA، CD و DC) که دو به دو ساختار ژنتیکی یکسان دارند، اما پایه مادری آنها متفاوت است، نتایج نشان داد که تابع گمپرتز و ریچارد با مقادیر بسیار نزدیک، برای وزن ابتدایی کمترین و تابع لجستیک بیشترین مقدار پیش‌بینی را داشت و تابع ویبول در حد واسط آنها قرار گرفت. همچنین، نتایج پیش‌بینی وزن

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

نهایی با توابع مختلف در ترکیب‌های دو سویه‌ای تابع ویبول کمترین و تابع لجستیک بالاترین پیش‌بینی را داشت و نتایج دو تابع گمپرتز و ریچارد در حدواسط و بسیار نزدیک به هم قرار داشتند. شاخص بلوغ (k)، تغییرات خطی تابع لگاریتمی در واحد زمان است و نرخ بلوغ جسمی یا زمان دستیابی به وزن در بلوغ جسمی را پیش‌بینی می‌کند. نرخ شاخص بلوغ در ترکیب‌های دو سویه‌ای شامل نتایج متفاوتی بود، به نحوی که تابع ویبول با کمترین مقدار ضریب، زمان رسیدن به وزن در بلوغ جسمی را دیرتر و تابع لجستیک با بیشترین ضریب زمان دستیابی به بلوغ جسمی را زودتر پیش‌بینی نمود. نتایج دو تابع گمپرتز و ریچارد در زمان رسیدن به وزن بلوغ جسمی در حد واسط قرار داشت.

جدول ۴- نتایج اثرات عوامل ثابت شامل جنس، سال–ماه جوجه درآوری و ترکیبات ژنی بر فراسنجه‌های بهترین مدل توصیف کننده صفات وزن بدن در آمیخته‌های مختلف حاصل از تلاقی دی آلل در چهار سویه بلدرچین ژاپنی

Table 4. The results of fixed effects including sex, year-month hatching and different crossbred on the parameters of best model describing body weight traits in different crossbred from diallele cross design of four Japanese quail strains

فراسنجه*	جنس	سال – ماه جوجه‌درآوری	ترکیب ژنی
وزن ابتدایی	۰/۱۲۷۶	۰/۰۰۰۱	۰/۰۲۸۸
وزن نهایی	۰/۰۴۱۳	۰/۰۰۰۱	۰/۰۱۳۶
شاخص بلوغ	۰/۷۳۸۴	۰/۰۰۰۳	۰/۴۴۶۸
وزن یک روزگی	۰/۷۴۴۸	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱
وزن ۴۵ روزگی	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۱۶۹۳۰
سن در نقطه عطف	۰/۶۲۴۹	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۳۲
وزن در نقطه عطف	۰/۰۶۳۳	۰/۰۰۰۱	۰/۰۱۰۹
نسبت وزن به سن در نقطه عطف	۰/۲۵۸۱	۰/۰۰۰۱	۰/۲۴۶۱
نرخ رشد ۱ روزگی	۰/۸۰۵۶	۰/۰۰۵۷	۰/۲۹۴۵
نرخ رشد ۴۵ روزگی	۰/۱۹۰۷	۰/۰۰۰۳	۰/۵۶۱۹

*: اعداد داخل جدول سطح احتمال آماری α (احتمال ارتکاب به خطای اول) می باشد.

جدول ۵- فراسنجه‌های توابع مختلف در آمیخته‌های حاصل از طرح دی آلل در چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی

Table 5. Parameters of different growth cures in crossbred populations from di-allele cross design in four Japanese quail strains

ترکیب	منحنی	*W_0 (SE)	k (SE)	W_f (SE)	m (SE)
AB	گمپرتز	۹/۰۰ (۱/۸۳۱)	۰/۰۵ (۰/۰۰۵)	۳۵۰/۱۶ (۳۱/۲۵۰)	–
	ریچارد	۹/۹۸ (۳/۱۰۸)	۰/۰۶ (۰/۰۲۴)	۳۲۴/۱۲ (۶۴/۹۷۱)	۰/۱۵ (۰/۴۱۶)
	لجستیک	۱۴/۰۹ (۱/۶۳۳)	۰/۱۰ (۰/۰۰۶)	۲۶۱/۶۰ (۱۱/۰۸۰)	–
	ویبول	۱۰/۹۵ (۳/۸۴۴)	۰/۰۲ (۰/۰۰۵)	۳۴۸/۶۴ (۸۰/۵۰۰)	۱/۷۴ (۰/۲۰۱)
BA	گمپرتز	۹/۰۳ (۱/۶۴۱)	۰/۰۵ (۰/۰۰۴)	۳۳۵/۲۹ (۲۵/۸۳۳)	–
	ریچارد	۹/۵۸ (۲/۸۲۴)	۰/۰۵ (۰/۰۲۱)	۳۲۱/۴۰ (۶۰/۰۶۱)	۰/۰۸ (۰/۳۶۲)
	لجستیک	۱۴/۱۰ (۱/۴۶۸)	۰/۱۰ (۰/۰۰۶)	۲۵۴/۰۸ (۹/۴۵۴)	–
	ویبول	۱۰/۳۶ (۳/۴۷۶)	۰/۰۲ (۰/۰۰۵)	۳۴۳/۲۴ (۷۳/۱۸۰)	۱/۷۰ (۰/۱۸۰)
CD	گمپرتز	۱۰/۵۶ (۱/۴۸۵)	۰/۰۵ (۰/۰۰۳)	۳۵۴/۳۹ (۲۲/۹۰۰)	–
	ریچارد	۹/۷۹ (۲/۶۲۱)	۰/۰۴ (۰/۰۱۶)	۳۷۷/۳۶ (۷۸/۲۰۷)	-۰/۱۰ (۰/۲۸۴)
	لجستیک	۱۵/۹۴ (۱/۳۲۰)	۰/۱۰ (۰/۰۰۴)	۲۶۸/۶۹ (۸/۴۸۴)	–
	ویبول	۱۰/۵۴ (۳/۱۵۹)	۰/۰۲ (۰/۰۰۵)	۴۰۵/۷۸ (۹۷/۴۵۰)	۱/۵۹ (۰/۱۴۹)
DC	گمپرتز	۱۰/۷۴ (۲/۴۳۸)	۰/۰۴ (۰/۰۰۶)	۴۱۷/۵۵ (۶۸/۱۲۱)	–
	ریچارد	۱۰/۷۲ (۴/۱۲۵)	۰/۰۴ (۰/۰۳۴)	۴۱۸/۵۴ (۲۲۸/۰۶۱)	-۰/۰۰۳ (۰/۳۹۵)
	لجستیک	۱۵/۰۱ (۲/۰۹۶)	۰/۰۹ (۰/۰۰۷)	۲۷۷/۷۴ (۱۹/۴۵۰)	–
	ویبول	۱۰/۵۲ (۵/۱۴۶)	۰/۰۱ (۰/۰۱۳)	۶۸۸/۴۶ (۸۴/۴۳۰)	۱/۵۴ (۰/۲۹۱)
ABCD	گمپرتز	۷/۸۱ (۱/۱۵۲)	۰/۰۵ (۰/۰۰۳)	۳۶۹/۲۸ (۱۸/۶۰۰)	–
	ریچارد	۳/۴۷ (۲/۳۱۴)	۰/۰۳ (۰/۰۱۱)	۵۳۴/۵۶ (۱۴۷/۹۲۰)	-۰/۴۳ (۰/۱۷۶)
	لجستیک	۱۴/۴۰ (۱/۱۱۷)	۰/۱۱ (۰/۰۰۴)	۲۸۶/۷۵ (۷/۴۶۷)	–
	ویبول	۵/۴۰ (۲/۸۵۰)	۰/۰۲ (۰/۰۰۴)	۴۶۲/۲۱ (۱۰۰/۹۰۰)	۱/۵۸ (۰/۱۲۳)
DCBA	گمپرتز	۷/۰۱(۱/۰۶۳)	۰/۰۵ (۰/۰۰۳)	۳۸۸/۱۵ (۲۱/۴۵۰)	–
	ریچارد	۳/۰۰ (۲/۱۴۷)	۰/۰۳ (۰/۰۱۱)	۵۹۲/۴۲ (۱۹۴/۳۸۸)	-۰/۴۲ (۰/۱۷۵)
	لجستیک	۱۳/۳۰ (۱/۰۴۰)	۰/۱۱ (۰/۰۰۴)	۲۹۱/۶۷ (۸/۰۳۴)	–
	ویبول	۵/۱۳ (۲/۶۸۴)	۰/۰۲ (۰/۰۰۴)	۴۹۶/۷۹ (۱۲۳/۸۰۰)	۱/۶۴ (۰/۱۲۶)
ABCD-DCBA	گمپرتز	۶/۴۸ (۰/۶۴۶)	۰/۰۶ (۰/۰۰۲)	۳۰۳/۶۳ (۸/۰۸۰)	–
	ریچارد	۷/۵۲ (۱/۱۸۷)	۰/۰۷ (۰/۰۰۹)	۲۸۷/۳۳ (۱۵/۱۴۰)	۰/۱۵ (۰/۱۴۵)
	لجستیک	۱۲/۱۵ (۰/۶۱۹)	۰/۱۱ (۰/۰۰۳)	۲۴۳/۸۲ (۳/۳۰۵)	–
	ویبول	۹/۹۳ (۱/۴۷۷)	۰/۰۳ (۰/۰۰۱)	۲۷۸/۵۰ (۱۲/۵۱۰)	۱/۹۰ (۰/۰۷۶)
DCBA-ABCD	گمپرتز	۶/۲۴ (۰/۶۷۸)	۰/۰۶ (۰/۰۰۲)	۲۹۸/۴۷ (۸/۲۰۱)	–
	ریچارد	۷/۳۳ (۱/۲۵۶)	۰/۰۷ (۰/۰۰۹)	۲۸۲/۴۶ (۱۵/۰۱۰)	۰/۱۵ (۰/۱۵۳)
	لجستیک	۱۱/۹۶ (۰/۶۵۶)	۰/۱۲ (۰/۰۰۳)	۲۴۱/۵۶ (۳/۴۲۰)	–
	ویبول	۹/۷۳ (۱/۵۷۲)	۰/۰۳ (۰/۰۰۱)	۲۷۳/۳۴ (۱۱/۲۹۰)	۱/۹۱ (۰/۰۸۰)

وزن بدن در سن t، W0 وزن پیش‌بینی شده برای روز اول، Wf وزن نهایی یا وزن بلوغ، k شاخص بلوغ، m فراسنجه مدل و SE خطای استاندارد

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

نتایج فراسنجه‌های توابع مختلف در آمیخته‌های چهار سویه‌ای نسل سوم شامل ABCD (نتاج حاصل تلاقی نرهای آمیخته AB با ماده‌های CD) و DCBA (نتاج حاصل تلاقی برگشتی یعنی تلاقی نرهای آمیخته DC با ماده‌های آمیخته BA) که از نظر ژنتیکی سهم ژنی یکسان و تصادفی از هر سویه را دریافت نموده‌اند ($\frac{1}{4}A\frac{1}{4}B\frac{1}{4}C\frac{1}{4}D$ در مقابل $\frac{1}{4}D\frac{1}{4}C\frac{1}{4}B\frac{1}{4}A$)، اما پایه مادری متفاوت دارند شامل وزن ابتدایی، وزن نهایی و شاخص بلوغ مشابه هم بود. در تعیین وزن ابتدایی جوجه‌ها تابع ریچارد و لجستیک به ترتیب کمترین و بیشترین مقدار پیش‌بینی را داشت. همین‌طور تابع لجستیک کمترین و تابع ریچارد بیشترین مقدار وزن نهایی را برآورد نمودند. همچنین، نتایج نرخ شاخص بلوغ در آمیخته‌های چهار سویه‌ای مشابه با آمیخته‌های دو سویه‌ای بود، تابع ویبول کمترین ضریب (بلوغ جسمی دیرتر) و تابع لجستیک بالاترین ضریب (بلوغ زودتر) را داشت. نتایج فراسنجه‌های توابع مختلف در پیش‌بینی وزن ابتدایی و وزن نهایی متفاوت از ترکیب‌های دو سویه‌ای بود. توصیف فراسنجه‌های توابع منحنی رشد در آمیخته‌های نسل چهارم که حاصل آمیزش تصادفی بین ترکیب‌های ژنی چهار سویه‌ای نسل سوم، اما با پایه‌های متفاوت پدری و مادری بودند (ABCD-DCBAوDCBA-ABCD)، مشابه آمیخته‌های دو نژادی نسل دوم بود. توابع گمپرتز و لجستیک به ترتیب کمترین و بیشترین پیش‌بینی وزن ابتدایی را داشت. همچنین، کمترین و بیشترین پیش‌بینی وزن نهایی به‌ترتیب مربوط به توابع لجستیک و گمپرتز بودند و نتایج شاخص بلوغ در تمام آمیخته‌های نسل دوم تا چهارم مشابه هم بود. تابع ویبول زمان رسیدن به بلوغ جسمی را دیرتر و تابع لجستیک زمان رسیدن به وزن بلوغ جسمی را زودتر نشان داد (جدول ۵).

معیارهای نکویی برازش منحنی‌های رشد در ترکیب‌های ژنی مختلف حاصل از تلاقی‌های دی‌آلل کراس چهار سویه بلدرچین ژاپنی در جدول ۶ آورده شده است. بهترین تابع توصیف کننده منحنی رشد با توجه به چهار آماره AIC، BIC، R^2_{Adj} و MSE تعیین گردید. تابعی که به‌صورت نسبی کمترین مقادیر AIC، BIC و واریانس خطای (MSE) و بالاترین مقدار R^2_{Adj} را داشته باشد به‌عنوان بهترین مدل توصیف‌کننده منحنی رشد در ترکیب‌های مختلف ژنی حاصل از دی‌آلل کراس در نظر گرفته شد. تابع گمپرتز بر اساس هر چهار آماره نکویی برازش در چهار ترکیب دو سویه‌ای نسل دوم (AB، BA، CD و DC) بهترین منحنی توصیف‌کننده رشد بود، اما در ترکیب‌های چهار نژادی نسل سوم (ABCD و DCBA) تابع ویبول بهترین توصیف را برای منحنی رشد در آمیخته‌های بلدرچین ژاپنی داشت. به نظر می‌رسد ترکیب‌های دو سویه‌ای (A با B و C با D) شباهت‌های ژنتیکی نزدیک‌تر داشته، اما ترکیب‌های چهار نژادی به‌جهت تفرق بیشتر و ترکیب ژن‌های رشد و تخمگذاری سویه‌های مختلف (بالاترین هتروزیس)، از تعادل خارج شده و توانسته توصیف متفاوتی از منحنی رشد ارائه نمایند. در تلاقی دی آلل کراس علاوه بر اثرات افزایشی ژن‌ها، می‌توان از توانایی ترکیبی ژن‌ها (غالبیت و اپیستازی) و قابلیت و توانایی مادر نیز استفاده نمود که یکی دیگر از دلایل اختلاف برازش منحنی‌های رشد با توابع متفاوت است. همچنین، در آمیخته‌های نسل چهارم مجدداً تابع گمپرتز بهترین توصیف را برای منحنی رشد داشت. به‌نظر می‌رسد در تفرق و نوترکیبی جدید به‌وجود آمده در اثر آمیزش تصادفی (Mandelian sampling) تعادل و بالانس در ترکیبات ژنی جدید پرنده به وجود آمده است و پرنده مجدداً تمایل به برگشت به سمت تولیدات اولیه رشد یا تخمگذاری داشته باشد (کاهش هتروزیس).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

جدول ۶- معیارهای نکویی برازش منحنی‌های رشد برای آمیخته‌های مختلف دی آلل کراس در چهار سویه بلدرچین ژاپنی
Table 6. Goodness of fit criterions of growth cures for different crossbred from di-allele cross design in four Japanese quail strains

ترکیب	معیار*	گمپرتز	ریچارد	لجستیک	ویبول
AB	AIC	۲۴۳۹/۳۰	۲۴۴۱/۱۹	۲۴۴۱/۳۶	۲۴۴۲/۲۴
	BIC	۲۴۵۳/۶۶	۲۴۵۹/۱۴	۲۴۵۵/۷۲	۲۴۶۰/۲۰
	R^2_{Adj}	۹۱/۳۴	۹۱/۳۲	۹۱/۲۸	۹۱/۲۸
	MSE	۵۱۵/۶۲	۵۱۷/۳۷	۵۱۹/۶۱	۵۱۹/۴۱
BA	AIC	۲۰۹۹/۴۹	۲۱۰۱/۴۵	۲۱۰۲/۴۳	۲۱۰۲/۵۰
	BIC	۲۱۱۳/۴۱	۲۱۱۸/۸۵	۲۱۱۶/۳۵	۲۱۱۹/۹۰
	R^2_{Adj}	۹۳/۵۵	۹۳/۵۲	۹۳/۴۷	۹۳/۴۹
	MSE	۳۶۱/۱۳	۳۶۲/۶۰	۳۶۵/۵۸	۳۶۴/۱۹
CD	AIC	۳۷۸۵/۰۵	۳۷۸۶/۹۶	۳۷۹۱/۵۸	۳۷۸۸/۱۶
	BIC	۳۸۰۱/۲۱	۳۸۰۷/۱۶	۳۸۰۷/۷۴	۳۸۰۸/۳۶
	R^2_{Adj}	۹۲/۳۱	۹۲/۲۹	۹۲/۱۸	۹۲/۲۷
	MSE	۴۷۴/۵۰	۴۷۵/۵۴	۴۸۱/۹۳	۴۷۶/۹۱
DC	AIC	۲۳۶۲/۸۰	۲۳۶۴/۸۰	۲۳۶۳/۷۹	۲۳۶۵/۵۱
	BIC	۲۳۷۶/۸۹	۲۳۸۲/۴۱	۲۳۷۷/۸۷	۲۳۸۳/۱۲
	R^2_{Adj}	۸۷/۴۹	۸۷/۴۴	۸۷/۴۴	۸۷/۴۰
	MSE	۷۳۰/۲۶	۷۳۳/۲۳	۷۳۳/۱۶	۷۳۵/۳۱
ABCD	AIC	۶۲۰۹/۸۵	۶۲۰۶/۲۱	۶۲۴۱/۱۹	۶۲۰۵/۸۰
	BIC	۶۲۲۷/۸۷	۶۲۲۸/۷۵	۶۲۵۹/۲۱	۶۲۲۸/۳۳
	R^2_{Adj}	۹۱/۷۷	۹۱/۸۳	۹۱/۳۸	۹۱/۸۳
	MSE	۶۲۴/۴۹	۶۲۰/۱۹	۶۵۴/۴۵	۶۱۹/۸۱
DCBA	AIC	۶۹۷۷/۲۱	۶۹۷۳/۵۲	۷۰۱۰/۴۳	۶۹۷۲/۸۹
	BIC	۶۹۹۵/۶۸	۶۹۹۶/۶۱	۷۰۲۸/۹۰	۶۹۹۵/۹۸
	R^2_{Adj}	۹۱/۳۸	۹۱/۴۳	۹۱/۰۱	۹۱/۴۴
	MSE	۶۵۴/۱۰	۶۵۰/۰۲	۶۸۳/۸۱	۶۴۹/۴۷
ABCD-DCBA	AIC	۲۴۱۲۷/۵۷	۲۴۱۲۸/۴۴	۲۴۱۵۱/۴۹	۲۴۱۲۹/۸۱
	BIC	۲۴۱۵۰/۹۲	۲۴۱۵۷/۶۲	۲۴۱۷۴/۸۴	۲۴۱۵۹/۰۰
	R^2_{Adj}	۸۷/۴۳	۸۷/۴۴	۸۷/۳۲	۸۷/۴۳
	MSE	۷۹۷/۶۶	۷۹۷/۶۲	۸۰۵/۲۳	۷۹۸/۰۵
DCBA-ABCD	AIC	۱۹۱۰۵/۶۶	۱۹۱۰۶/۵۳	۱۹۱۲۷/۲۰	۱۹۱۰۸/۲۴
	BIC	۱۹۱۲۸/۱۱	۱۹۱۳۴/۶۰	۱۹۱۴۹/۶۵	۱۹۱۳۶/۳۱
	R^2_{Adj}	۸۸/۳۶	۸۸/۳۶	۸۸/۲۴	۸۸/۳۵
	MSE	۷۲۷/۷۰	۷۲۷/۶۶	۷۳۵/۴۸	۷۲۸/۲۷

* AIC معیار اطلاعات آکائیک، BIC معیار اطلاعات بیزی، MSE میانگین مربعات خطا و R^2_{Adj} ضریب تبیین تصحیح شده

مدل‌های رشد اطلاعات مورد نیاز جهت فهم پدیده‌های بیولوژیکی را خلاصه می‌کنند. توابع ریچارد و گمپرتز گزارش گردیده است که توصیف خوبی از رشد در گونه‌های مختلف حیوانی و پرندگان داشته‌اند. مدل رشد گمپرتز به‌جهت تعداد محدود فراسنجه‌های منحنی ارجحیت دارد (۲۳). در مطالعه توصیف منحنی رشد در سه سویه گوشتی بلدرچین ژاپنی با سه مدل گمپرتز، لجستیک و ریچارد گزارش گردید که تابع ریچارد بهتر از سایر توابع می‌تواند وزن پرنده را در زمان خاص پیش‌بینی کند (۲۳). در مقایسه سه مدل غیرخطی (ریچارد، لجستیک و گمپرتز) و رگرسیون خطی برای توصیف داده‌های رشد، مدل خطی ضعیف‌ترین توصیف را در مقایسه با مدل‌های غیرخطی داشت (۲۸).

مقایسه توابع غیرخطی مختلف در توصیف منحنی رشد بلدرچین ژاپنی در جمعیتی که طی انتخاب کوتاه مدت برای افزایش وزن پنج هفتگی قرار داشتند، تابع گمپرتز بیشرین شباهت به توزیع داده‌ها را نشان داد و از آماره ضریب تبیین جهت نکویی برازش منحنی‌ها استفاده شد که مقدار آن در هر دو جنس نر و ماده بیش از ۹۸ درصد گزارش شد، اما فراسنجه‌های منحنی در بهترین تابع در بین لاین انتخابی با جمعیت غیرانتخابی در هر دو جنس در وزن مجانبی اختلافات معنی‌دار داشتند (۶). در مطالعه دیگر در جمعیت‌های مختلف بلدرچین که تحت انتخاب‌های دو طرفه جهت افزایش و کاهش وزن قرار داشتند، با تجزیه روش بیزی مدل گمپرتز و ریچارد با نتایج مشابه توصیف بهتری نسبت به سایر توابع لگاریتمی برای منحنی رشد داشتند (۱۲).

مقایسه خصوصیات منحنی رشد و فراسنجه‌های آن در سه سویه گوشتی بلدرچین ژاپنی شامل تیپ وحشی، سفید و قهوه‌ای با تابع ریچارد گزارش گردید که تابع مذکور توصیف خوبی از منحنی رشد ارائه می‌نماید، اما فراسنجه‌های مدل ریچارد در سه سویه با هم اختلاف معنی‌دار دارند و در هر دو جنس سویه قهوه‌ای سبک‌تر از دو سویه دیگر است (۲۹). بیکی و همکاران (۸) در مقایسه پنج تابع غیرخطی لگاریتمی مختلف شامل هایپربولستیک، ریچارد، گمپرتز، لجستیک و برتالانفی جهت توصیف بهترین منحنی‌های رشد در دو سویه که برای وزن بالا (HW) و وزن کم (LW) انتخاب شده بودند، گزارش کردند که بر اساس عملکرد و رفتار رشد، مدل گمپرتز و ریچارد قادر به برازش مناسب در هر دو سویه نیستند. در دو سویه با وزن بالا (HW) و وزن کم (LW)، تابع

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]
[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

ریچارد مناسب‌ترین برازش را داشت. لذا نتایج تحقیقات مشابه انجام گرفته در توصیف منحنی‌های رشد نشان می‌دهد که انتخاب کوتاه مدت فرآیند رشد در سویه‌های انتخابی را با تغییر در فراسنجه‌های منحنی تغییر داده است.

میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد برآوردهای فراسنجه‌های بهترین تابع توصیف کننده رشد و وزن ابتدایی و وزن در ۴۵ روزگی در جدول ۷ آورده شده است. مقادیر وزن ابتدایی، وزن نهایی، شاخص بلوغ، وزن یک‌روزگی و ۴۵ روزگی در آمیخته‌های متقابل دو سویه A و B اختلاف معنی‌داری نداشتند ($p>0/05$). چنین نتایجی به جز وزن نهایی در آمیخته‌های حاصل از تلاقی‌های متقابل دو سویه C و D نیز مشاهده گردید ($p>0/05$)، اما وزن نهایی آمیخته‌های DC بیشتر از آمیخته‌های CD بودند ($p<0/05$). با توجه به این که آمیخته‌های هر دو تلاقی از نظر ژنتیکی یکسان هستند، اما پایه مادری متفاوت دارند، لذا علت اختلاف احتمالاً به واسطه اثرات ترکیبی ژن‌ها و ژن‌های سیتوپلاسمی باشد که صرفا از والد ماده به نتاج منتقل می‌شوند.

جدول ۷- میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد فراسنجه های تابع منحنی رشد، وزن یک و ۴۵ روزگی برای ترکیب های مختلف

Table 7. Least square means and standard error of growth curve function parameters, weight at hatching and 45 days for different crossbred

ترکیب	وزن ابتدایی	وزن نهایی	شاخص بلوغ	وزن یک روزگی	وزن ۴۵ روزگی
AB	۸/۸۰۲ (۰/۷۳۸)^{a}	۳۴۱/۰۲۲ (۱۳/۹۸۴)^{b}	۰/۰۴۸ (۰/۰۰۳)^{b}	۸/۷۵۲ (۰/۱۸۱)^{abc}	۲۲۴/۳۷۲ (۷/۶۷۰)^{b}
BA	۸/۹۵۹ (۰/۷۸۳)^{a}	۳۵۰/۱۵۳ (۱۴/۸۳۲)^{b}	۰/۰۴۹ (۰/۰۰۳)^{b}	۸/۷۷۶ (۰/۱۹۲)^{bc}	۲۱۹/۳۷۸ (۷/۹۸۳)^{b}
CD	۱۰/۵۹۵ (۰/۵۹۲)^{a}	۳۵۹/۶۱۹ (۱۱/۲۱۲)^{b}	۰/۰۴۸ (۰/۰۰۳)^{b}	۹/۰۷۵ (۰/۱۴۵)^{ab}	۲۳۰/۳۱۳ (۶/۰۳۵)^{b}
DC	۱۰/۴۸۶ (۰/۷۶۷)^{a}	۴۰۵/۴۲۲ (۱۴/۵۳۲)^{a}	۰/۰۴۰ (۰/۰۰۳)^{b}	۸/۸۶۵ (۰/۱۸۸)^{abc}	۲۲۰/۳۹۶ (۷/۸۲۲)^{b}
ABCD	۶/۴۰۹ (۰/۴۶۹)^{b}	۳۴۹/۴۰۲ (۸/۸۷۷)^{b}	۰/۰۲۲ (۰/۰۰۲)^{c}	۷/۷۶۵ (۰/۱۱۵)^{a}	۲۵۴/۸۹۵ (۴/۸۱۴)^{a}
DCBA	۵/۷۸۶ (۰/۴۴۳)^{b}	۳۶۲/۰۷۱ (۸/۳۹۰)^{b}	۰/۰۲۲ (۰/۰۰۲)^{c}	۷/۸۱۶ (۰/۱۰۹)^{a}	۲۵۵/۱۷۶ (۴/۵۴۶)^{a}
ABCD-DCBA	۶/۶۷۷ (۰/۲۴۱)^{b}	۳۰۵/۵۵۴ (۴/۵۵۹)c	۰/۰۵۸ (۰/۰۰۱)^{a}	۹/۱۴۴ (۰/۰۵۹)^{a}	۲۲۵/۰۸۲ (۲/۴۶۹)^{b}
DCBA-ABCD	۶/۳۶۸ (۰/۲۶۹)^{b}	۲۹۸/۸۹۹ (۵/۰۸۷)^{c}	۰/۰۵۹ (۰/۰۰۱)^{a}	۸/۵۶۷ (۰/۰۶۶)^{c}	۲۲۴/۲۰۱ (۲/۷۸۶)^{b}

در هر ستون، میانگین ها با حروف انگلیسی مختلف معنی‌دار هستند ($p<0/05$)

فراسنجه‌های منحنی رشد شامل وزن ابتدایی، وزن نهایی، شاخص بلوغ، وزن یک‌روزگی و وزن ۴۵ روزگی در آمیخته‌های دو ترکیب ژنی ABCD و DCBA و همچنین در دو ترکیب ژنی نسل چهارم ABCD-DCBA و DCBA-ABCD اختلاف معنی‌داری نداشتند ($p>0/05$). به نظر می‌رسد، این که کدام ترکیب ژنی به‌عنوان پایه مادری مورد استفاده قرار گیرد، نقشی در تنوع فراسنجه‌های منحنی رشد ندارد. وزن ابتدایی در آمیخته‌های نسل سوم و چهارم که شامل ترکیبات ژنی چهار سویه‌ای با پایه‌های مادری متفاوت هستند، نسبت به آمیخته‌های دو نسلی کمتر و معنی‌دار بود ($p<0/05$)، که بیانگر نقش ژن‌های سویه‌های مختلف در توصیف منحنی رشد است. آمیخته‌های DC بالاترین وزن نهایی و آمیخته‌های نسل سوم و چهارم کمترین وزن نهایی را داشتند و سایر ترکیب‌های ژنی شامل AB، CD، ABCD و DCBA وزن نهایی آنها در حدواسط سایر آمیخته‌ها بودند و اختلافات آنها کاملاً معنی‌دار بود ($p<0/01$). از نظر شاخص بلوغ آمیخته‌های نسل چهارم بالاترین ضریب شاخص بلوغ، ترکیب‌های چهار سویه‌ای نسل سوم کمترین ضریب شاخص بلوغ و ترکیب‌های ژنی دو سویه‌ای ضریب شاخص بلوغ آنها در حدواسط سایر آمیخته‌ها بودند. یکی از نتایج مطالعه حاضر در تولید ترکیب‌های ژنی متفاوت تغییر نرخ بلوغ جسمی یا زمان رسیدن به وزن در بلوغ جسمی است که می‌تواند موجب تغییراتی در بهره‌وری پرورش بلدرچین باشد.

بالاترین وزن یک‌روزگی پرندگان مربوط به آمیخته‌های نسل چهارم حاصل از ترکیب ژنی ABCD-DCBA و تمام آمیخته‌های دو سویه‌ای نسل دوم شامل AB، BA، CD و DC بودند و آمیخته‌های نسل سوم شامل ترکیبات ژنی ABCD و DCBA کمترین وزن یک‌روزگی را داشتند. بر خلاف نتایج بدست آمده برای وزن یک‌روزگی، بالاترین وزن در ۴۵ روزگی مربوط به آمیخته‌های چهار سویه‌ای نسل سوم ABCD و DCBA بودند و آمیخته‌های سایر ترکیبات ژنی اعم از دو سویه‌ای و چهار سویه‌ای وزن ۴۵ روزگی مشابه هم داشتند (جدول ۷). وزن یک‌روزگی عمدتاً تحت تأثیر قابلیت و ترکیب ژنی مادری، اندازه تخم و کیفیت تخم هستند، نتایج نشان داد پرندگانی که وزن یک‌روزگی آنها بالاتر است سرعت رشد کندتر و آنهایی که وزن یک‌روزگی کمتری داشتند سرعت رشد آنها بالاتر بود به نحوی که در ۴۵ روزگی وزن بالاتری داشتند، اما وزن ۴۵ روزگی تحت تأثیر ساختار ژنتیکی پرنده است که به نسبت‌های مختلفی از سویه‌های مختلف بلدرچین ژاپنی به تصادف دریافت کرده‌اند.

سایر پارامترهای منحنی رشد در آمیخته‌های چهار سویه‌ای بلدرچین ژاپنی شامل وزن در نقطه عطف، سن در نقطه عطف، نسبت وزن به سن در نقطه عطف، نرخ رشد یک‌روزگی و نرخ رشد ۴۵ روزگی در جدول ۸ آورده شده است. آمیخته‌های حاصل از ترکیب ژنی DC بالاترین وزن و سن را در نقطه عطف داشت. پرندگانی که نقطه عطف منحنی رشد آنها دیرتر بود وزن بالاتری هم داشتند. سایر ترکیبات ژنی دو سویه‌ای نسل دوم و چهار سویه‌ای نسل چهارم تقریبا وزن و سن مشابه در نقطه عطف داشته و آمیخته‌های حاصل از ترکیبات ژنی نسل چهارم ABCD-DCBA و DCBA-ABCD کمترین وزن و سن در نقطه عطف را دارند. لذا تغییر نقطه عطف در رشد پرندگان می‌تواند موجب افزایش وزن بیشتری در زمان کشتار و کاهش مشکلات فیزیولوژیکی و متابولیکی در پرندگان گردد (۳۱).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

جدول ۸- میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد فراسنجه‌های منحنی رشد شامل وزن و سن در نقطه عطف و نرخ رشد یک و ۴۵ روزگی برای ترکیب‌های مختلف

Table 8. Least square means and standard error of curve function parameters including weight and age at inflection point and growth rate of one and 45 days for different crossbred

ترکیب	وزن در نقطه عطف	سن در نقطه عطف	نسبت وزن به سن نقطه عطف	نرخ رشد یک روزگی	نرخ رشد ۴۵ روزگی
AB	۱۲۵/۴۵۵ (۵/۱۵۵)^{b}	۳۴/۱۵۸ (۲/۷۰۴)^{b}	۴/۲۶۸ (۰/۲۲۳)^{a}	۱/۵۲۰ (۰/۱۱۱)^{c}	۳/۶۲۸ (۰/۳۱۰)^{bc}
BA	۱۲۸/۸۱۴ (۵/۴۶۷)^{b}	۲۹/۵۱۱ (۲/۸۶۸)^{bca}	۴/۵۸۰ (۰/۲۳۶)^{a}	۱/۵۵۴ (۰/۱۱۸)^{bc}	۴/۲۲۲ (۰/۳۲۲)^{ab}
CD	۱۳۲/۲۹۶ (۴/۱۳۳)^{b}	۲۹/۴۶۹ (۲/۱۶۸)^{bca}	۴/۷۶۸ (۰/۱۷۸)^{a}	۱/۵۶۹ (۰/۰۸۹)^{c}	۴/۱۵۴ (۰/۲۴۳)^{ab}
DC	۱۴۹/۱۴۶ (۵/۳۵۷)^{a}	۴۴/۳۰۰ (۲/۸۱۰)^{a}	۴/۲۲۳ (۰/۲۳۱)^{a}	۱/۳۳۲ (۰/۱۱۵)^{c}	۴/۳۳۴ (۰/۳۱۶)^{ab}
ABCD	۱۲۲/۲۴۵ (۳/۲۷۲)^{b}	۳۰/۶۸۰ (۱/۷۱۶)^{bc}	۴/۴۴۶ (۰/۱۴۱)^{a}	۰/۸۸۳ (۰/۰۷۰)^{a}	۴/۱۹۰ (۰/۱۹۳)^{ab}
DCBA	۱۲۸/۰۷۴ (۳/۰۹۳)^{b}	۳۰/۲۳۰ (۱/۶۲۲)^{bc}	۴/۴۹۶ (۰/۱۳۴)^{a}	۰/۷۷۱ (۰/۰۶۶)^{a}	۴/۵۳۶ (۰/۱۸۲)^{a}
ABCD-DCBA	۱۱۲/۴۰۷ (۱/۶۸۱)^{c}	۲۷/۵۵۵ (۰/۸۸۲)^{ca}	۴/۵۰۷ (۰/۰۷۳)^{a}	۱/۸۱۷ (۰/۰۳۶)^{a}	۳/۲۴۳ (۰/۱۰۰)^{c}
DCBA-ABCD	۱۰۹/۹۵۹ (۱/۸۷۵)^{c}	۲۶/۱۶۱ (۰/۹۸۴)^{a}	۴/۵۵۶ (۰/۰۸۱)^{a}	۱/۷۶۷ (۰/۰۴۰)^{ab}	۳/۲۱۰ (۰/۱۱۲)^{c}

در هر ستون، میانگین‌ها با حروف انگلیسی مختلف معنی‌دار هستند ($p<۰/۰۵$)

در نهایت بالاترین نرخ رشد یک‌روزگی مربوط به آمیخته‌های حاصل از ترکیب ژنی نسل چهارم شامل ABCD-DCBA و DCBA-ABCD بودند. آمیخته‌های حاصل از ترکیب ژنی AB، BA، CD و DC در نسل دوم نرخ رشد یک‌روزگی متوسط و آمیخته‌های چهار سویه‌ای نسل سوم ABCD و DCBA کمترین نرخ رشد یک‌روزگی را نشان دادند. برخلاف نتایج حاصل شده در فراسنجه وزن یک‌روزگی، آمیخته‌های نسل دوم و سوم (AB، BA، CD، ABCD و DCBA) بالاترین وزن ۴۵ روزگی و آمیخته‌های نسل چهارم ABCD-DCBA و DCBA-ABCD کمترین وزن ۴۵ روزگی را داشتند. آمیخته‌هایی که نرخ رشد ابتدایی بالایی داشتند، نرخ رشد در پایان دوره کمترین و برعکس بود.

دو دلیل اصلی که موجب توسعه صنعت طیور در طی دهه‌های گذشته شده است، اولا به خاطر تولید پرندگان آمیخته‌ای است که از ترکیب ژن‌های برتر لاین‌ها و سویه‌های مختلف حاصل شده‌اند و دوماً بهبود شرایط محیطی می‌باشد. نارینک و همکاران (۱۹) میانگین فراسنجه‌های منحنی رشد در بلدرچین ژاپنی با مدل گمپرتز برای وزن نهایی، وزن ابتدایی و شاخص بلوغ را به ترتیب ۲۲۷/۵۳، ۳/۴۴ و ۰/۰۸۴ گزارش کردند. همچنین، وزن و سن در نقطه عطف به‌ترتیب ۸۳/۷۲ و ۱۵/۲۳ پیش‌بینی گردید که کمتر از فراسنجه‌های منحنی در مطالعه حاضر می‌باشد. پائو و همکاران (۲۱) عملکرد و میزان هتروزیس را در آمیخته‌های حاصل از تلاقی دو سویه انتخابی که برای وزن بالا و پایین انتخاب شده بودند در مقایسه با جمعیت پایه که هیچ انتخابی انجام نگرفته و آمیزش تصادفی داشتند، با چهار تابع برودی، لجستیک، گمپرتز و برتالانفی گزارش کردند که تابع گمپرتز مناسب‌ترین توصیف را برای رشد ارائه می‌نماید و میزان هترزویس با بهترین مدل در فراسنجه‌های سن در نقطه عطف و سن در زمان رسیدن به ۹۰ درصد وزن نهایی در هر دو جنس منفی است. همچنین، هیچ هتروزیسی برای صفات باروری و زنده‌مانی از ۴۲ تا ۱۰۰ روزگی در ماده‌ها مشاهده نشد، اما میزان هتروزیس برای صفات درصد جوجه‌درآوری، نرخ زنده مانی تا ۴۲ روزگی، سن در اولین تخمگذاری، تعداد تخم‌ها و وزن کل تخم‌ها تا ۱۰۰ روزگی نسبت به جمعیت پایه مثبت معنی‌دار گزارش شد (۲۱).

از مدل گمپرتز جهت توصیف رشد در دو جمعیت انتخابی و غیر انتخابی بلدرچین ژاپنی استفاده شد. آماره ضریب تبیین با مقدار بیش از ۹۸ درصد نشان داد که مدل مذکور توصیف خوبی از داده‌های رشد دارد، اما الگوی رشد در دو جنس نر و ماده متمایز گزارش گردید و در تمام سنین ماده‌ها سنگین‌تر از نرها بودند. نر و ماده‌های بلدرچین ۴ درصد وزن بلوغ را در زمان هچ داشتند و به ترتیب به ۹۸ و ۹۶ درصد وزن بلوغ در ۱۲ هفتگی رسیدند. وزن در نقطه عطف در ماده‌ها (۱۶۸/۸۴) سنگین‌تر از نرها (۱۳۲/۷۱) بود، در عوض نرخ بلوغ نرها (۰/۳۸) در مقایسه با ماده‌ها (۰/۳۳) بود و همبستگی منفی بین سرعت بلوغ و وزن در هر نقطه از منحنی گزارش شد (برای نرها و ماده ها به ترتیب ۰/۷۹- و ۰/۸۵-) (۲۳).

نتایج مطالعه حاضر بیانگر توصیف متفاوت منحنی رشد ترکیبات ژنی مختلف آمیخته‌ها و فراسنجه‌های بهترین منحنی توصیف کننده رشد بود. برای ترکیبات دو سویه‌ای تابع گمپرتز بهترین پیش‌بینی را داشت، اما در ترکیبات چهار سویه‌ای تابع ویبول بهترین بود. دلایل این اختلافات می‌تواند مربوط به تعداد و نوع ژن‌های افزایشی به اشتراک گذاشته شده از هر سویه و اثرات ترکیبی آنها شامل غالبیت، اپیستاتیک و فوق غلبه ژن‌ها باشد. همچنین، یکی دیگر از نتایج مطالعه حاضر در تولید ترکیبات ژنی جدید (آمیخته‌ها) تغییر نرخ بلوغ جسمی یا زمان رسیدن به وزن در بلوغ جسمی بود. پرندگانی که وزن اولیه بیشتری داشتند زودتر بالغ شده و وزن نهایی آنها کمتر از آمیخته‌هایی بود که بلوغ تاخیری داشتند. این تغییرات می‌تواند بهره‌وری و پرورش بلدرچین را تحت تأثیر قرار دهد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

منابع

1. Aggrey, S.E. 2002. Comparison of three non-linear and spline regression models for describing chicken growth curves. Poultry Science, 81: 1782–1788.
2. Aggrey, S.E. 2003. Dynamic of relative growth rate in Japanese quail lines divergently selected for growth and their control. Growth Development and Aging, 67: 47-54.
3. Al-Murrani, W.K. 1978. Maternal effects on embryonic and post-embryonic growth in Poulttry. British Poultry Science, 19: 277-281.
4. Arango, J.A. and L.D. Van Vleck. 2002. Size of beef cows; early ideas new developments. Genetic and Molecular Research, 1: 51-63.
5. Bahreini Behzadi M.R., A.A. Aslaminejad, A.R. Sharifi and H. Simianer. 2014. Comparison of mathematical models for describing the growth of Baluchi sheep. Journal of Agriculture Science and Technology, 14: 57-68.
6. Balcioğlu, M.S., K. Kızılkaya, H.İ. Yolcu and H.I. Kabarağ. 2005. Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail. South African Journal of Animal Science, 35: 83-89.
7. Barbato, G.F. 1991. Genetic architecture of growth curve parameters in chickens. Theorical Applied Genetic, 83: 24-32.
8. Beiki, H., A. Pakdel, M. Moradi-shahrbabak and H. Mehrban. 2013. Evaluation of growth functions on Japanese quail lines. Journal of Poultry Science, 50: 20-27.
9. Brody, S. 1945. Bioenergetic and Growth. Reinhold Publishing Co, New York, USA, 1023 pp.
10. Darmani-Kuhi, H., T. Porter, S. Lopez, E. Kebreab, A.B. Strathe, A. Dumas, J. Dijkstra and J. France. 2010. A review of mathematical functions for the analysis of growth in poultry. World's Poultry Science Journal, 66: 227-239.
11. Fair, J.M., E.S. Hansen and R.E. Ricklefs. 1999. Growth, developmental stability and immune response in juvenile Japanese quails. Proc. R. Soc London Ser B, 266: 1735-1742.
12. Firat, M.Z., E. Karaman, E.K. Başar and D. Narinc. 2016. Bayesian analysis for the comparison of nonlinear regression model parameters: an application to the growth of Japanese quail. Brazilian Journal of Poultry Science, 23: 19-26.
13. Gompertz, B. 1825. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. Philosophical transactions of the Royal Society of London, 115: 513-583.
14. Hashemirad, M., N. Farzin and A. Seraj. 2018. Genetic parameters of body weight and carcass characteristics in two strains of Japanese quail. Research on Animal Production, 8(17): 166-174 (In Persian).
15. Knizetova, H., J. Hyanek, B. Knize and J. Roubicek. 1991. Analysis of growth curves of fowl. I. Chickens. British Poultry Science, 32(5): 1027-1038.
16. Loibel, S., M.G. Andrade, J.B. do Val and A.R.D. Freitas. 2010. Richards's growth model and viability indicators for populations subject to interventions. Anais da Academia Brasileira de Ciências, 82: 1107-1126.
17. Minvielle, F., D. Gourichon, S. Ito, M. Inoue-Murayama and S. Rivie. 2007. Effects of the dominant lethal yellow mutation on reproduction, growth, feed consumption, body temperature, and body composition of the Japanese quail. Poultry Science, 86: 1646-1650.
18. Nahashon, S.N., S.E. Aggrey, N.A. Adefope, A. Amenyenu and D. Wright. 2006. Growth characteristics of pearl gray guinea fowl as predicted by the Richards, Gompertz and logistic models. Poultry Science, 85(2): 359-363.
19. Narinc, D., E. Karaman, M.Z. Firat and T. Aksoy. 2010. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. Journal of Animal and Veterinary Advances, 9(14): 1961-1966.
20. Piao, J., S. Okamoto, S. Kobayashi, Y. Wada and Y. Maeda. 2002. Study of heterosis effects on productive traits of Japanese Quails: Heterosis effects on the crosses between large line and random bred population. Jpn Poultry Science, 39: J139-J146.
21. Piao, J., S. Okamoto, S. Kobayashi, Y. Wada and Y. Maeda. 2004. Purebred and crossbred performances from a Japanese quail line with very small body size. Animal Research, 53: 145-153.
22. Pinheiro, J., D. Bates, S. DebRoy and D. Sarkar. 2014. R Core Team nlme: linear and nonlinear mixed effects models. R package version 3.1-117. Available at h ttp://CRAN. R-project. org/package= nlme.
23. Raji, A.O., S.T. Mbap and J. Aliyu. 2014. Comparison of different models to describe growth of the Japanese quail (Coturnix Japonica). Trakia Journal of Sciences, 2: 182-188.
24. Rezvannejad, E., A. Boustan and S. Lotfi. 2017. Comparison of reproductive performance of two pure lines of Japanese quail and their reciprocal crosses. Research on Animal Production, 8(15): 144-148 (In Persian).
25. Richards, F. 1959. A flexible growth function for empirical use. Journal of Experimental Botany, 10: 280-300.
26. Ricklefs R.E. 1985. Modification of growth and development of muscles in poultry. Poultry Science, 64: 1563-1576.
27. Robertson, T.B. 1908. On the normal rate of growth of an individual, and its biochemical significance. Archiv für Entwicklungsmechanik der Organismen, 25: 581-614.
28. Sekaninova, A., L. Kupcikova and M. Lichovnikova. 2016. The effect of divergent selection for shape of growth curve in Japanese quail on egg quality. MendelNet, 23: 269-272.
29. Sezer, M. and S. Tarhan. 2005. Function parameters of growth curves of three meat-type lines of Japanese quail. Czech Journal of Animal Science, 50: 22-30.
30. Taheri Dezfuli, B., M. Babaei, A. Kardooni. 2018. Fitting milk curve and its compounds for Khuzestani buffaloes using five different functions. Research on Animal Production, 9(19): 113-123 (In Persian).
31. Tarhyel, R., B.K. Tanimomo and S.A. Hena. 2012. Organ weight: As influenced by color, sex and weight group in Japanese quail. Scientific Journal of Animal Science, 1: 46-49.
32. Tariq, M.M., M.A. Bajwa, A. Waheed, E. Eyduran, F. Abbas, F.A. Bokhari and A. Akbar. 2011. Growth curve in Mengali sheep breed of Balochistan. Journal of Animal and Plant Science, 21: 5-7.
33. Verhulst, P.F. 1838. Notice Sur La Loi que la population suit dans son accroissement Correspondence Mathematique et Physique, 10: 113-121.
34. Vuori, K., I. Stranden, M.L. Sevon-Aimonen and E.A. Mantysaari. 2006. Estimation of non-linear growth models by linearization: a simulation study using a Gompertz function. Genetics Selection and Evolution, 38: 343-358.
35. Waheed, A., M. Sajjad Khan, S. Ali and M. Sarwar. 2011. Estimation of growth curve parameters in Beetal goats. Archiv Tierzucht, 54: 287-296.
36. Weibull, W. 1951. A statistical distribution function of wide applicability. Journal of Applied Mechanics, 12: 293-297.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]

Growth Curves Fitting in Japanese Quail Di-Allele Crosses and Comparison of Growth Patterns of Crossbreds

Khadijeh Ebrahimi[1], Gholam Reza Dashab[2], Hadi Faraji-Arough[3] and Mohammad Rokouei[4]

1 and 2- M.Sc. Student and Assistant Professor, of Animal Breeding, Department of Animal Science, Agriculture Faculty, University of Zabol
3- Assistant Professor, of Animal Breeding and Genetic, Research Center of Special Domestic Animals, University of Zabol (Corresponding author: hadifaraji@uoz.ac.ir)
4- Associate Professor of Animal Breeding, Department of Animal Science and Bioinformatics, Agriculture Faculty, University of Zabol
Received: October 31, 2017 Accepted: April 25, 2018

Abstract

The main part of growth performance in birds is as a result of gene combination effects, which their changes require an optimal mating system in order to use general and specific gene combination ability. The purpose of the present study was to evaluate the growth patterns of four strains combination Japanese quail in a partial di-allele cross. For this purpose, four strains of Italian Speckled (A), Tuxedo (B), Pharaoh (C), A&M Texas (D) were used in a partial di-allele cross design to produce different gene combinations during four generations. Four functions including Gomperts, Richards, Logistic and Weibull were fitted for body weights records of different combinations. The best function for each combination was selected by goodness of fit criteria's. Then, function parameters and growth patterns of the best function were compared between combinations. The results of goodness of fit criteria's showed that the Gompertz function was the best one for binary combinations of AB, BA, CD, DC and reciprocal combination of ABCD-DCBA, DCBA-ABCD, while Weibul function was found to be the best function for quadrille combinations of ABCD, DCBA for describing growth curve. The effects of year and month of hatching on all growth patterns were significant ($P<0.05$). Also, the combination effect on initial weight, final weight, age and weight at inflection point and, one-day weight was significant ($P<0.05$). The effect of sex on curve growth parameters was not significant ($P>0.05$) except for 45-days weight. The DC combination had the highest initial and final weight, age and weight at inflection point compared to other combinations. The quadrille combinations, especially DCBA had the highest final weight, 45-days weight and, 45-days growth rate, but the lowest puberty index. Also, age and weight at inflection point in DCBA combination were at moderate level among combinations and showed better performance compared to other crosses indicating of the most heterosis in this combination.

Keywords: Cross breeding, Growth function, Gompertz, Japanese quail

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-09-06]

[DOI: 10.29252/rap.9.20.110]