Research on Animal Production, Vol. 16, Issue 2, 2025 p: 115-125

Research Paper

Multi-Trait Estimation of Genetic Parameters for Body Weight and Feed Intake in a Commercial Broiler Chicken Population

Reza Seyedsharifi[1], Fatemeh Ala Noshahr[2], Jamal Seifdavati[3], Nemat Hedayat-Evrigh[3] and Abdolfattah Zeidan Mohammad Salem[4]

1- Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran, (Corresponding author: reza_seyedsharifi@yahoo.com)
2- Postdoctoral researcher, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
3- Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
4- Professor-Researcher, Department of Animal Nutrition, School of Veterinary Medicine and Zootechnics Autonomous, University of the State of Mexico Toluca, Edo de México, México

Received: 29 August, 2024 Revised: 31 October, 2024 Accepted: 1 December, 2024

Extended Abstract

Background: A high genetic improvement in the growth rate and feed efficiency of broilers has been recorded in the last five decades due to genetic selection. However, the increase in global human population, increasing demand for affordable animal protein, increasing feed costs, and continuing global environmental issues continue to push the broiler industry to produce broiler chickens that grow quickly and efficiently. To further improve the growth rate and feed efficiency of broiler chickens, it is necessary to understand the genetic background of growth rate (body weight) and feed efficiency in broiler chickens. Therefore, this study was conducted with the objectives of simultaneously estimating genetic parameters of body weight (BW), feed intake (FI), and body weight gain (Gain) in broiler chickens, as well as calculating residual feed (RFI) and estimating its genetic parameters.

Methods: The data of 45 generations for growth rate in commercial broilers from the Arta Sablan Poultry Company of Ardabil Province were used for analysis to estimate genetic parameters for body weight (BW) in males and females at three different ages. Body weight data were measured at three different ages (day t, day t-4, and day t-7) of both sexes. The first BW was recorded on day t for 25 generations; however, as the selection continued, the birds began to grow faster and reach the desired BW earlier. Therefore, the age of weighing changed, and BW was recorded at t-4 and t-7. BW in males and females, and BW at two ages was considered separate traits in each of the three traits. This led to the creation of a 12-trait model for BW, FI, and Gain in two sexes and the three age groups. The phenotypic RFI trait (RFIP) was estimated from the conditional distribution of FI given BW and Gain using partial phenotypic regression coefficients. Similarly, genetic RFI (RFIG) was estimated from the conditional distribution of FI given BW and Gain using partial genetic regression coefficients. Genetic parameters of BW and feed efficiency were estimated using multi-trait REML analysis; hence, gender by genotype interaction and age by genotype interaction were examined for all traits: BW, FI, Gain, and RFI. Correlations between production traits and feed yield traits were also estimated here.

Results: In males, the estimated heritability values of BW were 0.38, 0.34, and 0.29 on days t-7, t-4, and t of age, respectively. In females, however, the estimated heritability values of BW on days t-7, t-4, and t were 0.41, 0.38, and 0.38, respectively. The genetic correlations of BW between males and females on days t-7, t-4, and t were 0.95, 0.89, and 0.89, respectively, and the genetic correlation of BW was significantly different between ages. The average heritability of FI and Gain was moderate, and the estimates were significantly different in males and females at the same age for all traits. In addition, the genetic correlation between males and females at the same age was significantly different, indicating a genotype-by-sex interaction for BW and FI traits. The mean heritability estimates of RFIP were significantly higher than RFIG in both sexes and three different age groups. In addition, the genetic correlation between RFIP and RFIG was significantly different at the age of t days, but no significant difference was observed at the age of t-7 days. Estimates of the heritability of production traits and feed efficiency were obtained at an average level, and, therefore, they can be modified by genetic selection.

Copyright ©2025 Seyedsharifi et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

Conclusion: The results of multivariate REML analysis in this study show that the genetic evaluation for production traits BW and Gain, and feed efficiency traits: FI, RFIP, and RFIG should consider gender and age differences to improve selection accuracy and genetic gain. Genetic correlations between phenotypic and genetic RFI were close at younger ages and significantly different at older ages, indicating that selection using either at that particular younger age would lead to the same genetic response. These results are important for the continuous development of strategies to improve feed efficiency in broiler breeding and production. In general, statistical models and methods used and the results reported in this study can be generalized to other poultry species with slight changes because the chicken is the main model for all bird species.

Keywords: Broiler chickens, Body weight, Feed intake, Genetic correlation, Heritability, Residual feed intake

How to Cite This Article: Seyedsharifi, R., Ala Noshahr, F., Seifdavati, J., & Hedayat-Evrigh, N., & Zeidan Mohammad Salem., A. (2025). Multi-Trait Estimation of Genetic Parameters for Body Weight and Feed Intake in a Commercial Broiler Chicken Population. *Res Anim Prod,* 16(2), 115-125. DOI: 10.61882/rap.2024.1486

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-01-04]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

تخمین چندصفتی فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن و مصرف خوراک در جمعیت جوجه‌های گوشتی تجاری

رضا سید شریفی[۱]، فاطمه علاء نوشهر[۲]، جمال سیف دواتی[۳]، نعمت هدایت ایوریق[۳] و عبدالفتاح زیدان محمد سالم

۱- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران، (نویسنده مسوول: reza_seyedsharifi@yahoo.com)
۲- پژوهشگر پسا دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۳- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۴- استاد پژوهشگر، گروه تغذیه دام، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه مستقل ایالت مکزیکو تولوکا، اودو دو مکزیکو، مکزیک

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۶/۰۸ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۸/۱۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۹/۱۱
صفحه ۱۱۵تا ۱۲۵

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: به‌دلیل انتخاب ژنتیکی برای سرعت رشد و بازده خوراک جوجه‌های گوشتی در پنج دهه اخیر بهبود ژنتیکی فوق‌العاده‌ای ثبت شده است. با این‌حال، افزایش جمعیت جهانی انسان، افزایش تقاضا برای پروتئین حیوانی مقرون به‌صرفه، افزایش هزینه خوراک و ادامه مسائل زیست محیطی جهانی، هم‌چنان صنعت جوجه‌های گوشتی در مسیر رو به‌رشد سریع و کارآمدی بیشتر است. به‌منظور بهبود بیشتر نرخ رشد و بازده خوراک جوجه‌های گوشتی، درک زمینه ژنتیکی سرعت رشد (وزن بدن) و بازده خوراک در جوجه‌های گوشتی امری ضروری است. لذا این مطالعه با اهداف برآورد همزمان فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن (BW)، مصرف خوراک (FI)، افزایش وزن بدن (Gain) در جوجه‌های گوشتی و محاسبه خوراک باقیمانده (RFI) و برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی آن انجام پذیرفت.

مواد و روش‌ها: داده‌های ۴۵ نسل برای سرعت رشد در جوجه‌های گوشتی تجاری سویه راس شرکت آرتا جوجه سبلان استان اردبیل برای تجزیه و تحلیل جهت تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی برای وزن بدن (BW) در نرها و ماده‌ها در سه سن مختلف مورد استفاده قرار گرفتند. داده‌های وزن بدن در سه سن مختلف (روز t، روز t-4 و روز t-7) از هر دو جنس اندازه‌گیری شدند. اولین BW در روز t برای ۲۵ نسل ثبت شد، با این‌حال، با ادامه انتخاب، پرندگان شروع به رشد سریع‌تر می‌کنند و زودتر به وزن بدن مورد نظر می‌رسند، بنا بر این، سن وزن‌گیری تغییر داده شد و BW در t-4 و t-7 ثبت شد. وزن بدن در نر و ماده و همچنین وزن بدن در دو سن به‌عنوان صفات جداگانه در هر یک از سه صفت در نظر گرفته شد. این امر منجر به ایجاد یک مدل ۱۲ صفتی برای BW، FI و Gain در دو جنس و سه گروه سنی شد. صفت RFI فنوتیپی (RFIP) از توزیع شرطی FI داده‌شده روی BW و Gain با استفاده از ضرایب رگرسیون فنوتیپی جزئی برآورد شد. به‌طور مشابه، RFI ژنتیکی (RFIG) از توزیع شرطی FI داده شده روی BW و Gain با استفاده از ضرایب رگرسیون ژنتیکی جزئی برآورد شد. فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن و کارایی خوراک با استفاده از تجزیه و تحلیل REML چند صفتی برآورد شدند. از این رو، جنسیت بر اساس اثر متقابل ژنوتیپ و همچنین سن بر اساس اثر متقابل ژنوتیپ برای تمامی صفات BW، FI، Gain و RFI مورد بررسی قرارگرفت. همچنین، همبستگی‌های بین صفات تولیدی و صفات بازده خوراک برآورد شدند.

یافته‌ها: در نرها، تخمین‌های وراثت‌پذیری BW به‌ترتیب ۰/۳۸، ۰/۳۴ و ۰/۲۹ در روزهای t-7، t-4 و t سن بودند، در حالی‌که در ماده‌ها، برآوردهای وراثت‌پذیری BW در روزهای t-7 ، t-4 و t به‌ترتیب ۰/۴۱، ۰/۳۸ و ۰/۳۸ بودند. همبستگی ژنتیکی BW بین نرها و ماده‌ها در روزهای t-7، t-4 و t به‌ترتیب ۰/۹۵، ۰/۸۹ و ۰/۸۹ و همبستگی ژنتیکی BW بین سنین تفاوت معنی‌داری داشت. میانگین وراثت‌پذیری FI و Gain متوسط بود و برآوردها در نر و ماده در سنین یکسان برای همه صفات به‌طور معنی‌داری متفاوت بودند. علاوه بر این، همبستگی ژنتیکی بین نر و ماده در همان سن به‌طور معنی‌داری متفاوت از هم بود که نشان‌دهنده اثر متقابل ژنتیکی بر جنس برای صفات BW و FI بود. میانگین تخمین‌های وراثت‌پذیری RFIP به‌طور قابل‌توجهی بالاتر از RFIG در هر دو جنس و سه گروه سنی مختلف بود. علاوه بر این، همبستگی ژنتیکی بین RFIP و RFIG در سن t روز تفاوت معنی‌داری داشت، اما در سن t-7 روزگی تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد. برآوردهای وراثت پذیری صفات تولیدی و بازده خوراک در حد متوسط به‌دست آمدند و بنابراین می‌توان با انتخاب ژنتیکی آنها را اصلاح نمود.

نتیجه‌گیری: نتایج تحلیل REML چندمتغیره در این مطالعه نشان می‌دهند که ارزیابی ژنتیکی برای صفات تولیدی BW و Gain و صفات بازده خوراک FI، RFIP و RFIG باید تفاوت‌های جنسیتی و سنی را در نظر بگیرد تا صحت انتخاب و افزایش ژنتیکی ارتقاء یابد. همبستگی‌های ژنتیکی بین RFI فنوتیپی و ژنتیکی در سنین پایین‌تر به هم نزدیک و به‌طور قابل‌توجهی باهم در سنین بالاتر متفاوت بودند، که نشان می‌دهد انتخاب با استفاده از هریک از آن‌ها در آن سن خاص جوان‌تر منجر به پاسخ ژنتیکی یکسان می‌شود.این نتایج برای توسعه مستمر استراتژی‌ها برای بهبود کارایی خوراک در پرورش و تولید جوجه‌های گوشتی مهم هستند. به‌طور کلی، مدل‌ها و روش‌های آماری به‌کار گرفته شده و نتایج گزارش شده در این مطالعه را می‌توان با تغییرات اندکی به سایر گونه‌های طیور تعمیم داد، زیرا مرغ مدل اصلی برای همه گونه‌های پرندگان است.

واژه‌های کلیدی: جوجه گوشتی، مصرف خوراک، مصرف خوراک باقی‌مانده، وراثت‌پذیری، وزن بدن، همبستگی ژنتیکی

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

مقدمه

گوشت طیور منبع اصلی پروتئین حیوانی برای انسان در اکثر کشورهای جهان است (McKay, 2009). جوجه‌هایی که منحصراً برای تولید گوشت پرورش می‌یابند، جوجه‌های گوشتی نامیده می‌شوند. در سال ۲۰۱۰، گوشت جوجه‌های گوشتی ۸۸ درصد از کل تولید گوشت طیور در سراسر جهان را تشکیل می‌داد و پس از آن بوقلمون، اردک و غاز که به‌ترتیب ۵، ۴ و ۳ درصد بود (MacLeod *et al*., 2013). پیش‌بینی می‌شود که جمعیت انسان در سراسر جهان در سال ۲۰۵۰ به ۹/۶ میلیارد نفر برسد (UN, 2015) و پیش‌بینی می‌شود که تقاضای جهانی برای گوشت مرغ بین سال‌های ۲۰۰۵ تا ۲۰۳۰ به‌میزان ۶۱ درصد افزایش یابد (MacLeod *et al*., 2013). با رشد جمعیت انسانی و تقاضای مصرف‌کنندگان برای گوشت مقرون به‌صرفه، پیش‌بینی می‌شود که گوشت مرغ به‌زودی به پرمصرف‌ترین شکل پروتئین حیوانی در جهان تبدیل شود.

برنامه‌های پرورش جوجه‌های گوشتی عمدتاً برای سرعت رشد، راندمان خوراک و عملکرد گوشت سینه، مقاومت به آسیت و ناهنجاری‌های اسکلتی انتخاب می‌شوند. در میان این صفات، نرخ رشد تقریباً در تمام برنامه‌های اصلاح نژادی جوجه‌های گوشتی به‌دلیل اهمیت اقتصادی آن بیشترین توجه را به خود جلب کرده است (Arthur & Albers, 2003). نرخ رشد بهبودیافته (وزن بدن) معمولاً ویژگی اصلی انتخاب در طول دهه‌ها بوده است، زیرا انتخاب آن نسبتاً آسان است، وراثت‌پذیری متوسطی دارد، و تأثیر اقتصادی زیادی بر صنعت جوجه‌های گوشتی دارد (Arthur & Albers, 2003).

بهبود ژنتیکی صفات وزن بدن (BW) و بازده خوراک (FE) به‌دلیل پیامدهای اقتصادی و زیست‌محیطی مورد توجه عمده‌ای در صنعت طیور قرار گرفته است. وزن بدن، وزن زنده پرندگان در یک سن خاص است در حالی‌که بازده خوراک توانایی پرندگان برای تبدیل کیلوگرم خوراک به کیلوگرم وزن بدن است. در میان روش‌های مختلف اندازه‌گیری FE در طیور، مصرف خوراک باقی‌مانده (RFI) به‌دلیل استقلال فنوتیپی آن از صفات تولیدی، وجود تنوع قابل‌توجه درRFI در بین پرندگان و وراثت‌پذیری متوسط این صفت، یک معیار جزئی محبوب برای FE است (Willems et al. 2013). معیار RFI به‌طور کلاسیک به‌عنوان تفاوت بین مصرف خوراک واقعی و مصرف خوراک پیش‌بینی شده بر اساس نیازهای انرژی برای تولید (به‌عنوان مثال وزن بدن، افزایش وزن بدن) و نگهداری تعریف می‌شود. از آنجایی که RFI از نظر فنوتیپی مستقل از صفات تولیدی است، تنوع در RFI تفاوت در کارایی پرندگان برای استفاده از خوراک جهت تولید و نگهداری BW و همچنین خطاها در پیش‌بینی را توضیح می‌دهد (Kennedy *et al.*, 1993).

محققان مختلفی فراسنجه‌های ژنتیکی را برای BW در طیور تخمین زده‌اند و تخمین‌های وراثت‌پذیری را در محدوده ۰/۲ تا ۰/۷۷ گزارش کرده‌اند (Aslam *et al.*, 2011؛ Adeyinka *et al.*, 2006). علاوه بر این، تنوع قابل توجهی در تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی BW در نر و ماده در طیور گزارش شده است (Nestor *et al.*, 2008). تنوع تخمین‌ها به‌دلایل مختلفی از جمله گروه‌های ژنتیکی (لاین، سویه‌ها)، جنس، سن، جیره غذایی، محیط پرورش و روش‌های تخمین است. برآوردهای وراثت‌پذیری متوسط تا بالای گزارش‌شده نشان می‌دهند که انتخاب ژنتیکی برای وزن بدن پاسخ قابل توجهی را به همراه دارد که با موفقیت انتخاب در بهبود صفت در صنعت پرورش جوجه‌های گوشتی سازگار است.

به غیر از تفاوت‌های جنسی، فراسنجه‌های ژنتیکی BW ممکن است با سن متفاوت باشند (Aslam *et al*., 2011; Adeyinka *et al*., 2006)، در این راستا، اهمیت تفاوت در فراسنجه‌های ژنتیکی برای BW در نرها و ماده‌ها در سنین مختلف در طیور باید با محاسبه خطاهای استاندارد برای فراسنجه‌های ژنتیکی برآورد شود و تصمیم‌گیری‌های مربوطه در مورد اهمیت تفاوت‌ها در تخمین‌ها بین جنس‌ها و سنین مختلف تعیین و در مدل‌های ارزیابی ژنتیکی به درستی مورد توجه قرار گیرند تا صحت ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده افزایش و خطا کاهش یابد. بنا بر این، این مطالعه با هدف برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی برای وزن بدن، مصرف خوراک، افزایش وزن بدن و مصرف خوراک باقیمانده در جمعیت جوجه‌های گوشتی نر و ماده اندازه‌گیری شده در سه سن مختلف با استفاده از تجزیه و تحلیل REML چندمتغیره و بیزی انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

داده‌ها

داده‌های ۴۵ نسل مزارع مرغ مادر گوشتی سویه راس برای نرخ رشد در یک خط انتخاب از شرکت آرتا جوجه سبلان استان اردبیل برای تجزیه و تحلیل استفاده شدند. داده‌های BW در نرها و ماده‌ها در سه سن مختلف هفته اول (t)، هفته چهارم (t-4) و هفته هفتم (t-7) اندازه‌گیری شدند. در مجموع، ۵۰۴۷۸۸ قطعه جوجه گوشتی با رکورد BW مورد استفاده قرار گرفتند و اطلاعات شجره برای ۳۹۵۸۱۴ قطعه جوجه گوشتی در دسترس بود. خلاصه داده‌ها در جدول ۱ ارائه شده است.

سنگین‌ترین پرندگان نر و ماده در دو دوره (t و t-7 روزگی) وارد آزمون بازده خوراک (FE) شدند و مصرف خوراک (FI) در طول دوره آزمایش در نرها و ماده‌ها به‌صورت گروهی ثبت شد. برای هر دور انتخابی افزایش وزن بدن (Gain) در طول آزمون FE، افزایش وزن پرندگان نر و ماده از روز t تا t-7 به‌عنوان تفاوت بین وزن نهایی بدن و وزن بدن در شروع آزمایش FE محاسبه شد.

مدل آماری

برای برآورد مؤلفه‌های واریانس با در نظر گرفتن وزن بدن در سه سن در خروس‌ها و مرغ‌ها به‌عنوان صفات مختلف از تحلیل چندمتغیره برای هر یک از صفات BW استفاده شد. اثر ژنتیکی مستقیم حیوان (a)، اثر محیطی دائمی مادری (pe) و اثر محیطی باقی‌مانده (e) به عنوان اثرات تصادفی در مدل گنجانده شدند. از آنجائی‌که داده‌ها از فارم‌های نزدیک به‌هم در سطح شهر اردبیل جمع‌آوری شده بودند و با توجه به نرخ آزمون حداکثر درست‌نمایی likelihood دارای اثرات اندکی بودند، به همین دلیل در مدل وارد نشدند. مؤلفه‌های واریانس با مدل حیوانی REML با استفاده از بسته نرم افزاری DMU برآورد شدند (Madsen & Jensen, 2013).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

معادله (۱)

$$y_{BWm(t)} = Xb_{BWm(t)} + Z_1a_{BWm(t)} + Z_2pe_{BWm(t)} + e_{BWm(t)}$$

معادله (۲)

$$y_{BWf(t)} = Xb_{BWf(t)} + Z_1a_{BWf(t)} + Z_2pe_{BWf(t)} + e_{BWf(t)}$$

معادله (۳)

$$y_{BWm(t-4)} = Xb_{BWm(t-4)} + Z_1a_{BWm(t-4)} + Z_2pe_{BWm(t-4)} + e_{BWm(t-4)}$$

معادله (۴)

$$y_{BWf(t-4)} = Xb_{BWf(t-4)} + Z_1a_{BWf(t-4)} + Z_2pe_{BWf(t-4)} + e_{BWf(t-4)}$$

معادله (۵)

$$y_{BWm(t-7)} = Xb_{BWm(t-7)} + Z_1a_{BWm(t-7)} + Z_2pe_{BWm(t-7)} + e_{BWm(t-7)}$$

معادله (۶)

$$y_{BWf(t-7)} = Xb_{BWf(t-7)} + Z_1a_{BWf(t-7)} + Z_2pe_{BWf(t-7)} + e_{BWf(t-7)}$$

که $yBW_{m(t)}$، $yBW_{f(t)}$، $yBW_{m(t-4)}$، $yBW_{f(t-4)}$، $yBW_{m(t-7)}$ و $yBW_{f(t-7)}$ بردار رکوردهای فنوتیپی میانگین وزن بدن در سنین t، t-4 و t-7 در نرها و ماده‌ها، وکتورهای $bBW_{m(t)}$، $bBW_{f(t)}$، $bBW_{m(t-4)}$، $bBW_{f(t-4)}$، $bBW_{m(t-7)}$ و $bBW_{f(t-7)}$ اثرات ثابت نسل، $aBW_{m(t)}$، $aBW_{f(t)}$، $aBW_{m(t-4)}$، $aBW_{f(t-4)}$، $aBW_{m(t-7)}$ و $aBW_{f(t-7)}$ وکتور اثرات ژنتیک افزایشی برای صفت میانگین وزن بدن برای کلاس‌های سن–جنس، وکتور $peBW_{m(t)}$، $peBW_{f(t)}$، $peBW_{m(t-4)}$، $peBW_{f(t-4)}$، $peBW_{m(t-7)}$ و $peBW_{f(t-7)}$ اثرات محیط دائمی مادری برای صفات وزن بدن در کلاس‌های سن–جنس، X، Z1 و Z2 به‌ترتیب ماتریس مربوط به اثرات ثابت نسل، ماتریس اثرات تصادفی ژنتیک افزایشی حیوانات و اثرات محیط دائم مادری برای شش صفت وزن بدن هستند. سایر صفات مصرف خوراک و افزایش وزن نیز به ترتیب در معادلات ۱ تا ۶ جایگذاری شدند. فرض شد که اثرات تصادفی a، p_e و e توزیع نرمالی دارند و طبق فرضیات فوق، مستقل از یکدیگر هستند: که A ماتریس روابط خویشاوندی، G ماتریس (کو)واریانس اثرات ژنتیک تصادفی حیوان در قطر، I ماتریس واحد، K ماتریس کو (واریانس) اثرات محیط دائمی مادر در قطر و R ماتریس کو (واریانس) باقی‌مانده در قطر هستند که فرض شد که برای هرکدام از شش صفت BW هتروزیگوس با واریانس متفاوت است. کوواریانس باقیمانده بین شش صفت در زمان اندازه‌گیری BW، FI، Gain و RFI در کلاس‌های مختلف سنجنس، صفر در نظر گرفته شد. علامت ⊗ به ضرب کرونکر دلالت دارد.

تجزیه و تحلیل اولیه تخمین حداکثر درست‌نمایی تک متغیره و دومتغیره (REML) انجام شد تا تعیین شود که آیا BW، FI و Gain در نرها و ماده‌ها در دو سن باید به‌عنوان یک صفت یا صفات جداگانه در نظر گرفته شوند.

سپس از نمونه‌بردار گیبس برای به‌دست آوردن توزیع‌های پسین برای تمام پارامترهای موجود در مدل ۱۲ صفتی استفاده شد. نمونه‌برداری گیبس برای ۱۰۰۰۰۰۰ چرخه اجرا شد. از ۲۵۰۰۰۰ چرخه اول به‌عنوان شروع چرخه چشم‌پوشی شد و از نمونه‌های باقی‌مانده، هر ۲۵۰ نمونه برای تجزیه و تحلیل پسین گیبس ذخیره شد. از برنامه RJMC در بسته نرم‌افزاری DMU برای تجزیه و تحلیل استفاده شد (Madsen & Jensen, 2014).

نتایج REML نشان دادند که فراسنجه‌های ژنتیکی بین جنس‌ها (نر و ماده) و در دو سن (t و t-7 روزگی) تفاوت معنی‌داری داشتند که نشان می‌دهد سوابق مربوط به نرها و ماده‌ها و همچنین دو سن باید جدا در نظر گرفته شوند. در تجزیه و تحلیل بعدی، این امر منجر به ایجاد چهار صفت مختلف برای هریک از صفات BW، FI و Gain شد. به‌عنوان مثال، BW در نرها در دو دوره سنی مختلف به‌صورت $BW_{m(t)}$ و $BW_{m(t-7)}$ و در ماده‌ها به‌صورت $BW_{f(t)}$ و $BW_{f(t-7)}$ تعریف شد.

صفت RFI فنوتیپی (RFIP) و RFI ژنتیکی (RFIG) با استفاده از ضرایب رگرسیون جزئی فنوتیپی و ضرایب رگرسیون جزئی ژنتیکی، به‌ترتیب برای هر جنس و سن به‌دست آمد. این معادلات تضمین می‌کنند که کو(واریانس) فنوتیپی بین RFIP و صفات تولیدی BW و Gain صفر است و کوواریانس ژنتیکی بین RFIG و صفات تولیدی نیز صفر است. صفات RFIP و RFIG ترکیبی خطی از BW، FI و Gain هستند.

برای محاسبه RFIP، ضرایب رگرسیون فنوتیپی جزئی (b_P) برای BW و Gain از ماتریس (کو)واریانس فنوتیپی محاسبه شدند، در حالی‌که برای RFIG، ضرایب رگرسیون ژنتیکی جزئی (b_G) برای BW و Gain از ماتریس (کو)واریانس ژنتیکی محاسبه شدند. دو تعریف RFI دارای توزیع نرمال هستند و به‌صورت فوق مشتق می‌شوند (Shirali *et al.*, 2018):

$$P_0 = G_0+K_0+R_0$$

$$a \sim N(0, A \otimes G)$$

$$pe \sim N(0, I \otimes K)$$

$$e \sim N(0, I \otimes R)$$

که P_0 ماتریس (کو)واریانس فنوتیپی، G_0 ماتریس (کو)واریانس ژنتیکی، K_0 ماتریس (کو)واریانس اثرات محیطی دائمی مادر و R_0 ماتریس (کو)واریانس اثرات باقیمانده هستند. ضرایب رگرسیون به‌صورت زیر محاسبه شدند:

$$b_P = P_P^{-1}P_{P,FI}$$
$$b_G = G_P^{-1}G_{P,FI}$$

که P_P و G_P ماتریس‌های (کو)واریانس فنوتیپی و ژنتیکی برای صفات تولیدی BW و Gain به‌ترتیب در هر جنس و سن هستند. $P_{P,FI}$ و $G_{P,FI}$ ماتریس‌های (کو)واریانس فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات تولیدی و FI در هر جنس و سن هستند.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

جدول ۱- آمار توصیفی داده‌های وزن بدن، مصرف خوراک و افزایش وزن

Table 1. Descriptive statistics of the body weight data, feed intake, and body weight gain

Trait	N	Mean (g)	SD
$BW_{m(t)}$	16524	2654.4	228.6
$BW_{f(t)}$	17458	2247.6	224.7
$BW_{m(t-7)}$	11213	2281.4	211.7
$BW_{f(t-7)}$	9803	1789.1	189.5
$FI_{m(t)}$	5148	2958.5	213.5
$FI_{f(t)}$	11589	2245.4	179.9
$FI_{m(t-7)}$	3209	2211.8	173.4
$FI_{f(t-7)}$	6891	1854.3	152.8
$Gain_{m(t)}$	5048	789.2	147.2
$Gain_{f(t)}$	11297	572.3	112.2
$Gain_{m(t-7)}$	2347	691.5	118.4
$Gain_{f(t-7)}$	4433	563.9	100.6

نتایج و بحث

فراسنجه‌های ژنتیکی BW در جوجه‌های گوشتی نر و ماده

برآوردهای وراثت‌پذیری BW در ماده‌ها (۰/۴۱، ۰/۳۸ و ۰/۳۸) به‌ترتیب در روزهای t-7، t-4 و t، بالاتر از نرها (۰/۳۸، ۰/۳۴، و ۰/۲۹) در همان سن بودند (جدول ۲). همبستگی‌های ژنتیکی BW بین نرها و ماده‌ها در سن یکسان به‌ترتیب ۰/۹۵، ۰/۸۹ و ۰/۸۹ در روزهای t-7، t-4 و t بودند. همبستگی‌های ژنتیکی BW در داخل نرها در ترکیبات سنی مختلف (t-7 و t-4)، (t-4 و t) و (t و t-7) به‌ترتیب ۰/۹۸، ۰/۹۱ و ۰/۸۵ محاسبه شدند (جدول ۳). در حالی‌که همبستگی‌های ژنتیکی BW در داخل ماده‌ها به‌ترتیب ۰/۹۶، ۰/۸۸ و ۰/۸۲ در روزهای (t-7 و t-4)، (t-4 و t) و (t و t-7) به‌دست آمدند (جدول ۳). این نتایج نشان می‌دهند که همبستگی ژنتیکیBW بین سه سن متفاوت است و با افزایش فاصله بین اندازه‌گیری‌های BW (سن) کاهش می‌یابد.

وزن بدن در نرها تفاوت قابل‌توجهی با وزن بدن ماده‌ها نشان داد. نرها دارای میانگین وزن بدن بالاتر از ماده‌ها در هر سه سن (جدول ۱) بودند. این نتایج مطابق با نتایج پیشین است که گزارش کردند جوجه‌های نر ۱۵ تا ۲۰ درصد وزن بدن بیشتری نسبت به ماده‌ها در همان مرحله رشد داشتند (Singh, 1989). برآوردهای وراثت‌پذیری بالاتر BW در ماده‌ها نسبت به نرها در هر سه سن مشاهده شدند (جدول ۲). در مطالعه‌ای روی پرندگان بوقلمون، تخمین‌های وراثت‌پذیری بالاتری در ماده‌ها نسبت به نرها گزارش شدند (Chapuis *et al*., 1996). در مطالعه دیگری روی مرغ‌های بومی استان فارس، وراثت‌پذیری وزن بدن توسط مدل حیوانی تک و چندمتغیره REML ۰/۵۳ گزارش شد (Deimi Ghias Abadi *et al*., 2012).

برآورد واریانس ژنتیکی نرها در هر سه سن بالاتر از ماده‌ها بود. با این حال، ماده‌ها تخمین وراثت‌پذیری بالاتری نسبت به نرها در هر سه سن به‌دلیل مشاهده واریانس باقیمانده بالاتر در نرها نسبت به ماده‌ها داشتند.

واریانس ژنتیکی بالاتر در نرها نسبت به ماده‌ها ممکن است تا حدی به‌دلیل اثر مقیاس باشد، زیرا نرها دارای میانگین وزن بدن بالاتر از ماده‌ها در یک سن خاص هستند . از سوی دیگر، واریانس باقی‌مانده بیشتر در نرها نسبت به ماده‌ها ممکن است به‌دلیل رقابت بیشتر برای دریافت خوراک بین نرها باشد.

برآوردهای واریانس محیطی دائمی مادری در این مطالعه، نسبت بسیار کمی از کل واریانس فنوتیپی در هر دو جنس را شامل شدند (جدول ۲). این نتایج مطابق با نتایج پیشین هستند که گزارش کردند نسبت واریانس توضیح داده شده توسط محیط دائمی مادری در بوقلمون‌ها در هنگام جوجه‌ریزی بالا بود و اثر آن با افزایش سن کاهش یافت و پس از ۶۰ روزگی ناچیز شد (Aslam *et al*., 2011).

در مطالعه حاضر، تخمین همبستگی ژنتیکی BW بین نرها و ماده‌ها در گروه سنی یکسان به‌طور معنی‌داری کمتر از یک بود. این اثر در سنین t یا t-4 روزگی بیشتر از t-7 روزگی بود (جدول ۲). در مطالعه‌ای، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین اوزان مختلف بدن و نرخ رشد در سنین مختلف، از مقدار کم تا بالا و همبستگی‌های فنوتیپی در تمام هفته‌های پرورش پایین‌تر از همبستگی‌های ژنتیکی گزارش شد (Karami *et al*., 2020). در مطالعات پیشین نیز همبستگی ژنتیکی کمتر از یک بین BW در بوقلمون‌های نر و ماده گزارش شد (Chapuis *et al*., 1996). این امر ممکن است به‌دلیل ترشحات هورمونی متفاوت بین نر و ماده باشد، که جنسیت براساس تعامل ژنوتیپ است. ژن‌ها در محیط‌های فیزیولوژیکی نر و ماده به‌طور متفاوتی برهم‌کنش دارند و تفاوت در ترشحات هورمونی حتی ممکن است با افزایش سن مشخص‌تر باشد (Towne *et al*., 1997). در توافق با این یافته، گزارش شده است که جوجه‌های نر و ماده ممکن است در یک سن خاص بیولوژیکی، سن فیزیولوژیکی متفاوتی داشته باشند (Mignon-Grasteau *et al*., 1998). کاهش مشاهده شده در همبستگی ژنتیکی BW بین نر و ماده با افزایش سن نشان می‌دهد که با افزایش سن پرندگان و بلوغ جنسی، تفاوت‌های هورمونی بیشتر می‌شود، زیرا احتمالاً هورمون‌های جنسی نقش مهمی در ژن‌های کنترل کننده BW در دو جنس دارند.

در مطالعه دیگری با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی همبستگی ژنتیکیBW بین نر و ماده گزارش شد که تفاوت معنی‌داری برای همان لاین جوجه‌های گوشتی داشت (Mebratie *et al*., 2017). تخمین‌های مختلف وراثت‌پذیری BW در نرها و ماده‌ها، و همبستگی ژنتیکی به‌طور قابل‌توجهی کمتر از یک بین BW در نرها و ماده‌ها در همان سن نشان می‌دهند که زمینه ژنتیکی BW در نر و ماده در جمعیت جوجه‌های گوشتی ممکن است تا حدی متفاوت باشد و مدل‌های ارزیابی ژنتیکی باید این تفاوت‌های جنسیتی را در نظر بگیرند تا صحت انتخاب را افزایش دهند.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

تعامل جنسی براساس ژنوتیپ به تعامل ژن‌ها با محیط‌های فیزیولوژیکی نر یا ماده اشاره دارد. مطالعات اخیر به‌طور مداوم وزن بدن بالاتری را در نرها نسبت به ماده‌ها در همان سن گزارش کرده‌اند و سرعت رشد پرندگان نر در مقایسه با ماده‌ها افزایش داشته است. منبع اصلی این دوشکلی جنسی منشأ اپی‌ژنتیکی در نظر گرفته می‌شود که احتمالاً به‌دلیل در دسترس بودن و درصد کروموزوم‌های جنسی فعال است. نسبت ژن‌هایی که بیش از حد بیان می‌شوند در پرندگان نر که هموگامتیک (ZZ) هستند بیشتر است. در جنین‌های نر، ژن‌هایی که با درصد بالاتر بیان می‌شوند در متابولیسم اسیدهای چرب و کربوهیدرات‌ها و همچنین فرآیندهای میتوکندری و چرخه سلولی درگیر هستند. از این‌رو، پیشنهاد می‌شود که سرعت رشد سریع‌تر نرها نسبت به ماده‌ها با بیان بیش از حد گیرنده‌های هورمون رشد و سایر ژن‌هایی که چرخه سلولی و متابولیسم را تنظیم می‌کنند، مرتبط است (Mebratie *et al*., 2017).

جدول ۲- فراسنجه‌های ژنتیکی میانگین وزن بدن در نرها و ماده‌ها در سه کلاس سنی مختلف

Table 2. Genetic parameters of body weight in males and females at the three different ages

سن (روز) Age (days)	جنس Sex	وراثت‌پذیری h^2	اجزای واریانس Variance components				کوواریانس ژنتیکی Genetic Correlation (SE)
			ژنتیکی Genetic	باقیمانده Residual	محیط دائمی Permanent Environment	فنوتیپی Phenotypic	
t-7	Male	0.38 (0.02)	0.013	0.022	0.006	0.036	0.95 (0.01)*
	Female	0.41 (0.02)	0.008	0.014	0.001	0.021	
t-4	Male	0.34 (0.02)	0.015	0.027	0.001	0.043	0.89 (0.01)**
	Female	0.38 (0.02)	0.009	0.014	0.001	0.023	
T	Male	0.29 (0.01)	0.014	0.033	0.002	0.054	0.89 (0.01)***
	Female	0.38 (0.01)	0.011	0.018	0.001	0.029	

*کوواریانس ژنتیکی وزن بدن بین نرها و ماده‌ها در روز t-7

**کوواریانس ژنتیکی وزن بدن بین نرها و ماده‌ها در روز t-4

***کوواریانس ژنتیکی وزن بدن بین نرها و ماده‌ها در روز t

جدول ۳- کوواریانس ژنتیکی وزن بدن و خطای استاندارد داخل نرها (بالای قطر) و داخل ماده‌ها (پایین قطر) در سنین مختلف

Table 3. Genetic correlations of body weight with standard errors within males (upper diagonal) and within females (lower diagonal) at different ages

سن (روز) Age (day)	t-7	t-4	T
t-7		0.98 (0.01)	0.85 (0.05)
t-4	0.96 (0.02)		0.91 (0.01)
T	0.82 (0.04)	0.88 (0.02)	

فراسنجه‌های ژنتیکی BW در سنین مختلف

برآوردهای وراثت‌پذیری وزن بدن در t-7 (۰/۳۸ و ۰/۴۱)، t-4 (۰/۳۴ و ۰/۳۸) و روز t (۰/۲۹ و ۰/۳۸) به‌ترتیب در نرها و ماده‌ها بودند (جدول ۲). تخمین‌های حاضر با محققان مختلفی که تخمین‌های وراثت‌پذیری BW را در نرها و ماده‌ها در سنین مختلف در محدوده ۰/۴۸ – ۰/۲۰ در گونه‌های مختلف طیور گزارش کردند، مطابقت دارند (Mebratie *et al*., 2017; Aslam *et al*., 2011؛ Adeyinka *et al*., 2006). برآوردهای وراثت‌پذیری در این مطالعه با افزایش سن کاهش یافتند. در مطالعات پیشین نیز کاهش وراثت‌پذیری با افزایش سن در جوجه‌های گوشتی گزارش شد (Adeyinka *et al*., 2006). در مطالعه حاضر، هم واریانس ژنتیکی و هم واریانس باقی‌مانده با افزایش سن افزایش نشان داد، با این‌حال، واریانس باقی‌مانده به نسبت بیشتری نسبت به واریانس ژنتیکی افزایش داشت، که کاهش تخمین وراثت‌پذیری با افزایش سن را توضیح می‌دهد.

همبستگی ژنتیکی BW بین سه سن با افزایش فاصله بین سنین کاهش یافت. همبستگی‌های ژنتیکی بین اندازه‌گیری‌های نزدیک‌تر کلاس‌های سنی نسبت به اندازه‌گیری‌هایی که دور از هم انجام می‌شوند، بیشتر بودند. این نتایج نشان می‌دهند که تغییرات فیزیولوژیکی پرندگان با افزایش سن ممکن است مربوط به تعداد و نوع ژن‌هایی باشد که با افزایش سن حیوان تغییر می‌یابند، و منجر به تغییرات در فیزیولوژی و عملکرد می‌گردد (Schaeffer, 2011).

به‌طور کلی، برآوردهای وراثت‌پذیری قابل توجه متفاوت از BW در نر و ماده و همچنین همبستگی ژنتیکی BW بین نر و ماده، که تفاوت معنی‌داری با هم داشتند، نشان می‌دهند که BW در نر و ماده باید به‌عنوان صفات جداگانه در تجزیه و تحلیل در نظر گرفته شوند. به‌طور مشابه، تخمین‌های قابل توجه متفاوت وراثت‌پذیری BW در سه سن و همبستگی‌های ژنتیکی BW بین سن‌ها نشان می‌دهند که BW در سه سن مختلف باید به‌صورت صفات جداگانه در تجزیه و تحلیل در نظر گرفته شود.

نتایج فوق توسط مدل رگرسیون تصادفی دومتغیره، که نرها و ماده‌ها به‌عنوان صفات مختلف در نظر گرفته شدند و ضرایب رگرسیون تصادفی به اثرات تصادفی در سه سن برازش داده شدند تا تغییرات فردی در سراسر مسیر انتخاب امکان‌پذیر شوند (Mebratie *et al*., 2017). با انجام این روش، نتایج تجزیه و تحلیل REML چندمتغیره در مطالعه حاضر با هدف مطالعه توسعه واریانس ژنتیکی برای BW در طول چندین نسل از انتخاب را تأیید نمودند.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

فراسنجه‌های ژنتیکی صفت مصرف خوراک

نتایج نشان دادند که نرها در دو سن t و t-7 دارای میانگین FI و افزایش وزن (Gain) بیشتری نسبت به ماده‌ها بودند. برخلاف صفات BW، تخمین وراثت‌پذیری FI، Gain، RFIP و RFIG در نرها در هر دو سن بالاتر از ماده‌ها بود به‌جز RFIG در سن t که در آن برآوردهای وراثت‌پذیری در نرها و ماده‌ها یکسان بودند. میانگین تخمین‌های وراثت‌پذیری FI و Gain در نرها و ماده‌ها در هر دو سن کم تا متوسط (۰/۱۴–۰/۳۸) بود و نرها به‌طور قابل توجهی تخمین‌های بالاتری از ماده‌ها داشتند. علاوه بر این، واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری تخمین‌های FI به‌طور معنی‌داری بیشتر از Gain در نرها و ماده‌ها در دو سن بودند (جدول ۴). تخمین وراثت‌پذیری RFI پایین بود (۰/۱۴–۰/۲۶)، و RFIP تخمین وراثت‌پذیری بالاتری نسبت به RFIG در دو جنس و سن داشت. به‌دنبال آن، واریانس ژنتیکی کمی بالاتر در RFIP نسبت به RFIG و واریانس باقی‌مانده بالاتر در RFIG نسبت به RFIP در هر دو جنس و سن مشاهده شد.

تخمین‌های وراثت‌پذیری FI در جوجه‌های گوشتی از هفته‌های ۲ تا ۱۰ بین ۰/۲۴ تا ۰/۲۵ توسط محققان مختلفی گزارش شدند (Case *et al*. 2012؛ Begli *et al*. 2016). همچنین، مطالعات پیشین برآوردهای وراثت‌پذیری کم تا متوسط (۰/۴۹ – ۰/۱) را برای RFI فنوتیپی در جوجه‌های گوشتی نر و ماده در سنین مختلف گزارش کردند (Begli *et al*., 2016; Aggrey *et al*., 2010).

تخمین‌های مختلف وراثت‌پذیری FI و Gain در نر و ماده و همبستگی ژنتیکی بین آن‌ها که به‌طور قابل توجهی متفاوت از هم هستند، نشان می‌دهند که تعامل ژنوتیپ و جنسیت برای FI و Gain وجود دارد. علاوه بر این، همبستگی ژنتیکی بالاتر در FI و افزایش بین نرها و ماده‌ها در سنین پایین (T7) نسبت به سن بالاتر (t) نشان می‌دهد که تعامل جنس با سن نیز برای FI و Gain وجود دارد و تعامل ژنوتیپ با جنسیت همراه با افزایش سن در جوجه‌های گوشتی تا رسیدن به بلوغ جنسی شروع به افزایش می‌کند. تخمین‌های مختلف وراثت‌پذیری FI و Gain در نرها و ماده‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی بین جنس‌ها که تفاوت معنی‌داری با هم داشتند، نشان می‌دهند که زمینه ژنتیکی این صفات ممکن است تا حدی در نرها و ماده‌ها متفاوت باشد. به‌طور مشابه، تخمین‌های وراثت‌پذیری بسیار متفاوت برای FI و Gain در دو سن و همبستگی ژنتیکی صفات بین دو سن، که تفاوت معنی‌داری باهم دارند، نشان می‌دهند که بر هم‌کنش ژنوتیپ با سن برای صفات فوق وجود دارد. علاوه بر این، پس‌زمینه ژنتیکی FI و Gain ممکن است تا حدی در دو سن متفاوت باشد. بنابراین، مدل‌های تجزیه و تحلیل ژنتیکی این دو صفت باید تفاوت‌های جنسیتی و سنی را در نظر بگیرند تا صحت انتخاب و پیشرفت ژنتیکی افزایش یابد.

همبستگی ژنتیکی FI بین نرها و ماده‌ها به‌ترتیب ۰/۸۲ و ۰/۸۵ در سنین t و t-7 روزگی بود. همبستگی ژنتیکی افزایش وزن بین نرها و ماده‌ها به‌ترتیب ۰/۷۴ و ۰/۸۰ در سنین t و t-7 روز بود و همبستگی ژنتیکی در سنین اولیه (t-7) بیشتر از سنین بالاتر (t) هم برای FI و هم برای Gain حاصل شد.

همبستگی ژنتیکی بین BW و FI در نرها و ماده‌ها در هر دو سن متوسط (۰/۴۹–۰/۶۰) و بین BW و Gain نیز در نرها و ماده‌ها متوسط (۰/۳۲–۰/۴۹) بود. همبستگی ژنتیکی بالایی بین FI و Gain بین نرها و ماده‌ها به‌دست آمد (۰/۸۲–۰/۸۸). همبستگی ژنتیکی بین RFIP و RFIG در همان جنس و سن بالا و به‌طور قابل توجهی متفاوت از هم در سن t بود؛ با این‌حال، در T-7 همبستگی‌های ژنتیکی تفاوت معنی‌داری با هم نداشتند (جدول ۵).

جدول ۴- وراثت‌پذیری و اجزای واریانس مصرف خوراک (FI)، افزایش وزن بدن (Gain) و دو تعریف RFI (RFIP و RFIG) همراه با توزیع انحراف استاندارد

Table 4. Variance components and heritability of body weight gain (Gain) and two RFI definitions (RFIP and RFIG) with their standard deviations

Trait	h^2 (PSD)	σ_a^2(PSD)	σ_e^2(PSD)	σ_{pe}^2(PSD)
$FI_{m(t)}$	0.31(0.03)	8115.3(873.3)	17614.4(578.2)	987.6(254.2)
$FI_{f(t)}$	0.25(0.03)	5276.2(671.1)	14572.1(471.3)	681.8(182.2)
$FI_{m(t-7)}$	0.38(0.04)	6817.6(1178.4)	11354.3(801.2)	967.4(315.7)
$FI_{f(t-7)}$	0.34(0.03)	4545.7(671.7)	8434.9(530.6)	435.5(125.1)
$Gain_{m(t)}$	0.24(0.03)	4152.8(489.3)	13571.1(472.1)	563.8(159.5)
$Gain_{f(t)}$	0.18(0.02)	1546.5(225.5)	6782.4(151.2)	256.8(82.5)
$Gain_{m(t-7)}$	0.34(0.04)	4372.1(751.4)	7568.5(511.6)	614.6(201.2)
$Gain_{f(t-7)}$	0.28(0.05)	2119.4(327.4)	5147.2(178.3)	242.9(82.2)
$RFIP_{m(t)}$	0.18(0.03)	1432.2(257.8)	6258.5(185.2)	297.6(92.5)
$RFIP_{f(t)}$	0.15(0.02)	960.8(142.2)	4879.5(112.4)	258.4(51.5)
$RFIP_{m(t-7)}$	0.27(0.03)	1453.3(296.9)	3357.6(189.5)	284.4(87.4)
$RFIP_{f(t-7)}$	0.23(0.04)	752.3(125.2)	2147.3(78.5)	115.7(42.3)
$RFIG_{m(t)}$	0.14(0.05)	1258.1(245.9)	7149.6(542.1)	293.6(89.2)
$RFIG_{f(t)}$	0.14(0.04)	889.8(148.3)	5183.5(532.3)	253.4(61.2)
$RFIG_{m(t-7)}$	0.26(0.05)	1394.1(267.9)	3579.4(214.1)	294.6(96.5)
$RFIG_{f(t-7)}$	0.21(0.03)	762.5(132.9)	2246.7(341.1)	139.3(39.5)

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

جدول۵. همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن (BW)، مصرف خوراک (FI) و افزایش وزن روزانه (Gain)

Table 5. Genetic correlations between body weight (BW), feed intake (FI)، and body weight gain (Gain)

Trait	$BW_{m(t)}$	$BW_{f(t)}$	$BW_{m(t-7)}$	$BW_{f(t-7)}$	$FI_{m(t)}$	$FI_{f(t)}$	$FI_{m(t-7)}$	$FI_{f(t-7)}$	$Gain_{m(t)}$	$Gain_{f(t)}$	$Gain_{m(t-7)}$
$BW_{m(t)}$											
$BW_{f(t)}$	0.88										
$BW_{m(t-7)}$	0.83	0.81									
$BW_{f(t-7)}$	0.79	0.87	0.89								
$FI_{m(t)}$	0.49	0.42	0.43	0.38							
$FI_{f(t)}$	0.52	0.60	0.52	0.58	0.82						
$FI_{m(t-7)}$	0.51	0.45	0.51	0.47	0.75	0.74					
$FI_{f(t-7)}$	0.60	0.57	0.54	0.60	0.77	0.88	0.85				
$Gain_{m(t)}$	0.26	0.22	0.26	0.18	0.86	0.63	0.58	0.56			
$Gain_{f(t)}$	0.21	0.32	0.25	0.28	0.69	0.82	0.60	0.67	0.74		
$Gain_{m(t-7)}$	0.47	0.44	0.46	0.43	0.66	0.69	0.88	0.74	0.65	0.69	
$Gain_{f(t-7)}$	0.50	0.47	0.47	0.49	0.71	0.77	0.81	0.88	0.66	0.77	0.80

علاوه بر این، واریانس ژنتیکی و برآوردهای وراثت‌پذیری RFI بالاتر از RFIG (۰/۲۷–۰/۱۵) بودند که انتظار می‌رفت زیرا واریانس ژنتیکی RFIP تحت تأثیر کوواریانس باقی‌مانده بین صفات مؤلفه مصرف خوراک و صفات تولیدی است، در حالی‌که واریانس ژنتیکی RFIG تحت تأثیر کوواریانس باقی‌مانده بین مصرف خوراک و صفات تولیدی قرار نمی‌گیرد (Kennedy *et al*., 1993). برآوردهای وراثت‌پذیری RFIP و RFIG در نرها و ماده‌ها در همان سن به‌طور قابل‌توجهی متفاوت بود و برآوردها بین دو سن در یک جنس نیز تفاوت معنی‌داری داشتند. همبستگی ژنتیکی RFI بین نر و ماده که به‌طور قابل‌توجهی متفاوت از هم است، نشان می‌دهد که جنسیت براساس تعامل ژنوتیپ برای صفات وجود دارد. در توافق با یافته‌های این پژوهش، محققان پیشین نیز به همبستگی متوسط و معنی‌دار متفاوت ژنتیکی (۰/۵۹) بین RFI فنوتیپی در جوجه‌های گوشتی که در دو دوره مختلف (۳۵–۲۸ و ۴۲–۳۵ روزگی) اندازه‌گیری شد، اشاره کردند (Aggrey *et al*., 2010).

در مطالعه حاضر، همبستگی ژنتیکی بین RFIP و RFIG بالا بود و تفاوت معنی‌داری با هم در سن t در هر دو جنس داشت، اما در سن t-7 روزگی همبستگی ژنتیکی بالا بود و تفاوت معنی‌داری با هم نداشت. این امر نشان می‌دهد که انتخاب برای FE با استفاده از هر یک از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی، پاسخ ژنتیکی یکسانی را در t-7 روزگی به‌همراه خواهد داشت، اما ممکن است پاسخ مشابهی را در سن t روز نداشته باشد. شیرعلی و همکاران (۲۰۱۸) FI را بر میانگین افزایش وزن روزانه (ADG) و صفت ترکیب بدن (درصد گوشت بدون چربی) تصحیح و یک همبستگی ژنتیکی ۰/۹۲ بین RFIP و RFIG در خوک‌ها گزارش نمودند که بالا بود اما به‌طور قابل توجهی با هم متفاوت بود.

همبستگی ژنتیکی کم تا متوسط (۰/۳۳–۰/۰۴) بین RFIP و صفات تولیدی (BW و Gain) در مطالعه حاضر از تعریف RFIP انتظار می‌رفت (جدول ۶) زیرا RFIP جزء FI است که از نظر فنوتیپی، اما نه ژنتیکی، مستقل از تولید است. همبستگی ژنتیکی بین RFIP و صفات تولیدی لزوماً نباید صفر باشد، اما ممکن است بسته به فراسنجه‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مؤلفه آن، از نظر علامت و بزرگی بسیار متفاوت باشد (Kennedy *et al*., 1993). علاوه بر این، همبستگی ژنتیکی بین صفات RFIP و تولیدی شامل کوواریانس محیطی بین مصرف خوراک و صفات تولیدی می‌شود، بنابراین ضرایب رگرسیون فنوتیپی جزئی RFIP و صفات تولید تضمین نمی‌کنند که RFIP از نظر ژنتیکی مستقل از صفات تولیدی باشد (Kennedy *et al*., 1993). به گفته محققان، RFIP تنها زمانی از نظر ژنتیکی مستقل از صفات تولیدی خواهد بود که وراثت‌پذیری صفات FI و تولید برابر و همبستگی ژنتیکی بین آن‌ها برابر با همبستگی‌های محیطی مربوطه باشد. از آنجایی‌که RFIG کارایی پرندگان را در استفاده از مواد مغذی توضیح می‌دهد، صرف‌نظر از نیازهای انرژی برای تولید و نگهداری، تفسیر نتایج آن آسان‌تر از FI و RFIP است که از نظر ژنتیکی مستقل از صفات تولیدی نیستند.

همبستگی ژنتیکی بالاتر بین FI وRFIP نسبت به FI و RFIG در مطالعه حاضر به این دلیل است که همبستگی ژنتیکی بین FI و RFIP شامل کوواریانس محیطی بین FI و صفات تولیدی است در حالی‌که همبستگی ژنتیکی بین FI و RFIG شامل کوواریانس محیطی بین FI و RFIP و صفات تولیدی نمی‌شود. علاوه بر این، همبستگی‌های فنوتیپی کمتر از همبستگی‌های ژنتیکی بین FI و دو تعریف RFI ممکن است نشان دهنده کوواریانس محیطی کمتر بین صفات FI و تولیدی نسبت به کوواریانس ژنتیکی مربوطه باشد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

جدول ۶- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی همراه با توزیع انحراف استاندارد بین صفات تولیدی (BW و Gain) و دو تعریف RFI (RFIP و RFIG)
Table 6. Genetic and phenotypic correlations between production traits (BW and Gain) and two RFI definitions (RFIP and RFIG).

Production traits صفات تولیدی	Two RFI definitions دو تعریف RFI	Genetic correlation همبستگی ژنتیکی	Production traits صفات تولیدی	Two RFI definitions دو تعریف RFI	Phenotypic correlation همبستگی فنوتیپی
$BW_{m(t)}$	$RFIP_{m(t)}$	0.08(0.05)	$BW_{m(t)}$	$RFIP_{m(t)}$	-0.05(0.03)
$BW_{f(t)}$	$RFIP_{f(t)}$	0.25(0.08)	$BW_{f(t)}$	$RFIP_{f(t)}$	-0.14(0.05)
$BW_{m(t-7)}$	$RFIP_{m(t-7)}$	0.04(0.01)	$BW_{m(t-7)}$	$RFIP_{m(t-7)}$	-0.003(0.01)
$BW_{f(t-7)}$	$RFIP_{f(t-7)}$	0.11(0.03)	$BW_{f(t-7)}$	$RFIP_{f(t-7)}$	-0.05(0.08)
$Gain_{m(t)}$	$RFIG_{m(t)}$	0.33(0.08)	$Gain_{m(t)}$	$RFIG_{m(t)}$	-0.27(0.08)
$Gain_{f(t)}$	$RFIG_{f(t)}$	0.21(0.05)	$Gain_{f(t)}$	$RFIG_{f(t)}$	-0.15(0.08)
$Gain_{m(t-7)}$	$RFIG_{m(t-7)}$	0.11(0.04)	$Gain_{m(t-7)}$	$RFIG_{m(t-7)}$	-0.11(0.07)
$Gain_{f(t-7)}$	$RFIG_{f(t-7)}$	0.12(0.03)	$Gain_{f(t-7)}$	$RFIG_{f(t-7)}$	-0.08(0.002)

جدول ۷- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی همراه با توزیع انحراف استاندارد بین مصرف خوراک و دو تعریف RFI (RFIP و RFIG)
Table 7. Genetic and phenotypic correlations between feed intake and two RFI definitions (RFIP and RFIG).

Feed intake مصرف خوراک	Two RFI definitions دو تعریف RFI	Genetic correlation همبستگی ژنتیکی	Feed intake مصرف خوراک	Two RFI definitions دو تعریف RFI	Phenotypic correlation همبستگی فنوتیپی
$FI_{m(t)}$	$RFIP_{m(t)}$	0.68(0.02)	$FI_{m(t)}$	$RFIP_{m(t)}$	0.56(0.01)
$FI_{f(t)}$	$RFIP_{f(t)}$	0.65(0.04)	$FI_{f(t)}$	$RFIP_{f(t)}$	0.58(0.04)
$FI_{m(t-7)}$	$RFIP_{m(t-7)}$	0.55(0.01)	$FI_{m(t-7)}$	$RFIP_{m(t-7)}$	0.54(0.02)
$FI_{f(t-7)}$	$RFIP_{f(t-7)}$	0.52(0.03)	$FI_{f(t-7)}$	$RFIP_{f(t-7)}$	0.49(0.07)
$FI_{m(t)}$	$RFIG_{m(t)}$	0.41(0.03)	$FI_{m(t)}$	$RFIG_{m(t)}$	0.32(0.05)
$FI_{f(t)}$	$RFIG_{f(t)}$	0.43(0.02)	$FI_{f(t)}$	$RFIG_{f(t)}$	0.42(0.03)
$FI_{m(t-7)}$	$RFIG_{m(t-7)}$	0.46(0.01)	$FI_{m(t-7)}$	$RFIG_{m(t-7)}$	0.44(0.02)
$FI_{f(t-7)}$	$RFIG_{f(t-7)}$	0.40(0.03)	$FI_{f(t-7)}$	$RFIG_{f(t-7)}$	0.40(0.02)

نتیجه‌گیری

در مطالعه حاضر، تخمین‌های وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی BW، FI، Gain و RFI با جنس تفاوت معنی‌داری دارند که نشان می‌دهد صفات فوق علاوه بر اثرات مستقیم ژنتیکی و محیطی دائمی مادری، تحت تأثیر جنسیت توسط اثرات متقابل ژنتیکی قرار می‌گیرند. بنا بر این، در نر و ماده باید به‌عنوان صفات مختلف در ارزیابی ژنتیکی و بهینه‌سازی برنامه‌های پرورش جوجه‌های گوشتی در نظر گرفته شوند. با توجه به اینکه وراثت‌پذیری و همبستگی BW، FI، و Gain در سنین t-7 ، t-4 و t روز به طور معنی‌داری متفاوت بودند، نشان می‌دهد که این صفات در سنین مختلف نیز باید به عنوان صفات متفاوت در نظر گرفته شوند. برآوردهای وراثت‌پذیری متوسط صفات تولیدی و صفات بازده خوراک و همچنین همبستگی ژنتیکی متوسط تا بالا بین صفات تولیدی و بازده خوراک نشان می‌دهد که انتخاب روی صفات تولید، پاسخ همبستگی قابل توجهی روی صفات بازده خوراک و بالعکس ایجاد خواهد کرد.

References

Adeyinka, I. A., Oni, O. O., Nwagu, B. I., & Adeyinka, F. D. (2006). Genetic parameter estimates of body weights of naked neck broiler chickens. *International Journal of Poultry Science*, *5*(6), 589-592.

Aggrey, S. E., Karnuah, A. B., Sebastian, B., & Anthony, N. B. (2010). Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens. *Genetic Selection Evaluation*, 42, 25.

Arthur, J. A., & Albers, G. A. (2003). Industrial perspective on problems and issues associated with poultry breeding. *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*, 1, 12.

Aslam, M. L., Bastiaansen, J. W., Crooijmans, R. P., Ducro, B. J., Vereijken, A., & Groenen, M. A. (2011). Genetic variances, heritabilities and maternal effects on body weight, breast meat yield, meat quality traits and the shape of the growth curve in turkey birds. *BMC Genetics*, 12(1), 1-9.

Begli, H., Vaez Torshizi, R., Masoudi, A. A., & Ehsani, A. (2016). Longitudinal analysis of body weight, feed intake and residual feed intake in F2 chickens. *Livestock Science*, 184, 28-34.

Case, L. A., Wood, B. J., & Miller, S. P. (2012). The genetic parameters of feed efficiency and its component traits in the turkey (Meleagris gallopavo). *Genetic Selection Evaluation*, 44, 2.

Chapuis, H., Delabrosse, Y., Ducroc, V., & Tixer-Boichard, M. (1996). Multivariate restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters for production traits in three selected turkey strains. *Genetic Selection Evaluation*, 28, 299-317.

Deimi Ghias Abadi1, P., Alijani, S., Shodja Ghias, J., & Pirani, N. (2012). Comparison of Tow Restricted Maximum Likelihood (REML) and Bayesian Statistical Methods for Estimating Genetic Parameter of Some Economically Important Traits in Fars Native Chickens. *Research on Animal Production*, 5, 1-13. [In Persian]

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2025-09-09]

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]

Desa, U. (2015). World population projected to reach 9.7 billion by 2050| UN DESA| *United Nations Department of Economic and Social Affairs. Retrieved from UN Department of Economic and Social Affairs website*.

Grosso, J. L. B. M., Balieiro, J. C. D. C., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., Mattos, E. C., & Michelan Filho, T. (2010). Comparison of different models to estimate genetic parameters for carcass traits in a commercial broiler line. *Genetics and Molecular Research*, 9(2), 908-918.

Karami, M., Fayazi, J., Hasanpur, K., Javanmard, A., & Varnaseri, H. (2020). Estimation of Genetic Parameters for Growth Traits in Two Routine and Ascites Inducing Conditions for Ascites Syndrome in a Commercial Broiler Line. *Research on Animal Production*, 11(27), 101-115. [In Persian]

Kennedy, B. W., van der Werf, J. H., Meuwissen, T. H. (1993). Genetic and statistical properties of residual feed intake. *Journal of Animal Science*, 71, 3239-3250.

MacLeod, M., Gerber, P., Mottet, A., Tempio, G., Falcucci, A., Opio, C., & Steinfeld, H. (2013). Greenhouse gas emissions from pig and chicken supply chains–A global life cycle assessment. *Food and Agriculture Organization of the United Nations*.

Madsen, P. & Jensen, J. (2013). A User's guide to DMU, A Package for analyzing multivariate Mixed Models. 6, Rel 5.2.

Mckay, J. C. (2009). The genetics of modern commercial poultry. In Biology of breeding poultry (pp. 3-9). *Wallingford UK*: CABI.

Mebratie, W., Shirali, M., Madsen, P., Sapp, R. L., Hawken, R., & Jensen, J. (2017). The effect of selection and sex on genetic parameters of body weight at different ages in a commercial broiler chicken population. *Livestock Science*, 204, 78-87.

Mignon-Grasteau, S., Beaumont, C., Poivey, J. P., & De Rochambeau, H. (1998). Estimation of the genetic parameters of sexual dimorphism of body weight in'label'chickens and Muscovy ducks. *Genetics Selection Evolution*, 30(5), 481-491.

Nestor, K. E., Anderson, J. W., Patterson, R. A., & Velleman, S. G. (2008). Genetics of growth and reproduction in the turkey. 17. Changes in genetic parameters over forty generations of selection for increased sixteen-week body weight. *Poultry Science*, 87(10), 1971-1979.

Schaeffer, L. R. (2011). Animal Breeding Methods course notes, Random regression models, 1-9. http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ (Accessed 05.08.2015).

Shirali, M., Varley, P. F., Jensen, J. (2018). Bayesian estimation of direct and correlated response to genetic selection on linear or ratio expressions of feed efficiency in pigs. *Genetics Selection Evolution*, 50, 1-12.

Singh, S. S., Verma, S. K., & Khan, A. G. (1990). Studies on genetic variability in juvenile body weights and sexual-dimorphism in layer type chicken. *Indian Veterinary Medical Journal*, 14(3), 184-188.

Towne, B., Siervogel, R. M., & Blangero, J. (1997). Effects of genotype-by-sex interaction on quantitative trait linkage analysis. *Genetic Epidemiology*, 14(6), 1053-1058.

Willems, O. W., Miller, S. P., & Wood, B. J. (2013). Aspects of selection for feed efficiency in meat producing poultry. *World's Poultry Science Journal*, 69, 77-88.

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

[DOI: 10.61882/rap.2024.1486]