

تصمیم‌گیری مدل نهایی ارزیابی ژنتیکی، از مدل خطی و رویه GLM نرم‌افزار SA (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 هج (در سه سطح) بود.

برای بدست آوردن فراسنجه‌های منحنی رشد، تمام بلدرچین‌ها هفته به هفته تا ۶ هفتهگی وزن‌کشی شدند. به منظور تخمین پارامترهای منحنی رشد در گله مورد مطالعه از مدل رگرسیون غیر خطی گمپرتز (معادله ۱) استفاده شد.

$$W_t = ae^{(-be^{(-kt)})} \quad (\text{معادله ۱})$$

که در این معادله 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 (۵،۱،۳۴).

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. مدل گمپرتز با نقطه عطف منحنی $(\frac{t}{e})$ توصیف می‌شود، به طوری که حداکثر رشد قبل از این نقطه و باقیمانده آن پس از آن اتفاق می‌افتد (۱۷).

مختصات نقطه عطف (IPT)، به صورت زیر بدست آمد (۴۵).

$$IPT = \ln(b)/(k) \quad (\text{معادله ۲})$$

AGR از مشتق اول مدل گمپرتز با توجه به زمان بدست می‌آید و RGR به عنوان افزایش یک واحد در وزن بدن در واحد زمان تعریف می‌شود.

$$AGR = abk e^{(-be^{(-kt)})} e^{(-kt)} \quad (\text{معادله ۳})$$

$$RGR = k [\ln(a) - \ln(y_t)] \quad (\text{معادله ۴})$$

تعداد روزانه تخم از اولین روز تخم‌گذاری تا سن ۲۰ هفتهگی ثبت شد و تعداد کل تخم‌ها (EN) به تفکیک ماده‌ها محاسبه شد. تخم‌ها به صورت هفتگی در دستگاه جوجه‌کشی قرار داده شدند. پس از پایان دوره جوجه‌کشی، تمام تخم‌های هج نشده، شکسته شده و از نظر نطفه‌داری طبقه‌بندی شدند. باروری هر ماده از نسبت تخم‌های نطفه‌دار به تعداد کل تخم‌ها تعیین شد.

اجزای (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی منحنی رشد و صفات مورد مطالعه با مدل حیوانی و روش حداکثر رست‌نمایی محدود شده با استفاده از تجزیه و تحلیل چند صفتی توسط نرم‌افزار DMU (۲۴) برآورد شدند.

$$y_1 = Xb_i + Za_j + e_{ij} \quad (\text{معادله ۵})$$

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

فراسنجه‌های ژنتیکی صفات وزن بدن در سنین مختلف در بلدرچین ژاپنی (۸،۱۱،۱۹،۴۲)، مقایسه منحنی‌های رشد و تغییرات ژنتیکی در مدل‌های رشد (۲۱،۲۰) و تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی برای صفات اقتصادی، وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی در صفات مختلف وزن بدن در بلدرچین ژاپنی (۱۴،۱۶،۴۲) صورت گرفته است، اما مطالعاتی که برآورد وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد، همبستگی‌های ژنتیکی بین این فراسنجه‌ها و همبستگی ژنتیکی بین فراسنجه‌های منحنی رشد و صفات دیگر مانند صفات رشد، تولید، تولیدمثل را گزارش کرده باشند بسیار محدود است. لذا هدف از مطالعه حاضر برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی منحنی رشد و صفات تولید مثلی در بلدرچین ژاپنی بود.

مواد و روش‌ها

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 هج با استفاده از شماره‌های کاغذی و سنجاق قفلی شماره پدر به بال جوجه‌ها نصب شد و شماره شناسایی پرنده به همراه وزن هج در دفتر ثبت گردید. برنامه نوری در دوره رشد به صورت ۲۴ ساعت روشنایی پیوسته و در دوره تخم‌گذاری به صورت ۱۶ ساعت نور و ۸ ساعت تاریکی اعمال گردید. جیره‌های مورد استفاده نیز بر اساس توصیه انجمن تحقیقات ملی (NRC) تنظیم گردید. در طول دوره پرورش، دسترسی به آب و خوراک آزاد بود. پرندگان از زمان هج 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 دیجیتال و با دقت ۰/۰۱ انجام گرفت.

اطلاعات شجره شامل شماره پرنده، شماره پدر و شماره قفس، سال، ماه و روز تولد پرنده و نوبت هج در طی ۴ نسل بودند. ابتدا داده‌ها با نرم‌افزار CFC (۴۹) ویرایش و برای تجزیه تحلیل آماده‌سازی شدند. صفات مورد بررسی در مطالعه حاضر شامل وزن بدن در ۳۵ روزگی به گرم (BW35)، وزن مجانبی (a)، نرخ بلوغ (k)، سن در نقطه عطف منحنی رشد به روز (IPT)، نرخ رشد مطلق (AGR)، نرخ رشد نسبی (RGR)، مجموع تخم‌ها تا سن ۱۴۰ روزگی (EN) و درصد باروری (FR) بودند. به منظور شناسایی عوامل ثابت موثر بر صفات و

نتایج و بحث

خلاصه آماری صفات وزن بدن در ۳۵ روزگی (BW_{35})، وزن مجانبی (a)، نرخ بلوغ (b)، سن در نقطه عطف منحنی (IPT)، نرخ رشد مطلق (AGR)، نرخ رشد نسبی (RGR)، مجموع تخم‌ها تا ۲۰ هفته‌گی (EN) و درصد باروری (FR)^۵ در جدول ۱ ارائه شده است. وزن بدن در ۳۵ روزگی $181/8$ گرم و در دامنه $120-243$ گرم بدست آمد. میانگین BW_{35} در مطالعه حاضر کمتر از گزارش باربری و همکاران (۸) با مقدار $211/31$ گرم و بیشتر از گزارشات سزار و همکاران (۵۱)، ساتسی (۴۶)، اکباس و یایلیک (۵)، ماموه و همکاران (۳۲)، دایکو و همکاران (۱۱) و نارینس و همکاران (۳۵) بود که به ترتیب $170/41$ ، $146/8$ ، $146/7$ ، $70/08$ ، $98/76$ و $91/04$ را گزارش کرده بودند و مطابق با گزارش اوزسوی (۴۳) با میانگین $185/9$ گرم بود. احتمالاً شرایط آزمایش و ساختار و تعداد مشاهدات در مطالعه حاضر و سایر مطالعات و همچنین استفاده از سویه‌های مختلف بلدرچین از علل تفاوت وزن بدن بلدرچین‌ها در این سن در مطالعات مختلف می‌باشد، هر چند عوامل محیطی، تغذیه‌ای و پرورشی هم بر این صفت بسیار تاثیر گذار هستند.

میانگین وزن مجانبی مدل رشد گمپرتز $290/07$ بدست آمد. گورکان و همکاران (۱۵)، اکباس و اوگوز (۴) و نارینس و همکاران (۳۵) برآورد فراسنجه وزن مجانبی را بترتیب $186/9$ ، $244/7$ و $233/12$ گزارش کردند. آلکان و همکاران (۶) در مطالعه ای با هدف افزایش وزن بدن، دامنه وزن مجانبی منحنی رشد را $306-295$ برآورد کردند که مطابق با مطالعه حاضر بود. نارینس و همکاران (۳۵) میانگین وزن مجانبی را $265/78$ و در دامنه $882/09-98/34$ گزارش کردند که کمتر از برآورد تحقیق حاضر بود. در مطالعات بهبود ژنتیکی، انتخاب برای وزن بدن، موجب تغییر در فراسنجه‌های منحنی رشد می‌شود (۵،۳۴).

نرخ بلوغ در مطالعه حاضر $0/058$ برآورد گردید که موافق با برآورد اکباس و یایلیک (۵) با مقدار $0/055$ و کمتر از برآورد نارینس و همکاران (۳۳) با میزان $0/075$ و گورکان و همکاران (۱۵) با میزان $0/066$ و بیشتر از برآورد نارینس و همکاران (۳۵) با مقدار $0/046$ بود. نرخ بلوغ، سرعت رشد در دوران بلوغ را تعیین می‌کند. نرخ بلوغ بالاتر نشان دهنده بلوغ زودتر و نرخ بلوغ کمتر نشان دهنده بلوغ دیرتر است (۵). هر

چند اکباس و یایلاک (۵) و نارینس و همکاران (۳۴) نشان دادند که افزایش در نرخ بلوغ منجر به تغییر در متوسط نرخ رشد آن هم در جهت مخالف می‌شود.

میزان IPT در مطالعه حاضر $22/56$ و بین $13/38-39/93$ روز بدست آمد. میزان IPT بین $16-22/3$ روز توسط اکباس و اوگوز (۴) و نارینس و همکاران (۳۴) گزارش شده است که کمتر از برآورد مطالعه حاضر بود. نارینس و همکاران (۳۵) میانگین IPT را $35/06$ و بین $14/90$ تا $91/83$ روز گزارش کردند که بالاتر از میانگین گله مورد مطالعه بود. میانگین IPT در مطالعه نارینس و همکاران (۳۳) $17/81$ روز گزارش شده است که کمتر از مقدار مطالعه حاضر بود.

میانگین AGR و RGR تا سن ۵ هفته‌گی بترتیب $4/70$ و $2/7$ بدست آمد. بدلیل ساختار وزن بدن و اینکه تحت تاثیر عوامل محیطی و ژنتیکی بسیاری قرار دارد نمی‌توان تغییرات هفته‌گی رشد را تشخیص داد (۲). AGR تغییر بین هفته‌های متوالی و RGR نسبت نرخ تغییرات در وزن بدن را تا رسیدن به رشد در سن مورد نظر نشان می‌دهد. برخی محققان عقیده دارند که RGR در ارزیابی رشد مفیدتر است (۳،۳۴).

بیشتر مطالعات در حوزه بلدرچین بر تعداد تخم تولیدی در دوره تخم‌گذاری کوتاه مدت متمرکز شده است. در مطالعه حاضر، EN (میانگین تعداد تخم) تا ۲۰ هفته‌گی 79 و بین 20 تا 110 بود. نتایج پژوهش حاضر موافق با نتایج نارینس و همکاران (۳۳) بود که میانگین تخم تولیدی تا ۲۰ هفته‌گی را $78/89$ گزارش کرده بودند. لطفی و همکاران (۲۲) تعداد تخم بلدرچین‌های ژاپنی را در یک دوره ۵ هفته‌ای $29/44$ و محمود و همکاران (۲۶) میانگین تعداد تخم را در ۹۰ روز ابتدایی تخم‌گذاری در بلدرچین ژاپنی $63/2$ و در دامنه $70-53$ اعلام کردند که کمتر از مطالعه حاضر بود.

درصد باروری (FR) در مطالعه حاضر، $85/24$ درصد بدست آمد. مطابق با مطالعه حاضر، نارینس و همکاران (۳۳) درصد باروری را در بلدرچین ژاپنی $84/02$ گزارش کردند. لطفی و همکاران (۲۲) درصد باروری را در بلدرچین ژاپنی $92/84$ درصد و مگدا و همکاران (۲۵) درصد باروری را در ۴ نسل از یک جمعیت بلدرچین ژاپنی $96/79-94/11$ درصد گزارش کردند که بالاتر از گزارش تحقیق حاضر بود. رضوان نژاد و همکاران (۴۴) درصد باروری را $76-46$ درصد گزارش کردند که کمتر از درصد باروری مطالعه حاضر بود.

جدول ۱- خصوصیات داده‌های آماری مربوط به صفات رشد و تولیدمثل در بلدرچین ژاپنی

max	min	cv	sd	mean	صفت
572/4	144/16	24/6	71/42	290/07	A
0/088	0/03	18/44	0/0107	0/058	K
39/93	13/38	21/6	4/89	22/56	(day) IPT
7/98	2/00	25/95	1/22	4/70	(gr) AGR
0/041	0/015	21/11	0/0057	0/027	(%) RGR
343	120	13/61	27/75	181/8	(gr) BW_{35}
110	20	13/62	10/67	79	(egg) EN
100	18/72	19/46	16/35	83/98	(%) FR

a: فراسنجه مرتبط با وزن مجانبی، k: فراسنجه توضیح دهنده نرخ بلوغ، IPT: سن در نقطه عطف منحنی، AGR: نرخ رشد مطلق تا ۳۵ روزگی، RGR: نرخ رشد نسبی تا ۳۵ روزگی، BW_{35} : وزن بدن در ۳۵ روزگی، EN: مجموع تعداد تخم‌ها تا سن ۱۴۰ روزگی و FR: درصد باروری

1- Age at inflection point

3- Relative growth rate at 5 week of age

5- Percentage of fertility

2- Absolute growth rate at 5 week of age

4- Total egg number up to 140 days of age

وراثت‌پذیری

برآورد وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه در جدول ۲ آورده شده است. وراثت‌پذیری BW_{35} در مطالعه حاضر (۰/۲۲۸) کمتر از گزارشات نارینس و همکاران (۳۳)، نارینس و همکاران (۳۵) و اوز سوی و اکتان (۴۰) بترتیب با مقادیر ۰/۳۶، ۰/۴۶ و ۰/۵۸ و تا حدودی مطابق برآورد ولی و همکاران (۵۴) با مقدار (۰/۲۶) و محمود و همکاران (۲۶) با مقدار ۰/۲۴ بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات وزن بدن در بلدرچین ژاپنی در طیف گسترده‌ای گزارش شده است. تفاوت در برآوردهای وراثت‌پذیری می‌تواند مربوط به مدل و روش آماری مورد استفاده، نژاد، اثرات محیطی و شاید خطای نمونه برداری به دلیل کمبودن تعداد مشاهدات باشد (۳۰).

وراثت‌پذیری فراسنجه‌های k ، a و IP_T منحنی رشد گومپرتز به ترتیب ۰/۲۳۸، ۰/۴۱۶ و ۰/۲۸۳ برآورد شدند. گزارشات محدودی از برآورد پارامترهای منحنی رشد در بلدرچین ژاپنی در دسترس است (۴،۵،۳۴،۳۵). متوسط وزن مجانبی، ارتباط بسیار نزدیکی با وزن بلوغ دارد. برآورد وراثت‌پذیری وزن مجانبی در تحقیق حاضر (۰/۲۳۸) کمتر از گزارشات نارینس و همکاران (۳۵)، نارینس و همکاران (۳۳) و اکباس و یایلک (۵) بود که بترتیب مقادیر ۰/۵۰، ۰/۳۸ و ۰/۳۵ را گزارش کرده بودند. گزارش منجولا و همکاران (۲۷) با برآورد ۰/۲۱ تا حدودی مطابق با برآورد مطالعه حاضر بود.

برآورد وراثت‌پذیری نرخ بلوغ (k) با میزان ۰/۴۱۶ موافق با برآورد اکباس و یایلک (۵) و کمتر از گزارش نارینس و همکاران (۳۳) و بیشتر از برآورد نارینس و همکاران (۳۵) بود. منجولا و همکاران (۲۷) وراثت‌پذیری بسیار پایین (۰/۰۹۵) را برای نرخ بلوغ گزارش کرده بودند. وراثت‌پذیری IP_T در مطالعه حاضر (۰/۲۸۳) بیشتر از برآورد نارینس و همکاران (۳۳) با میزان ۰/۲۶ و کمتر از برآورد اکباس و یایلک (۵) و نارینس و همکاران (۳۵) بترتیب با مقادیر ۰/۳۱۹ و ۰/۵۴ بود. بر اساس وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد (k ، a) و

IP_T) می‌توان نتیجه گرفت که استفاده از انتخاب مستقیم در این صفات باعث بهبود و پیشرفت آن‌ها خواهد شد. وراثت‌پذیری AGR و RGR در مطالعه حاضر ۰/۱۶۸ و ۰/۲۲۲ برآورد شدند که کمتر از برآورد نارینس و همکاران (۳۳) با مقادیر ۰/۲۵ و ۰/۲۹ بود. نارینس و همکاران (۳۴) وراثت‌پذیری AGR و RGR را بترتیب ۰/۲۷ و ۰/۱۱ در یک جمعیت بلدرچین با آمیزش تصادفی گزارش کردند. به دلیل وراثت‌پذیری پایین این دو صفت و اینکه تحت تاثیر عوامل محیطی زیادی (عوامل مدیریتی، محیطی، تغذیه‌ای و ...) هستند باعث اختلاف در برآوردها در پژوهش‌های مختلف شده است.

در مطالعه حاضر، وراثت‌پذیری EN از اولین تخم‌گذاری تا هفته بیستم ۰/۲۸۳ برآورد شد که کمتر از مقدار گزارش شده توسط نارینس و همکاران (۳۳) با میزان ۰/۳۷ بود. برآوردهای متوسط برای وراثت‌پذیری تعداد تخم‌گذاری در دوره‌های مختلف تخم‌گذاری در بلدرچین‌های تخم‌گذار بین ۰/۲۶-۰/۳۶ گزارش شده است (۱۲،۳۳،۲۶). نارینس و همکاران (۳۳) وراثت‌پذیری تولید تخم ماهانه در بلدرچین‌های تخم‌گذار را ۰/۴۳ و اکنی و همکاران (۳۹) وراثت‌پذیری این صفت در سه نسل از بلدرچین ژاپنی را بین ۰/۴۸-۰/۳۳ گزارش کردند که بیشتر از برآورد مطالعه حاضر بود. محمود و همکاران (۲۶) وراثت‌پذیری تعداد تخم در ۹۰ روز ابتدائی تخم‌گذاری در بلدرچین ژاپنی را ۰/۲۶ گزارش کردند که تقریباً مطابق مطالعه حاضر بود. والتی و همکاران (۵۳) وراثت‌پذیری تعداد تخم ۱۱ تا ۱۶ هفتهگی بلدرچین‌ها را ۰/۱۵ گزارش کردند که کمتر از برآورد مطالعه حاضر بود. وراثت‌پذیری FR در مطالعه حاضر ۰/۰۷۱ برآورد شد. بر اساس اکثر گزارشات، وراثت‌پذیری باروری در بلدرچین ژاپنی عموماً پایین و در بازه ۰/۱۱-۰/۰۷ بود (۱۳،۳۳). برآورد وراثت‌پذیری FR در مطالعه حاضر نیز موافق با این گزارشات و پایین بدست آمد.

جدول ۲- وراثت‌پذیری و انحراف استاندارد صفات رشد و تولید مثل در بلدرچین ژاپنی

Table 2. Heritability and standard deviation of growth and reproductive traits in Japanese quail

انحراف استاندارد	وراثت‌پذیری	صفت
۰/۰۳۶	۰/۲۳۸	a
۰/۰۴۱	۰/۴۱۶	k
۰/۰۳۳	۰/۲۸۳	IP_T
۰/۰۲۳	۰/۱۶۸	AGR
۰/۰۲۲	۰/۲۲۲	RGR
۰/۰۱۸	۰/۲۲۸	BW_{35}
۰/۰۱۹	۰/۲۹۳	EN
۰/۰۲۸	۰/۰۷۸	FR

a: فراسنجه مرتبط با وزن مجانبی، k: فراسنجه توضیح دهنده نرخ بلوغ، IP_T : سن در نقطه عطف منحنی، AGR: نرخ رشد مطلق تا ۳۵ روزگی، RGR: نرخ رشد نسبی تا ۳۵ روزگی، BW_{35} : وزن بدن در ۳۵ روزگی، EN: مجموع تعداد تخم‌ها تا سن ۱۴۰ روزگی و FR: درصد باروری

همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی

همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد مطالعه در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی‌های ژنتیکی بین فراسنجه‌های منحنی رشد (a، k و IPT) با RGR، AGR و BW₃₅ متوسط رو به بالا (۰/۹۲۴ - ۰/۴۳۹) بود. قوی‌ترین همبستگی هم بین IPT و RGR (۰/۹۲۴) بدست آمد. به جز همبستگی‌های ژنتیکی بین EN و FR بادیگر صفات، اکثر همبستگی‌های ژنتیکی مثبت برآورد شد. چندین مطالعه همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بالا بین وزن بدن در ۵ و ۶ هفتگی با فراسنجه a در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (۳۳، ۳۴، ۴). همبستگی ژنتیکی بین فراسنجه‌های منحنی رشد و وزن بدن در سنین مختلف توسط اکباس و یایلیک (۵) گزارش شده است. این محققین همبستگی‌های فنوتیپی منفی بین فراسنجه a و وزن بدن تا چهار هفتگی را گزارش کردند. نارینس و همکاران (۳۳) نیز همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین فراسنجه‌های منحنی رشد و صفات وزن بدن در ۳۵ روزگی را منفی و متوسط گزارش کردند. اکباس و اوگوز (۴) وراثت پذیری بالا برای a و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی قوی بین a و صفات هفتگی وزن بدن گزارش کردند. نارینس و همکاران (۳۵) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و a را به ترتیب ۰/۴۱- و ۰/۱۵- گزارش کردند. این نتایج نشان می‌دهند که فراسنجه a می‌تواند به عنوان شاخص انتخاب به منظور افزایش وزن بدن هنگام کشتار استفاده شود.

مطالعه حاضر همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی متوسط و مثبت بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و فراسنجه k را نشان داد (۰/۴۳۹ و ۰/۳۱۸). همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین فراسنجه a و k نیز بالا و منفی بود (بترتیب ۰/۸۲۳- و ۰/۸۰۴-). نارینس و همکاران (۳۵) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و k را بترتیب ۰/۸۲ و ۰/۶۰ گزارش کردند که بالاتر از مطالعه حاضر بود. نارینس و همکاران (۳۳) همبستگی ژنتیکی منفی و پایین بین وزن بدن در ۵ هفتگی و k را ۰/۱۱- و همبستگی بین a و k را بترتیب ۰/۷۶- و ۰/۷۳- گزارش کردند. گزارشات اکباس و اوگوز (۴) و اکباس و یایلیک (۵) کمتر از برآوردهای مطالعه حاضر بود. کاهش در فراسنجه k باعث افزایش در فراسنجه a می‌شود و دلالت بر متوسط نرخ بلوغ دارد. همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و IPT در مطالعه حاضر ۰/۲۶۳- بدست آمد. نارینس و همکاران (۳۴) همبستگی ژنتیکی متوسط و منفی بین وزن بدن و IPT (۰/۳۸-)، میگنون (۳۱) همبستگی ژنتیکی قوی و منفی بین وزن بدن در ۸ هفتگی (۰/۶۰-) را در مرغ‌ها و نارینس و همکاران (۳۵) همبستگی ژنتیکی قوی و منفی بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و IPT (۰/۷۷-) در بلدرچین ژاپنی گزارش کردند که تمام مقادیر بالاتر از مقادیر مطالعه حاضر بود.

در مدل رشد گمپرتز، IPT به صورت معکوس با نرخ رشد آنی مرتبط است. همانطور که انتظار می‌رفت در مطالعه حاضر نیز همبستگی ژنتیکی قوی و منفی (۰/۸۲-) بین IPT و K بدست آمد.

جدول ۳- همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفات رشد و تولیدمثل در بلدرچین ژاپنی

Table 3. Genetic (above diagonal) and phenotypic correlation (below diagonal) of growth and reproductive traits in Japanese quail

FR	EN	BW35	RGR	AGR	IPT	k	a	
-۰/۰۳۹ ± ۰/۰۲	-۰/۰۱ ± ۰/۰۱	۰/۵۲۱ ± ۰/۳۸	-۰/۷۱۴ ± ۰/۱۷	۰/۸۳۳ ± ۰/۱۱	-۰/۸۷۵ ± ۰/۰۸	-۰/۸۲۳ ± ۰/۱۰	-	a
-۰/۱۱۶ ± ۰/۰۴	۰/۰۱۵ ± ۰/۰۱	۰/۴۳۹ ± ۰/۲۶	-۰/۵۵۱ ± ۰/۱۸	-۰/۴۱۷ ± ۰/۲۷	-۰/۸۲ ± ۰/۰۷	-	-۰/۸۰۴	k
-۰/۰۷۹ ± ۰/۰۴	-۰/۱۱ ± ۰/۰۲	-۰/۲۶۳ ± ۰/۳۶	۰/۹۲۴ ± ۰/۰۴	۰/۷۷۰ ± ۰/۱۹	-	-۰/۹۲۲	۰/۸۶۱	IPT
-۰/۱۲۱ ± ۰/۰۱	۰/۰۱۲ ± ۰/۰۱	۰/۴۹۹ ± ۰/۳۲	-۰/۸۱۶ ± ۰/۱۷	-	۰/۶۷۵	-۰/۵۲۵	۰/۸۹۷	AGR
-۰/۱۱۵ ± ۰/۰۲	-۰/۴۱۸ ± ۰/۰۲	۰/۲۱۳ ± ۰/۲۳	-	۰/۷۵۲	۰/۹۵۴	-۰/۸۰۸	۰/۸۲۰	RGR
-۰/۱۳۲ ± ۰/۰۱	۰/۲۶۹ ± ۰/۰۱	-	-۰/۱۲	۰/۵۱۸	-۰/۲۰۳	۰/۳۱۸	۰/۲۴۵	BW35
۰/۸۲۹ ± ۰/۰۴	-	-۰/۳۴	-۰/۳۹	۰/۰۲	-۰/۰۳	۰/۰۱	۰/۰۴	EN
-	-۰/۷۶	-۰/۱۴	-۰/۰۷	۰/۰۴	۰/۰۲	-۰/۱۰	-۰/۰۷	FR

a: فراسنجه مرتبط با وزن مجانبی، k: فراسنجه توضیح دهنده نرخ بلوغ، IPT: سن در نقطه عطف منحنی، AGR: نرخ رشد مطلق تا ۳۵ روزگی، RGR: نرخ رشد نسبی تا ۳۵ روزگی، BW35: وزن بدن در ۳۵ روزگی، EN: مجموع تعداد تخم‌ها تا سن ۱۴۰ روزگی و FR: درصد باروری

نارینس و همکاران (۳۳) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین این دو صفت را پایین و منفی (به ترتیب $-0/11$ و $-0/07$) گزارش کردند. در مطالعه حاضر یک همبستگی ژنتیکی قوی بین EN و FR ($0/80$) بدست آمد. مشابه مطالعه حاضر، نارینس و همکاران (۳۳) همبستگی $0/83$ را بین این دو صفت بدست آورده بودند. پر واضح است که همبستگی بین درصد باروری و تعداد تخم در پرندگان (قرقاول و بلدرچین) مثبت و بالاست. هرچه تعداد تخم بیشتر باشد باروری بالاتر خواهد بود (۷).

مهمترین هدف اکثر برنامه‌های اصلاحی بهبود صفات اقتصادی است. بدین منظور لاین‌های مادری به شدت برای نرخ رشد و تولید تخم بالاتر و لاین‌های پدری برای صفات تولیدی انتخاب می‌شوند (۵۲). وراثت‌پذیری بالای EN نشان می‌دهد که می‌توان از صفات تولید مثلی بدلیل اینکه همبستگی بالایی با درصد باروری دارند، در انتخاب چندصفتی در لاین‌های مادری استفاده نمود. از طرفی می‌توان نتیجه گیری کرد که استفاده از منحنی رشد بلدرچین در برنامه‌های انتخاب باعث بهبود ژنتیکی در مطالعات انتخاب شود. وراثت‌پذیری فراسنجه‌های منحنی رشد و همبستگی‌های بین آنها نشان داد که افزایش بازده تولید بوسیله انتخاب بر اساس فراسنجه‌های منحنی رشد به جای انتخاب برای وزن بدن می‌تواند مفید و موثر باشد (۴۷). پارامتر a و k بدلیل اینکه با نرخ رشد مرتبط هستند بسیار مهم می‌باشند. انتخاب بر اساس k بدون تغییر در a می‌تواند مطلوب باشد. انتخاب وزن بدن در نقطه عطف منحنی یا نزدیک به آن شکل منحنی رشد را تغییر می‌دهد، بدون اینکه تغییر مهمی در a ایجاد کند. از طرفی محدود کردن شاخص انتخاب نیز می‌تواند کاربردی باشد، k تغییر کند بدون اینکه تغییری در a ایجاد شود (۴۷). RGR بدلیل خاصیت تجمعی که دارد می‌تواند به عنوان شاخص انتخاب برگزیده شود. با توجه به همبستگی بالا و منفی بین RGR و IPT در گله‌های تخمگذار باید سرعت رسیدن به نقطه عطف کمتر باشد و رشد نسبی هم آهسته‌تر باشد تا حیوان فرصت کافی برای توسعه سیستم تولیدمثلی خود داشته باشند و در دوران تولید به حداکثر تولید برسد. اما در گله‌هایی با هدف تولید گوشت باید پرندگانی با رشد نسبی بالا انتخاب شوند تا زودتر و با ضریب تبدیل بهتر به نقطه عطف منحنی رشد و سن کشتار برسند. با این انتخاب‌های هدفمند، استفاده از RGR به عنوان شاخص انتخاب باعث بهبود و پیشرفت در IPT خواهد شد. با روش‌های اصلاحی پیشرفته مانند انتخاب چندصفتی و یا آمیخته‌گری ممکن است بر همبستگی ژنتیکی منفی بین وزن بدن در ۳۵ روزگی و صفات EN، FR، RGR و IPT بتوان غلبه کرد (۱۳). ارزیابی ژنتیکی دقیق با استفاده از صفات همبسته در مدل‌های چند صفتی به اندازه استفاده از رکورد خویشاوندان می‌تواند کارایی داشته باشد. بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش مدیریت بهینه عوامل محیطی در افزایش رشد و عملکرد تولیدمثلی اثرگذار هستند و انتخاب ژنتیکی برای صفت رشد با استفاده از فراسنجه‌های منحنی رشد می‌تواند باعث بهبود پتانسیل ژنتیکی حیوان شود.

نارینس و همکاران (۳۳) نیز همبستگی ژنتیکی بین IPT و K را $0/81$ - گزارش کردند که موافق با برآورد مطالعه حاضر بود. اما نارینس و همکاران (۳۵) همبستگی ژنتیکی بین این دو صفت را در بلدرچین ژاپنی $0/95$ - گزارش کردند که بالاتر از مطالعه حاضر بود. وزن بدن در ۳۵ روزگی همبستگی ژنتیکی متوسط و مثبت ($0/499$) با AGR داشت در حالی که همبستگی وزن بدن با RGR پایین ($0/24$) بود. نارینس و همکاران (۳۳) همبستگی ژنتیکی متوسط و مثبت بین وزن بدن و AGR ($0/35$) و همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن و RGR را منفی و پایین ($0/21$ -) گزارش کردند که این مقادیر پایین‌تر از مقادیر مطالعه حاضر بود. بر اساس بررسی منابع انجام شده، مطالعاتی که همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن و صفات AGR و RGR در بلدرچین ژاپنی محدود بود. هانکوا و همکاران (۱۸) گزارش کردند که انتخاب برای نرخ رشد بالا و نرخ رشد پایین در سنین ابتدایی در لاین‌های بلدرچین، باعث کاهش وزن بدن در چهار هفته اول در لاین با نرخ رشد بالا شده است. آگری (۳) هم گزارش کردند که انتخاب طولانی مدت برای وزن بالا در چهار هفته باعث افزایش نرخ رشد نسبی (در مقایسه با لاین وزن پایین) در دو هفته ابتدایی زندگی بلدرچین‌ها شد. نتایج این مطالعات انتخاب نشان می‌دهند که همبستگی بین وزن بدن و RGR می‌تواند منفی باشد.

همبستگی ژنتیکی بین BW_{35} و EN در مطالعه حاضر $0/25$ - بود. محمود و همکاران (۲۶) همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در بلوغ جنسی و تعداد تخم تا ۹۰ روزگی را در بلدرچین ژاپنی $0/34$ گزارش کردند که بالاتر از مقادیر مطالعه حاضر بود. همبستگی ژنتیکی منفی بین وزن بدن و تعداد تخم تولیدی (EN) در گونه‌های زیادی از پرندگان در چندین مطالعه گزارش شده است (۹،۳۷). در تحقیق حاضر همبستگی ژنتیکی منفی بین وزن بدن و درصد باروری $0/15$ - بدست آمد که موافق با گزارش نارینس و همکاران (۳۳) با میزان $0/13$ - در بلدرچین ژاپنی بود. مطالعه‌ای که همبستگی بین صفات وزن بدن و درصد باروری را گزارش کرده باشند، بسیار نادر است. مارکز (۲۸) گزارش کرد انتخاب طولانی مدت برای وزن بدن بالا، باروری را کاهش می‌دهد. همبستگی ژنوتیپی منفی هم نشان‌دهنده همین موضوع است.

همبستگی ژنتیکی منفی بین وزن بدن و درصد باروری در مرغ و بوقلمون نیز گزارش شده است (۷،۳۷). در مطالعه حاضر، EN همبستگی منفی با RGR ($0/39$ -) داشت. انتخاب برای وزن کشتار بالا نه تنها باعث کاهش در نرخ رشد نسبی در سنین ابتدایی می‌شود بلکه سن در بلوغ جنسی را نیز کاهش می‌دهد (۱۰). مارکز (۲۸) گزارش کرد افزایش وزن بدن باعث بلوغ جنسی زودرس می‌شود. این نتایج نشان می‌دهد که بلوغ جنسی زود (در سنین پایین)، باعث افزایش تعداد تخم‌های تولیدی در ۲۰ هفته اول تخمگذاری می‌شود. نارینس و همکاران (۳۳) همبستگی ژنتیکی بین EN و F را $0/41$ - گزارش کردند که تا حدودی مشابه نتایج مطالعه حاضر بود. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین FR و RGR (به ترتیب $0/30$ - و $0/69$ -) بسیار پایین و منفی بدست آمد.

منابع

1. Aggrey, S.E. 2002. Comparison of three nonlinear and spline regression models for describing chicken growth curves. *Poultry Science*, 81(12): 1782-1788.
2. Aggrey, S.E., G.A. Ankra-Badu and H.L. Marks. 2003. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. *Poultry Science*, 82: 538-542.
3. Aggrey, S.E. 2004. Modelling the effect of nutritional status on preasymptotic and relative growth rates in a random-bred chicken population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121: 260-268.
4. Akbas, Y. and I. Oguz. 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.
5. Akbas, Y. and E. Yaylak. 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.
6. Alkan, S., M. Mendes, K. Karabag and M.S. Balcioglu. 2009. Effects short term divergent selection of 5-week body weight on growth characteristics in Japanese quail. *Archive Geflugelkd*, 73: 124-131.
7. Barbato, G.F., P. Cramer and R.H. Hammerstedt. 1998. Evaluation of an in vitro sperm-egg binding assay assessing male infertility. *Biology of Reproduction*, 58: 686-699.
8. Barbieri, A., R.K. Ono, L.L. Cursino, V. Farah, M.P. Pires, T.S. Bertipaglia, A.V. pires, L. Cavani, L.O.D. Carreno and R. Fonseca. 2015. Genetic parameters for body weight in meat quail. *Poultry Science*, 94: 169-171.
9. Besbes, B., V. Ducrocq, J.L. Foulley, M. Protais, A. Tavernier, M. Tixier Boichard and C. Beaumont. 1992. Estimation of genetic parameters of egg production traits of laying hens by restricted maximum likelihood applied to a multiple-trait reduced animal model. *Genetics Selection Evolution*, 24: 539-552.
10. Camci, O., C. Erensayın and S. Aktan. 2002. Relations between age at sexual maturity and some production characteristics in quail. *Archiv Fur Geflugelkunde*, 66: 280-282.
11. Daikwo, S.I., U.A. Dike and N.I. Dim. 2014. Estimation of genetic parameters of weakly body weight and growth rate of Japanese quail. *LOSR Journal of Agriculture and veterinary science*, 7(10): 56-62.
12. El-Fiky, F.A., M.A. Aboulhassan, S.S. Batta and G.E.Y. Attalah. 2000. Comparative study of egg production traits in two strains of Japanese quail. *Fayoum Journal of Agricultural Research and Development*, 14: 198-205.
13. El-Fiky, F.A., T.A. Shamma and H.A. El-Oksh. 1994. Genetic parameters of some productive and reproductive traits in Japanese quail. *Meteorology, Environment and Arid Land Agriculture Science*, 5: 45-60.
14. Finco, E.M., S.M. Marcato, A.C. Furlan, R.M. Rossi, D.O. Grieser, V. Zancanela, T.M. Moraes de Oliviera and C. Espejo Stanquevis. 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.
15. Gurcan, E.K., O. Cobanoglu and T. Genc. 2012. Determination of body weight-age relationship by nonlinear models in Japanese quail. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 11(3): 314-317.
16. Gotuzzo, A.G., M. Piles, R.P. Delle-Flora, J.M. Germano, J.S. Reis, D.U. Tyska and N.J.L. Dionello. 2018. Bayesian hierarchical model for comparison of different nonlinear function and genetic parameter estimates of meat quails. *Poultry Science*, 0: 1-9.
17. Grimm, K.J. and N. Ram. 2009. Nonlinear growth models in Mplus and SAS. *Structure Equation Modeling*, 16: 676-701.
18. Hyankova, L., H. Knizetova, L. Dedkova and J. Hort. 2001. Divergent selection shape of growth curve in Japanese quail 1. Responses in growth parameters and food conversion. *British Poultry Science*, 42: 583-589.
19. Kaplan, S., D. Narinc and E.K. Gurcan. 2016. Genetic parameter estimates of weekly body weight and Richard's growth curve in Japanese quail. *European Poultry Science*, 80: 1-10.
20. Kaplan, S and E.K. Gurcan. 2018. Comparison of growth curve using non-linear regression function in Japanese quail. *Journal of Applied Animal Research*, 46(1): 112-117.
21. Karabağ, K., S. Alkan, T. Karslı and M.S. Balcioglu. 2017. Genetic changes in growth curve parameters in Japanese quail lines divergently selected for body weight. *European Poultry Science*, 81: 1-10.
22. Lotfi, E., S. Zerehdaran and M. Ahani Azari. 2012. Study of fixed effects on some productive and reproductive characteristics in Japanese quail. *Animal Science Journal*, 23(1): 73-84 (In Persian).
23. Lupi, T.M., J.M. León, S. Nogales, C. Barba and J.V. Delgado. 2015. Genetic parameters of traits associated with the growth curve in Segureña sheep. *Animal*, 1(5): 1-7.
24. Madsen, P. and J. Jensen. 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.
25. Magda, I., M. Abo Samaha, M. Sharaf and S.A. Hemedda. 2010. Phenotypic and genetic estimates of some productive and reproductive traits in Japanese quail. *Egypt Poultry Science*, 30: 875-892.

26. Mahmoud, M. El-Attroung and Mahmoud, M. Iraqi. 2021. Influence of selection for egg production on egg quality traits in Japanese quail. *South African Journal of Animal Science*, 51(1): 128-137.
27. Manjula, P., H.B. Park, D. Seo, N. Choi, S. Jin, S.J. Ahn, K.N. Heo, B.S. Kang and J.H. Lee. 2018. Estimation of heritability and genetic correlation of body weight gain and growth curve parameters in Korean native chicken. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 00: 1-6.
28. Marks, H. 1990. Genetics of growth and meat production in other Galliforms. Pages 677-690 in *Poultry Breeding and Genetics*. R. D. Crawford, ed. Elsevier, Amsterdam, the Netherlands.
29. Matos, C.A., D.L. Thoma, D. Gianola, R.J. Tempelman, L.D. Young. 1997. Genetic analysis of discrete traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. *Journal of Animal Science*, 75: 76-87.
30. Mrode, R. 2005. Thompson R, *Linear models for the prediction of animal breeding values*, 2nd edn. CABI, USA, 193-207.
31. Mielenz, N., R.N. Ronny and L. Schuler. 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.
32. Mignon-Grasteau, S., M. Piles, L. Varona, H. De Rochambeau, J.P. Poivey, A. Blasco and C. Beaumont. 2000. Genetic analysis of growth curve parameters for male and female chickens resulting from selection on shape of curve. *Journal of Animal Science*, 78: 2515-2524.
33. Momoh, O.M., D. Gambo and N.I. Dim. 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.
34. Narinc, D., T. Aksoy, E. Karaman and M.Z. Firat. 2014. Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. *Poultry Science*, 93: 24-30.
35. Narinc, D., T. Aksoy and E. Karaman. 2010. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quail. *Journal of Animal Veterinary advances*, 9: 501-507.
36. Narinc, D. and B.A. GENC. 2021. Genetic estimates of fear, growth and carcass characteristics in Japanese quail. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science*, 45: 272-280.
37. National Research Council. 1994. *Nutrient requirement of poultry*. 9th Ed., National Academy Press, Washington DC. USA.
38. Nestor, K.E., J.W. Anderson and R.A. Patterson. 2000. Genetics of growth and reproduction in the turkey. 14. Changes in genetic parameters over thirty generations of selection for increased body weight. *Poultry Science*, 79: 445-452.
39. Nestor, K.E., W.L. Bacon, N.B. Anthony and D.O. Noble. 1996. Divergent selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix japonica*. II. Correlated responses over thirty generations. *Poultry Science*, 75: 472-477.
40. Okenyi, N., H.M. Ndofor-Foleng, C.C. Ogbu and C.I. Agu. 2013. Genetic parameters and consequences of selection for short-term egg production traits in Japanese quail in a tropical environment. *African Journal of Biotechnology*, 12: 1357-1362.
41. Özsoy, A.N. and S. Aktan. 2011. Estimation of genetic parameters for body weight and egg weight traits in Japanese quails. *Trends in Animal and Veterinary Sciences*, 2: 17-20.
42. Ozsoy, A.N. 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.
43. Ozsoy, A.N. 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.
44. Ozsoy, A.N. 2019c. Genetic parameter estimations of bayesian hierarchical linear and nonlinear growth curves in Japanese quails. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(9): 6883-6889.
45. Rezvannejad, E., A. Boustan and S. Lotfi. 2015. 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).
46. Rizzi, C., B. Contiero and M. Cassandro. 2013. Growth patterns of Italian local chicken populations. *Poultry Science*, 92: 2226-2235.
47. Saatci, M., I. Dewi, R. Aksoy, T. Kirmizibayrak and Z. Ulutas. 2002. Estimation of genetic parameters for weekly live weight in one to one side and dam pedigree recorded Japanese quail. 20 p. *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Paris, France.
48. Saghi, R. and D.A. Saghi. 2021. Estimation of heritability, phenotypic and genetic correlations for growth curve characteristics of Japanese quail. *Journal of Animal Science Research*, (In press) (In Persian).
49. Sakunthala, D., M. Ramesh Gupta, M. Gnana Prakash, S. Qudratullah and A. Rajasekhar Reddy. 2010. Genetic studies on growth and production traits in two strains of Japanese quail. *Tamil Nadu Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 6(5): 223-230

50. Sargolzaei, M., H. Iwaisaki and J. Colleau. 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.
51. SAS Institute Inc. 2009. SAS/STAT Users Guide, Version 9.2. SAS Institute Inc., Cary, NC.
52. Sezer, M., E. Berberoglu and Z. Ulutas. 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.
53. Tixier-Boichard, M., F. Leenstra, D.K. Flock, P.M. Hocking and S. Weigend. 2012. A century of poultry genetics. *World's Poultry Science Journal*, 68: 307-321.
54. Valente, B.D., G.J.M. Rosa, M.A. Silva, R.B. Teixeira and R.A. Torres. 2011. Searching for phenotypic causal networks involving complex traits: an application to European quail. *Genet. Selection Evolution*, 43: 37-48.
55. Vali, V., M.A. Edriss and H.R. Rahmani. 2005. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, 5: 296-300.

Estimation Genetic Parameters of Growth Curve and Reproductive Traits in Japanese Quail

Razieh Saghi¹ and Davoud Ali Saghi²

1- Ph.D. Student of Genetics and Animal Breeding, University of Zabol,
(Corresponding Author: saghi9099@yahoo.com)

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

Received: May 31, 2021

Accepted: August 10, 2021

Abstract

Growth and reproductive traits are well-known characteristics of living organisms because of their direct relationship with economic benefits. Genetic description of the growth curve and the correlation of its parameters with growth and reproductive traits can be useful in determining selection strategies. For this purpose, 2035 quail data, which were collected during the years 1398-1396 in the Agricultural Research and Training Center and Natural Resources of Khorasan Razavi, were used. To identify the fixed factors affecting the traits, the linear model of GLM procedure of SAS software was used and to estimate the parameters of the growth curve, the nonlinear regression model of Gompertz was used. Genetic components variance (σ^2) of growth curve and reproduction traits was estimated using maximum likelihood multi-trait analysis by DMU software. Heritability of body weight at 35 days (BW_{35}), asymptotic weight (a), maturity rate (k), age at inflection point (IPT), absolute growth rate (AGR), relative growth rate (RGR), number of eggs (EN) and fertility percentage (FR) were estimated respectively 0.222, 0.238, 0.416, 0.283, 168 to be 0.22, 0.222, 0.283 and 0.071. Growth curve parameters with AGR and RGR and BW_{35} days had high genetic correlations (0.434 - 0.924). The strongest correlation was obtained between IPT and RGR (0.924). Except for genetic correlations between EN and FR percentage with other traits, most of the genetic correlations were positive. Based on this results, management of environmental factors are effective in increasing growth and reproductive performance, and genetic selection for growth trait using growth curve parameters can improve the genetic potential of the animals.

Keywords: Body weight, Genetic correlation, Quail, Relative growth, Reproductive traits