Informatics in Biology, Health, and Food

Interdisciplinary Explorations in Life Science

Volume 2. Number 2. Dec. 2025 DOI: 10.22034/ibhf.2025.556400.1040

Original Article

Comparison and evaluation of different statistical models for estimating the heritability of important economic traits in Iranian native chickens using Bayesian methods

Fereshte Ghadamgahi[1]*, Amirhossein Alizadeh Kaseb[2], Sattar Rezaei Baranvand[2]

[1] Department of Animal Science, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran.

[2]Araz Biotech Academy, Mashhad, Iran.

Received: 2025/10/30 **Accepted:** 2025/12/01 **Online Published:** 2025/12/01

Abstract

The objective of this study was to estimate heritability, genetic and phenotypic correlations, and to assess maternal effects for major economic traits in native chickens of Iran maintained at the Khorasan Native Fowl Breeding Center (KRBC). Variance components were estimated for body weight at 8 weeks (BW8) and 12 weeks (BW12), age at sexual maturity (ASM), body weight at sexual maturity (WSM), egg number (EN), and average egg weight at 28, 30 and 32 weeks (EW). Each trait was analyzed using animal models with and without maternal effects under a Bayesian framework employing Gibbs sampling implemented in GIBBS3F90. The most appropriate model for each trait was identified based on the Deviance Information Criterion (DIC). The dataset comprised 18000 records collected over three generations (2009–2012). The results indicated that, for ASM, the model including only direct genetic effects provided the best fit. In contrast, for WSM and BW8–BW12, models including direct, maternal genetic, and permanent maternal environmental effects were superior. For EN, the model including both direct and maternal genetic effects was optimal, while for EW the model containing direct genetic and permanent maternal environmental effects performed best. Direct heritability estimates ranged from 0.13 (for EN) to 0.46 (for EW). Exclusion of maternal effects generally led to overestimation of direct heritability. Therefore, inclusion of both direct and maternal genetic effects is essential for accurate evaluation of body weight and egg related traits. Positive genetic correlations between growth traits (BW8, BW12, and WSM) and ASM indicated that selection for faster growth could undesirably increase age at maturity. Since native chickens exhibit dual purpose potential (meat and egg production), the use of selection indices that simultaneously aim to enhance growth while reducing age at sexual maturity is crucial for improving their overall economic performance.

Keywords: Heritability estimation, Maternal genetic effects, Native chickens, Genetic correlations, Selection indices.

Cite this article: Ghadamgahi F, Alizadeh Kaseb A, Rezaei Baranvand S. Comparison and evaluation of different statistical models for estimating the heritability of important economic traits in Iranian native chickens using Bayesian methods. *Informatics in Biology, Health, and Food*. 2025;2(2):35-45.

Copyright©: The Authors. Published by Shandiz Institute of Higher Education

Corresponding author: Fereshte Ghadamgahi **Email**: fereshte.ghadamgahi.88@gmail.com.

انفورماتیک در زیست‌شناسی، بهداشت و غذا

کاوش‌های بین رشته‌ای در علوم زیستی

دوره ۲. شماره ۲. آذر ۱۴۰۴ DOI: 10.22034/ibhf.2025.556400.1040

مقاله پژوهشی

مقایسه و ارزیابی مدل‌های آماری مختلف برای برآورد وراثت‌پذیری صفات اقتصادی مهم در مرغ بومی ایران با بهره‌گیری از روش‌های بیزی

فرشته قدمگاهی*[۱]،امیرحسین علیزاده کاسب[۲]، ستار رضایی برانوند[۲]

[۱] فرشته قدمگاهی،گروه علوم دامی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

[۲]آموزشگاه آراز زیست فناور،مشهد،ایران.

دریافت: ۱۴۰۴/۸/۸ **پذیرش:** ۱۴۰۴/۹/۱۰ **انتشار آنلاین:** ۱۴۰۴/۹/۱۰

چکیده

هدف این پژوهش، برآورد وراثت‌پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی، فنوتیپی و بررسی اثرات مادری در صفات اقتصادی مرغ‌های بومی ایران در مرکز اصلاح‌نژاد خراسان رضوی (KRBC) بود. اجزای واریانس برای صفات وزن بدن در سنین ۸ (BW8) و ۱۲ (BW12) هفتگی، سن بلوغ جنسی (ASM)، وزن در بلوغ، تعداد تخم‌مرغ (EN) و میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ (EW) برآورد شد. برای هر صفت، مدل‌های حیوانی شامل و بدون اثرات مادری با روش بیزی و الگوریتم نمونه‌گیری گیبس در نرم‌افزار GIBBS3F90 تحلیل شدند. انتخاب مناسب‌ترین مدل بر اساس شاخص اطلاعات انحرافی (DIC) انجام گرفت. داده‌ها شامل ۱۸۰۰۰ رکورد از سه نسل مرغ بومی جمع‌آوری‌شده طی سال‌های ۲۰۰۹ تا ۲۰۱۲ بودند. نتایج نشان داد برای صفت سن بلوغ جنسی، مدل شامل اثر ژنتیکی مستقیم بهترین برازش را داشت. در حالی‌که برای وزن در بلوغ و وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی، مدل‌های حاوی اثرات ژنتیکی مستقیم، مادری و محیطی دائم مناسب‌تر بودند. برای تعداد تخم‌مرغ، مدل دارای اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری، و برای وزن تخم‌مرغ، مدل شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و محیطی دائم مادری بهترین نتایج را ارائه داد. وراثت‌پذیری مستقیم بین ۱۳درصد (تعداد تخم‌مرغ) تا ۴۶ درصد (وزن تخم‌مرغ) متغیر بود. حذف اثرات مادری موجب بیش‌برآورد وراثت‌پذیری مستقیم در اغلب صفات شد. بنابراین، برای صفات وزن بدن و ویژگی‌های مرتبط با تخم‌مرغ، لحاظ اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری در مدل ضروری است. همچنین همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفات رشد (BW8 ، BW12) و وزن بلوغ با سن بلوغ جنسی مشاهده شد؛ به‌طوری‌که انتخاب برای رشد سریع‌تر ممکن است منجر به افزایش سن بلوغ شود. از آنجا که مرغ‌های بومی دارای کارکرد دوگانه (گوشتی–تخم‌گذار) هستند، استفاده از شاخص‌های انتخابی که هم‌زمان رشد بالاتر و کاهش سن بلوغ را هدف قرار دهند، برای بهبود عملکرد اقتصادی ضروری است.

کلمات کلیدی: برآورد وراثت‌پذیری، اثرات ژنتیکی مادری، مرغ‌های بومی، همبستگی‌های ژنتیکی، شاخص‌های انتخاب.

Cite this article: Ghadamgahi F, Alizadeh Kaseb A, Rezaei Baranvand S. Comparison and evaluation of different statistical models for estimating the heritability of important economic traits in Iranian native chickens using Bayesian methods. Informatics in Biology, Health, and Food. 2025;2(2):35-45.

Copyright©: The Authors. Published by Shandiz Institute of Higher Education

Corresponding author: Fereshte Ghadamgahi **Email**: fereshte.ghadamgahi.88@gmail.com

مقدمه

در دهه‌های اخیر، توجه به منابع ژنتیکی بومی و حفاظت از آن‌ها به دلیل توانایی سازگاری بالا، مقاومت در برابر بیماری‌ها و بقا در شرایط محیطی نامساعد، اهمیت فزاینده‌ای یافته است (۱). با این حال، ورود نژادهای تجاری پربازده به کشور، موجب افزایش خطر انقراض مرغ‌های بومی ایران شده است (۲). مرغ‌های بومی اگرچه در مقایسه با نژادهای تجاری، رشد و تولید تخم‌مرغ کمتری دارند، اما در مقابل، از مقاومت بالاتری در برابر بیماری‌ها و توانایی عملکرد بهتر در شرایط تغذیه ضعیف و تنش‌های محیطی (مانند دمای بالا) برخوردارند؛ ویژگی‌هایی که آن‌ها را برای پرورش در سیستم‌های روستایی و با امکانات محدود مناسب می‌سازد (۱). بر همین اساس، طرح ملی اصلاح و گسترش مرغ‌های بومی از سال ۱۳۶۳ در چندین منطقه از کشور (از جمله خراسان، اصفهان، آذربایجان، مازندران، فارس و یزد) آغاز گردید. بنابراین، افزایش توان تولیدی این طیور از طریق برنامه‌های انتخاب ژنتیکی مؤثر، جهت ارتقاء اقتصاد جوامع روستایی ایران، ضرورتی حیاتی محسوب می‌شود.

برای دستیابی به بیشینه اصلاح ژنتیکی، لازم است مؤلفه‌های (کو) واریانس ژنتیکی و فنوتیپی صفات اقتصادی به‌طور دقیق برآورد شوند؛ زیرا این مؤلفه‌ها زیربنای طراحی برنامه‌های انتخاب، برآورد ارزش‌های اصلاحی و تفسیر سازوکار ژنتیکی صفات کمی هستند. توسعه روش‌های آماری در دهه‌های اخیر به‌منظور تخمین دقیق و بدون تورش این پارامترها، در مطالعات متعددی بررسی شده است. در حال حاضر، روش‌های بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس به عنوان روشی نوین و بسیار قدرتمند برای برآورد پارامترهای ژنتیکی در رشته‌های مختلف علوم زیستی در سراسر جهان مورد استفاده قرار می‌گیرند (۳،۴،۵،۶). در این روش، برآورد پارامترها از طریق توزیع پسین انجام می‌شود و معمولاً میانگین مستقیم این توزیع قابل محاسبه نیست؛ بنابراین، نمونه‌هایی از توزیع پسین با ویژگی‌های مشابه به‌صورت مستقل تولید می‌شوند. شبیه‌سازی‌های روش مونت‌کارلو نیز به‌عنوان رویکردی عمومی جهت نمونه‌گیری از توزیع‌های آماری مورد نظر پیش از تخمین کمیت مورد انتظار استفاده می‌شود.

همچنین اثرات مادری نقش مهمی در رشد و توسعه صفات اقتصادی دارند و ناشی از تفاوت بین مرغان مادر می‌باشند. در نظر گرفتن اثرات مادری در مدل‌های آماری موجب کاهش تورش برآورد واریانس ژنتیکی می‌گردد (۷). در طیور، هرگونه اثر مادی بر جوجه‌هایی که به‌صورت مصنوعی انکوبه می‌شوند، در واقع بازتاب ویژگی‌های تخم‌مرغ هنگام گذاشتن است؛ بنابراین، اثرات مادری در پرندگان با پستانداران تفاوت ماهوی دارند. مطالعات «کِلمان و همکاران» نشان داده‌اند که در صورت وجود اثرات ژنتیکی مادری، اگر این اثرات در مدل لحاظ نشوند، ضریب وراثت‌پذیری مستقیم بیش‌برآورد خواهد شد (۸). اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری معمولاً همبستگی ژنتیکی قابل توجهی با یکدیگر دارند؛ به‌عنوان مثال، «هارتمن و همکاران» همبستگی ژنتیکی بالایی بین اثر مادری وزن جوجه و اثر مستقیم وزن تخم‌مرغ گزارش کردند (۹) و «ساعتچی» نیز در مرغ‌های بومی ارتباط قوی میان اثر ژنتیکی مستقیم وزن بدن و اثر ژنتیکی مادری صفات تخم‌مرغ را نشان داد(۱۰).

مطالعات مختلفی در ایران، برآورد مؤلفه‌های (کو) واریانس، پارامترهای ژنتیکی افزایشی و مادری را در صفات تولیدی و باروری مرغ‌های بومی مناطق گوناگون گزارش کرده‌اند (۱۷، ۱۶، ۱۵، ۱۴،۱۲،۱۳، ۱۱، ۲). علی‌رغم انجام مطالعات پراکنده در مناطق مختلف ایران ، تاکنون پژوهش جامعی در خصوص برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی در جمعیت مرغ بومی خراسان رضوی(KRBC) ، به‌ویژه با استفاده از روش‌های آمار بیزی و الگوریتم نمونه‌گیری گیبس، صورت نگرفته است. این خلاء، برآورد دقیق ارزش‌های اصلاحی و طراحی برنامه‌های انتخاب بهینه برای این جمعیت دومنظوره را دشوار می‌سازد.

بر این اساس فرضیات اصلی پژوهش مطرح می شود. فرضیه اول: لحاظ اثرات مادری (ژنتیکی و محیطی دائم) در مدل‌های حیوانی، منجر به برآوردهای دقیق‌تری از اجزای واریانس و وراثت‌پذیری مستقیم شده و از بیش‌برآورد این پارامترها (در مقایسه با مدل‌های بدون اثر مادری) جلوگیری می‌کند. فرضیه دوم: احتمالاً همبستگی‌های ژنتیکی نامطلوبی (مثبت) میان صفات رشد و سن بلوغ جنسی وجود دارد که اعمال هم‌زمان این صفات در شاخص‌های انتخاب را برای بهبود عملکرد کلی اقتصادی ضروری می‌سازد.

این پژوهش دارای چند جنبه نوآورانه است. نخست آنکه برای اولین‌بار یک مقایسه جامع میان مدل‌های حیوانی با سطوح مختلف پیچیدگی (از مدل‌های شامل تنها اثر ژنتیکی مستقیم تا مدل‌های شامل اثرات ژنتیکی مادری، محیط دائمی مادری و کوواریانس مستقیم–مادری) برای برآورد پارامترهای ژنتیکی

صفات اقتصادی در جمعیت مرغ بومی مرکز اصلاح‌نژاد خراسان رضوی (KRBC) انجام شده است (۱۸، ۱۶، ۱۵). دوم، انتخاب مدل بهینه برای هر صفت با استفاده از معیار اطلاعات انحراف (DIC) صورت گرفته که رویکردی پیشرفته و کمتر به‌کاررفته در مطالعات طیور بومی کشور است (۱۹). سوم، این پژوهش از چارچوب آماری بیزی و الگوریتم نمونه‌گیری گیبس بهره گرفته است که امکان برآورد دقیق‌تر و پایدارتر مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و مادری را فراهم می‌کند (۳،۴،۵) و در مطالعات قبلی بر روی مرغ بومی خراسان کمتر مورد استفاده قرار گرفته است.

از این رو، هدف پژوهش حاضر مقایسه مدل‌های آماری مختلف برای برآورد وراثت‌پذیری برخی صفات اقتصادی مهم در مرغ‌های بومی ایران با بهره‌گیری از روش‌های بیزی و الگوریتم نمونه‌گیری گیبس می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌های مربوط به صفات اقتصادی از مرکز اصلاح و پرورش مرغ بومی خراسان رضوی گردآوری شد. استان خراسان رضوی در شمال‌شرق ایران واقع است و این مرکز در سال ۱۳۶۵ تأسیس گردید. فعالیت آن با جمع‌آوری مرغ‌های بومی از مناطق روستایی دوردست آغاز شد. مرغ‌های بومی بر اساس ویژگی‌های فنوتیپی انتخاب شدند و جمعیت پایه از ۸۰۰ مرغ و ۸۰ خروس تشکیل گردید. نخستین نسل، از آمیزش تصادفی افراد جمعیت پایه به‌وجود آمد. از نسل اول، داده‌های مربوط به وزن بدن در ۸ هفتگی (BW8) ، وزن بدن در ۱۲ هفتگی (BW12)، تعداد تخم‌مرغ طی ۱۲ هفته‌ی نخست دوره‌ی تخم‌گذاری(EN) ، وزن تخم‌مرغ در روز نخست تخم‌گذاری (EW1)، میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ (MEW) ، وزن بدن در بلوغ جنسی (WSM) و سن بلوغ جنسی (ASM) جمع‌آوری شد.

انتخاب والدین نسل بعد در دو مرحله انجام گرفت. در مرحله‌ی نخست، مرغ‌ها و خروس‌ها بر اساس وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی (BW8) و (BW12) انتخاب شدند. پس از رسیدن به سن ۲۰ هفتگی، مرغ‌ها به قفس‌های انفرادی منتقل گردیدند و تولید تخم‌مرغ آن‌ها به‌مدت ۱۲ هفته ثبت شد. در مرحله‌ی دوم، مرغ‌ها بر اساس وزن و سن در بلوغ (WSM) و(ASM) ، وزن و تعداد تخم‌مرغ (EW) و (EN) و خروس‌ها بر اساس رکورد عملکرد خواهران‌شان انتخاب شدند. در هر نسل، به‌طور میانگین ۴۰ درصد از مرغ‌ها و ۵ درصد از خروس‌ها برای تولید نسل بعد برگزیده شدند.

فایل داده‌ها شامل شماره پرنده، شماره پدر (sire) و مادر(dam) ، شماره نسل و جوجه‌کشی، جنس پرنده در صفات (BW8 و BW12)، تعداد روزهای تولید تخم‌مرغ به‌عنوان متغیر کمکی برای (EN) و سایر اطلاعات مربوط به صفات بود. در این پژوهش، داده‌های مربوط به ۱۸۰۰۰ پرنده از سه نسل (G5) تا (G7) جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی استفاده شد.

برای شناسایی اثرات ثابت معنی‌دار جهت وارد کردن در مدل‌های آماری، از تحلیل آمار توصیفی و مدل حداقل مربعات) روش GLMدر نرم‌افزار SAS ، نسخه ۲۰۰۱ (استفاده شد (۲۰).

تخمین وراثت‌پذیری‌ها، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی و نیز مؤلفه‌های واریانس، با استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف و بر پایه روش‌های آماری بیزی و تکنیک نمونه‌گیری گیبس در نرم‌افزار GIBBS3F90 انجام شد (۲۱،۲۲).

در این پژوهش، داده‌ها پس از جمع‌آوری مورد ارزیابی اولیه قرار گرفتند تا از کیفیت و اعتبار آن‌ها اطمینان حاصل شود. در مرحله اول، رکوردهای ناقص شامل موارد فاقد والدین، رکوردهای تکراری یا ثبت‌های ناکامل حذف شدند. در مرحله بعد، برای شناسایی داده‌های پرت (Outliers) ، توزیع هر صفت بررسی شد و مشاهداتی که بیش از سه انحراف معیار استاندارد (±3 SD) از میانگین صفت فاصله داشتند حذف گردیدند. علاوه‌بر این، شاخص‌های چولگی و کشیدگی گزارش‌شده در جدول ۱ نشان دادند که توزیع داده‌های تمامی صفات نزدیک به نرمال است و برای استفاده در مدل‌های حیوانی مناسب می‌باشد. اجرای این مراحل تضمین کرد که داده‌های مورد استفاده از کیفیت کافی برخوردار بوده و فاقد مقادیر غیرمنطقی یا نویز شدید هستند.

مدل‌های آماری مورد استفاده به‌صورت زیر تعریف گردیدند:

$$Model\ 1: y = Xb + Z1a + e \quad (1)$$

$$Model\ 2: y = Xb + Z1a + Wc + e \quad (2)$$

$$Model\ 3: y = Xb + Z1a + Z2m + e \quad (3)$$

$$Covam=0$$

$$Model\ 4: y = Xb + Z1a + Z2m + \quad (4)$$

$$e\ Covam\neq 0$$

$$Model\ 5: y = Xb + Z1a + Z2m + \quad (5)$$

$$Wc + e\ Covam=0$$

$$Model\ 6: y = Xb + Z1a + Z2m + \quad (6)$$

$$Wc + e\ Covam\neq 0$$

در مدل‌های آماری این پژوهش، اثرهای ثابت بسته به نوع صفت در تحلیل لحاظ شدند. برای صفات وزن بدن در ۸ هفتگی

(BW8) و ۱۲ هفتگی (BW12)، اثر جنس و همچنین اثر ترکیب نسل × جوجه‌کشی وارد مدل شدند. در مورد صفات سن بلوغ جنسی (ASM) و وزن بدن در بلوغ (WSM)، تنها اثر ثابت نسل × جوجه‌کشی در مدل لحاظ گردید. برای صفت تعداد تخم‌مرغ (EN)، علاوه بر اثر نسل × جوجه‌کشی، تعداد روزهای ثبت تولید به‌عنوان یک متغیر کمکی در نظر گرفته شد. در نهایت، برای صفت میانگین وزن تخم‌مرغ (EW)، اثر ثابت نسل × جوجه‌کشی در مدل مورد استفاده قرار گرفت.

در این پژوهش، توزیع‌های پیشین که مبنای تحلیل بیزی هستند به‌گونه‌ای انتخاب شدند که کمترین میزان اطلاعات قبلی را وارد مدل کنند. برای پارامترهای مربوط به اثرات ثابت (b)، از یک توزیع نرمال با واریانس بسیار بزرگ استفاده شد؛ توزیعی که در عمل، نقش یک پیشین غیرآگاهانه را ایفا می‌کند و حداقل تأثیر را بر توزیع پسین پارامترها می‌گذارد. برای اجزای واریانس و ماتریس‌های واریانس–کوواریانس اثرات تصادفی (G0، M0، C0 و R0)، توزیع (Inverse Wishart) یا در مدل‌های تک‌صفتی توزیع (Inverse Chi-Square) به‌کار گرفته شد که رویکردی رایج و استاندارد در تحلیل‌های بیزی ژنتیک کمی محسوب می‌شود. به‌منظور حفظ خاصیت غیرآگاهانه بودن این پیشین‌ها، مقدار پارامتر درجه آزادی در کوچک‌ترین سطح ممکن (نزدیک به صفر) و پارامتر مقیاس به‌صورت یک ماتریس قطری صفر در نظر گرفته شد. این انتخاب، تضمین می‌کند که تخمین نهایی پارامترها عمدتاً از داده‌های مشاهده‌شده ناشی شود و وابستگی حداقلی به فرضیات اولیه داشته باشد.

در مدل‌های مورد استفاده، y برداری از مشاهدات (داده‌های خام صفات)، b برداری از اثرات ثابت، a برداری از اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m برداری از اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c برداری از اثرات محیطی دائم مادری، و e برداری از خطاهای تصادفی است. ماتریس‌های X، Z_1، Z_2 و W نیز به‌ترتیب ماتریس‌های وقوع (incidence matrices) هستند که مشاهدات را به اثرات ثابت، ژنتیکی مستقیم، ژنتیکی مادری و محیطی دائم مادری مرتبط می‌سازند.

عبارت Cov_am بیانگر کوواریانس میان اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری است که در برخی از مدل‌ها در نظر گرفته شد. در هر تحلیل، فرآیند نمونه‌گیری گیبس (Gibbs sampling) در ۲۰۰٬۰۰۰ تکرار (iteration) اجرا گردید، که طی آن ۲۰۰۰۰ تکرار نخست به‌عنوان دوره سوزش آغازین (burn-in period) حذف شد و فاصلهٔ نمونه‌برداری (thinning interval) به‌صورت ثابت و برابر با ۱۰۰ چرخه در نظر گرفته شد.

برای اطمینان از همگرایی مناسب، نمودارهای دنباله (Trace Plots) و نمودارهای خودهمبستگی (Autocorrelation Plots) برای توزیع‌های پسین پارامترها به‌صورت بصری، بررسی شدند تا از رسیدن زنجیره‌ها به توزیع پایدار، اطمینان حاصل شود. علاوه‌بر این، شاخص Gelman–Rubin (^R) از اجرای چند زنجیره مستقل محاسبه گردید و مقدار آن برای تمامی پارامترها کمتر از ۱/۰۵ بود که نشان‌دهنده همگرایی رضایت‌بخش است. همچنین اندازه نمونه مؤثر (Effective Sample Size – ESS) برای اغلب پارامترها بیش از ۲۰۰ بود که دلالت بر کیفیت مناسب نمونه‌گیری دارد.

برای مقایسه مدل‌ها و شناسایی بهترین مدل بیزی برای هر صفت، از معیار اطلاعات انحراف (Deviance Information Criterion; DIC) استفاده گردید. مقدار DIC مطابق رابطهٔ زیر محاسبه شد:

$$DIC = 2\bar{D} - D(\theta)$$

که در آن:

$$\bar{D}(\theta) = -2log\,[p(y \mid \theta)] + C$$

در این معادله، $\bar{D}$ میانگین توزیع انحراف بر اساس مقدار مورد انتظار پارامترها (θ) است و Cعددی ثابت می‌باشد که نقشی در مقایسه نهایی مدل‌ها ندارد. در میان مدل‌های بررسی‌شده، مدلی که مقدار DIC کوچک‌تری داشت به‌عنوان مدل مناسب‌تر انتخاب شد. آمار توصیفی صفات مورد مطالعه، شامل آزمون معنی‌داری اثرات ثابت و شاخص‌های نرمال بودن توزیع داده‌ها، در جدول ۱ ارائه شده است. تمامی صفات مورد بررسی از توزیع نرمال تبعیت داشتند. اثر جنسیت برای صفات وزن بدن در ۸ هفتگی (BW8) و ۱۲ هفتگی (BW12) معنی‌دار بود، همچنین اثر ترکیبی نسل و جوجه‌کشی در تمامی صفات اهمیت آماری نشان داد.

نتایج

الف) وزن بدن در ۸ هفتگی؛ ب) وزن بدن در ۱۲ هفتگی؛ ج) سن در بلوغ جنسی؛ د) وزن بدن در بلوغ جنسی؛ ه) تعداد تخم‌مرغ؛ و) میانگین وزن تخم‌مرغ در هفته‌های ۲۸، ۳۰ و ۳۲؛ ز (انحراف معیار (SD) ؛ ح (ضریب تغییرات (CV) ؛ ط(اثر ترکیبی نسل و جوجه‌کشی (G×H) ؛ ی) اثر جنسیت (تفاوت ماده و نر برای هر صفت $P \leqslant 0.001$ که نشان‌دهنده سطح معنی‌داری آماری است).

بر اساس جدول ۱، تمام صفات اقتصادی مورد بررسی دارای توزیع نزدیک به نرمال بوده و چولگی و کشیدگی آن‌ها در محدوده قابل قرار داشت. اثر ترکیبی نسل×جوجه‌کشی بر تمامی صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده اهمیت عوامل مدیریتی، شرایط انکوباسیون و تفاوت‌های محیطی بین نسل‌هاست.

جدول ۱. آمار توصیفی صفات اقتصادی مرغ بومی ایران و سطح معنی‌داری اثرات ثابت در مدل‌های تحلیل حداقل مربعات (GLM) .

Table 1. Descriptive statistics of the economic traits of native chickens in Iran and the significance levels of fixed effects in the General Linear Model (GLM) analyses.

صفت	تعداد (N)	میانگین	انحراف معیار (SD)	ضریب تغییرات(%)	اثر نسل×جوجه‌کشی (G×H)	اثر جنسیت	چولگی	کشیدگی
وزن بدن در ۸ هفتگی (BW8)	۱۷۷۰۸	۶۸۳/۸۲	۱۰۷/۱۷	۱۵/۶۷	*	*	۰/۱۴	-۰/۶۷
وزن بدن در ۱۲ هفتگی(BW12)	۱۷۳۳۰	۱۲۴۳/۷	۲۰۳/۷۴	۱۶/۳۸	*	*	۰/۲۰	-۰/۷۱
سن در بلوغ جنسی(ASM)	۶۱۱۵	۱۶۴/۲۲	۱۱/۵۴	۷/۰۲	*	-	۰/۱۵	-۰/۳۴
وزن بدن در بلوغ جنسی(WSM)	۵۵۶۴	۱۸۱۱/۲	۲۰۰/۱۸	۱۱/۰۵	*	-	۰/۱۲	-۰/۵۵
تعداد تخم‌مرغ (EN)	۶۴۸۲	۳۸/۷۷	۱۸/۱۲	۴۶/۷۳	*	-	-۰/۴۹	-۰/۶۵
میانگین وزن تخم‌مرغ(EW)	۵۳۹۱	۵۰/۳۶۹	۳/۵۴	۷/۰۲	*	-	۰/۰۶	-۰/۵۴

اثر جنسیت نیز برای صفات BW8 و BW12 معنی‌دار بود که با تفاوت‌های شناخته‌شده بین سرعت رشد نر و ماده مطابقت دارد. دامنه بالای ضریب تغییرات برای EN نشان‌دهنده تنوع زیاد بین افراد از نظر تولید تخم‌مرغ است، در حالی که صفاتی مانند EW و ASM دارای پراکندگی بسیار کمتر بودند.

میانگین وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی و نیز وزن بدن در بلوغ جنسی به‌ترتیب ۶۸۳/۸۲، ۱۲۴۳/۷ و ۱۸۱۱/۲ گرم بود. میانگین سن در بلوغ جنسی ۱۶۴/۲۲روز، میانگین تعداد تخم‌مرغ در طول دوره ۱۲ هفته‌ای نخست تولید ۳۸/۷۷عدد، و میانگین وزن تخم‌مرغ ۵۰/۳۷ گرم به‌دست آمد.

بهترین مدل برای هر صفت، مقادیر برآوردشده‌ی وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و همچنین سهم اثرات محیطی دائم مادری از کل واریانس فنوتیپی در جدول ۲ نشان داده شده است. همانطور که نشان می‌دهد مدل‌های شامل اثرات مادری (ژنتیکی یا محیط دائمی) برای اغلب صفات بهترین برازش را داشتند. بالاترین وراثت‌پذیری مستقیم مربوط به وزن تخم‌مرغ (EW) بود (۰/۳۶±۰/۰۴)، در حالی‌که کمترین مقدار مربوط به تعداد تخم‌مرغ (۰/۱۱±۰/۰۲) EN بود. برای صفات BW8 و BW12، وجود هم‌زمان اثر ژنتیکی مادری و محیط دائمی مادری ضروری بود، در حالی‌که برای ASM فقط اثر مستقیم کافی بود. این نتایج نشان می‌دهند که حذف اثرات مادری باعث تورش و بیش‌برآورد وراثت‌پذیری مستقیم می‌شود و مدل‌های پیچیده‌تر دقت بیشتری فراهم می‌کنند.

تفاوت‌های قابل‌توجهی میان اجزای واریانس، و در نتیجه در میزان وراثت‌پذیری صفات، در مدل‌های مختلف مشاهده شد. اثرات مادری به‌عنوان منبعی از تغییرات، برای تمامی صفات (به‌جز صفت سن در بلوغ جنسی – ASM) نقش داشتند، هرچند بخش ژنتیکی اثر مادری تنها در صفات وزن بدن در ۸ هفتگی، ۱۲ هفتگی و وزن تخم‌مرغ آشکار گردید.

جدول ۲. مدل مناسب، وراثت‌پذیری مستقیم مدل مناسب، وراثت‌پذیری مادری و نسبت اثر محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (c^2)به‌همراه خطای استاندارد آن‌ها برای صفات اقتصادی مرغ بومی ایران با استفاده از مدل‌های بیزی (مدل‌های منتخب بر اساس DIC)

Table 2. Appropriate model, direct heritability, maternal heritability, and the ratio of maternal permanent environmental effect to phenotypic variance (c^2) along with their standard errors for the economic traits of native chickens in Iran using Bayesian models (models selected based on DIC).

صفت	مدل مناسب	وراثت‌پذیری مستقیم مدل مناسب(h^2)	وراثت‌پذیری مادری (h_m^2)	نسبت اثر محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی(c^2)
BW8[a]	۶	۰/۲۹ ± ۰/۰۲	۰/۰۱ ± ۰/۰۰۷	۰/۰۵ ± ۰/۰۸
BW12[b]	۶	۰/۳۰ ± ۰/۰۳	۰/۱۴ ± ۰/۰۵	۰/۰۳ ± ۰/۰۲
ASM[c]	۱	۰/۲۷ ± ۰/۰۲	-	-
WSM[d]	۶	۰/۲۲ ± ۰/۱۳	۰/۱۴ ± ۰/۰۸	۰/۰۳ ± ۰/۰۲
EN[e]	۴	۰/۱۱ ± ۰/۰۲	۰/۰۹ ± ۰/۰۳	-
EW[f]	۲	۰/۳۶ ± ۰/۰۴	-	۰/۲۲ ± ۰/۰۸

توضیح مدل‌ها: مدل ۱: شامل اثرات ژنتیکی مستقیم؛ مدل ۲: شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و اثرات محیط دائمی مادری؛ مدل ۴: شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری؛ مدل ۶: شامل اثرات ژنتیکی مستقیم، مادری و محیط دائمی مادری با کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری.

[a] وزن بدن در 8 هفتگی؛ [b] وزن بدن در 12 هفتگی؛ [c] سن در بلوغ جنسی؛ [d] وزن بدن در بلوغ جنسی؛ [e] تعداد تخم مرغ؛ [f] میانگین وزن تخم مرغ در هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲.

برآورد وراثت‌پذیری مادری برای وزن بدن در ۱۲ هفتگی و وزن در بلوغ جنسی در حد متوسط (۰/۱۴) و برای وزن بدن در ۸ هفتگی و تعداد تخم‌مرغ، به‌ترتیب بسیار پایین (۰/۰۱ و ۰/۰۹) بود.

درصد اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیطی دائمی مادری در نژاد بومی مکزیک به ترتیب ۱۶٪ و ۸٪ گزارش شده‌اند (۱). برآورد وراثت‌پذیری مستقیم بر اساس مدل ۱ و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات در جدول ۳ خلاصه شده‌اند. بر اساس جدول ۳، همبستگی ژنتیکی بین BW8 و BW12 بسیار بالا (۰/۰۲ ± ۰/۸۶) بود که نشان‌دهنده کنترل ژنتیکی مشترک و امکان بهبود هم‌زمان این صفات است. همبستگی مثبت بین صفات رشد و ASM (دامنه ۰/۰۷ تا ۰/۲۸) نشان می‌دهد که انتخاب برای رشد سریع‌تر احتمالاً موجب افزایش نامطلوب سن بلوغ جنسی خواهد شد. از سوی دیگر، همبستگی ژنتیکی منفی قوی بین ASM و EN (-۰/۷۰) نشان می‌دهد که کاهش سن بلوغ جنسی می‌تواند تعداد تخم‌مرغ را افزایش دهد. همبستگی‌های فنوتیپی نیز الگوی مشابهی داشتند و بیشترین مقدار مثبت میان BW8 و BW12 (۰/۷۲ ± ۰/۱۰) گزارش شد.

بحث

نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی و سهم اجزای واریانس در جمعیت مرغ‌های بومی خراسان رضوی، نشان‌دهنده اهمیت اثرات مادری در اکثر صفات اقتصادی است (۲۲). در همین راستا، مطالعه Le Bihan-Duval و همکاران (۲۰۰۱) نیز نشان داد که واریانس ناشی از اثرات مادری سهم نسبتاً کمی از واریانس فنوتیپی کل را برای وزن بدن در سنین مختلف جوجه‌های گوشتی تشکیل می‌دهد، که با یافته‌های این پژوهش هم‌خوانی دارد (۲۳).

در تمامی صفات، میزان وراثت‌پذیری مستقیم بالاتر از وراثت‌پذیری مادری بود. در پژوهش یوسفی ذنوز و همکاران، مقدار وراثت‌پذیری مستقیم برای صفت وزن بدن در هشت‌هفتگی (BW8) با روش بیزی برابر ۰/۲۳ و وراثت‌پذیری مادری بسیار پایین (۰/۰۴) گزارش شد (۱۵). همچنین، مطالعات قربانی و همکاران و صالحی‌نسب و همکاران نشان دادند که برآورد وراثت‌پذیری مستقیم برایBW8 ، BW12 و EW بیشتر از وراثت‌پذیری‌های مادری است که با نتایج مطالعه حاضر هم‌راستاست (۱۶،۱۸).

اثر ژنتیکی مادری برای وزن تخم‌مرغ (EW) معنی‌دار نبود، در حالی‌که اثر محیط دائمی مادری نقش قابل‌توجهی داشت. نتایج مشابهی درباره نقش محدود ژنتیک مادری و اهمیت اثرات محیطی مادری برای وزن تخم‌مرغ در جمعیت Beijing-You نیز گزارش شده است (۲۴). این یافته با گزارش ساعتچی و همکاران در بلدرچین ژاپنی هم‌خوانی دارد که در آن اثرات مادری برای EW معنی‌دار نبودند (۲۵).

جدول ۳. وراثت‌پذیری مستقیم (h^2) حاصل از مدل ۱، وراثت‌پذیری‌ها (در قطر اصلی)، همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی‌های فنوتیپی (زیر قطر) همراه با خطای استاندارد.

Table 3. Direct heritability (h^2) obtained from Model 1, heritabilities (on the diagonal), genetic correlations (above the diagonal), and phenotypic correlations (below the diagonal) with their standard errors.

صفت	وزن بدن در ۸ هفتگی	وزن بدن در ۱۲ هفتگی	سن بلوغ جنسی	وزن بدن در بلوغ جنسی	وزن تخم‌مرغ	تعداد تخم‌مرغ
وزن بدن در ۸ هفتگی	۰/۳۷ ± ۰/۰۷	۰/۸۶ ± ۰/۰۲	۰/۰۷ ± ۰/۱۲	۰/۶۹ ± ۰/۰۱	۰/۳۰ ± ۰/۰۸	-۰/۱۵± ۰/۱۱
وزن بدن در ۱۲ هفتگی	۰/۷۲ ± ۰/۱۰	۰/۴۰ ± ۰/۱۵	۰/۱۴ ± ۰/۰۱	۰/۸۴ ± ۰/۱۶	۰/۳۸ ± ۰/۰۴	۰/۲۱ ± ۰/۰۳ -
سن بلوغ جنسی	-۰/۰۴ ± ۰/۱۰	-۰/۰۲۵ ± ۰/۰۶	۰/۳۰ ± ۰/۰۱	۰/۲۸ ± ۰/۰۸	۰/۲۰ ± ۰/۰۰۱	۰/۷۰ ± ۰/۰۷ -
وزن بدن در بلوغ جنسی	۰/۴۴ ± ۰/۰۲	۰/۵۸ ± ۰/۱۷	۰/۰۸ ± ۰/۰۲	۰/۳۱ ± ۰/۰۲	۰/۳۹ ± ۰/۰۴	۰/۳۷ ± ۰/۰۹ -
وزن تخم‌مرغ	۰/۲۱ ± ۰/۰۰۲	۰/۲۹ ± ۰/۰۱	۰/۰۶ ± ۰/۰۰۱	-۰/۲۶ ± ۰/۰۲	۰/۴۶ ± ۰/۰۰	۰/۳۰ ± ۰/۰۱ -
تعداد تخم‌مرغ	-۰/۰۴ ± ۰/۰۱	-۰/۰۵ ± ۰/۰۱	-۰/۴۹ ± ۰/۰۲	-۰/۱۱ ± ۰/۰۱	-۰/۰۸ ± ۰/۰۱	۰/۱۱ ± ۰/۰۲

با این حال، صالحی‌نسب و همکاران اثرات مادری را برای این صفت در مرغ بومی ایران مهم ارزیابی کردند (۱۸). در خصوص سن بلوغ جنسی (ASM) ، اثرات ژنتیکی و محیطی مادری قابل توجه نبودند؛ اما قربانی و همکاران گزارش کردند که این اثرات تأثیر معنی‌داری بر ASM دارند (۱۶).

تفاوت در اهمیت اثرات مادری میان صفات مختلف به تفاوت در مکانیسم‌های ژنتیکی و فیزیولوژیکی این صفات برمی‌گردد. یافته‌های مشابهی در مطالعه Mebratie و همکاران (۲۰۲۰) نیز گزارش شده است که در آن اثرات مادری نقش قابل توجهی در کنترل صفات رشد جوجه‌های بومی داشتند (۲۶). در صفات رشد مانندBW8 ، BW12 و WSM، اهمیت اثرات ژنتیکی مادری و محیط دائم مادری بازتابی از نقش مرغ مادر در کیفیت تخم‌مرغ، ذخایر تغذیه‌ای زرده و شرایط اوایل رشد جوجه است؛ عواملی که تأثیر مستقیمی بر سرعت رشد اولیه دارند (۲۷). برای صفت سن بلوغ جنسی(ASM) ، عدم معنی‌داری اثر مادری نشان می‌دهد که ژنتیک فرد و شرایط عمومی پرورش نقش اصلی را در تعیین زمان بلوغ ایفا می‌کنند. همچنین برای وزن تخم‌مرغ (EW) ، معنی‌داری اثر محیطی دائم مادری و عدم معنی‌داری ژنتیک مادری، بیانگر آن است که کیفیت و اندازه تخم‌مرغ بیشتر تحت تأثیر شرایط بلندمدت مرغ مادر مانند سن، وضعیت تغذیه‌ای و مدیریت قرار می‌گیرد تا اثرات افزایشی ژنتیک مادری.

آن‌ها همچنین نشان دادند که مدلی با دربرگیری اثرات ژنتیکی مستقیم و اثرات محیطی مادری بهترین مدل برایBW8، BW12 و WSM است، که با نتایج مطالعه حاضر مطابقت دارد (۱۸). در پژوهش دیگری توسط سراج و همکاران بر روی مرغ‌های بومی ایران، مشخص شد که اثرات ژنتیکی مادری و محیطی، همراه با کوواریانس میان اثرات ژنتیکی مادری و مستقیم، بر وزن بدن در هشت‌هفتگی اهمیت دارند، که نتایج آن مشابه با یافته‌های این پژوهش است (۱۷). همچنین، یوسفی ذنوز و همکاران گزارش کردند که مدلی شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری، بهترین مدل برای BW8 بود (۱۵). تفاوت‌های مشاهده‌شده بین نتایج پژوهش‌ها ممکن است ناشی از اختلاف‌های نژادی، شرایط محیطی، حجم نمونه‌ها یا تفاوت در روش‌های آماری تحلیل داده‌ها باشد.

برآورد وراثت‌پذیری مستقیم برای صفاتBW8 ، BW12، ASM، WSM، EN و EW از ۰/۱۳ تا ۰/۴۶ متغیر بود و این دامنه بیانگر آن است که انتخاب می‌تواند به بهبود ژنتیکی متوسط تا بالای این صفات منجر شود (۱۲،۱۳،۲۸). اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیطی دائمی مادری نیز نقش مهمی در بهبود صفات وزن بدن (BW8، BW12 و WSM در این جمعیت دارند. برای صفت تعداد تخم‌مرغ (EN) ، اثرات ژنتیکی مادری علاوه بر اثرات افزایشی ژنتیکی مستقیم مهم بودند، در حالی که برای صفت وزن تخم‌مرغ (EW)، اثرات محیطی دائمی مادری در کنار اثرات افزایشی ژنتیکی مستقیم اهمیت داشتند .

بیشترین همبستگی ژنتیکی میان صفات وزن بدن در سن ۸ و ۱۲ هفتگی برآورد شد (۰/۸۶). همچنین همبستگی‌های ژنتیکی بالا و مثبت بین وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی و وزن بدن در زمان بلوغ جنسی (به‌ترتیب ۰/۶۹ و ۰/۸۴) نشان‌دهنده‌ی شباهت زیاد ساختار ژنتیکی این صفات هستند. همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در سنین ۸، ۱۲ و وزن در بلوغ جنسی با سن بلوغ جنسی نیز مثبت بود (به‌ترتیب ۰/۰۷، ۰/۱۴ و ۰/۲۸)، بنابراین افزایش وزن بدن منجر به افزایش نامطلوب سن بلوغ جنسی می‌شود. مطابق گزارش غیاث‌آبادی و همکاران (۲۰۰۸)، همبستگی منفی (۰/۱۱ -) بین صفات رشد و سن بلوغ جنسی مشاهده شد (۱۹). به نظر می‌رسد پرندگانی که قبل از بلوغ رشد بدنی مناسبی دارند، با چنین انتخابی بلوغ زودتر حاصل می‌شود، اما از سوی دیگر تجمع چربی در ناحیه شکمی ممکن است منجر به افزایش سن بلوغ جنسی شود. با عنایت به رشد نسبتاً زیاد مرغ‌های مرکز اصلاح‌نژاد بومی خراسان رضوی نسبت به سایر مراکز کشور، انتخاب در جهت افزایش رشد می‌تواند اثر نامطلوبی بر سن بلوغ جنسی داشته باشد.

در این مطالعه، همبستگی ژنتیکی بین سن بلوغ جنسی و تعداد تخم‌مرغ‌ها منفی بود (۰/۷-)، که مشابه نتایج گزارش‌شده توسط غیاث‌آبادی و همکاران است (۱۹). این همبستگی منفی بدین معناست که با کاهش سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ‌های نسل بعدی افزایش می‌یابد. همبستگی ژنتیکی بین وزن تخم‌مرغ و تعداد آن‌ها نیز منفی برآورد شد (۰/۳-)، و بنابراین تلاش برای افزایش وزن تخم‌مرغ منجر به کاهش تعداد تخم‌مرغ‌های تولیدی می‌شود؛ مشابه گزارش‌های غیاث‌آبادی و همکاران (۰/۲۱-) بود (۱۹)، در حالی‌که جاسوری و همکاران (۲۰۰۹) مقدار این همبستگی را مثبت (۰/۲۱) گزارش کردند (۲۹).

بیشترین همبستگی فنوتیپی مثبت بین وزن بدن در ۸ و ۱۲ هفتگی (۰/۷۲) و بین وزن در ۱۲ هفتگی و وزن در بلوغ جنسی (۰/۵۸) مشاهده شد. همچنین بیشترین همبستگی فنوتیپی منفی بین وزن در بلوغ جنسی و تعداد تخم‌مرغ‌های تولیدی (۰/۴۹-) به‌دست آمد، که مشابه نتایج گزارش‌شده توسط غیاث‌آبادی و جاسوری و همکاران بود (۱۹،۲۹).

در این پژوهش، مقادیر ± ارائه‌شده در جداول ۲ و ۳ به‌عنوان انحراف معیار توزیع پسین پارامترها گزارش شدند؛ این کمیت‌ها در چارچوب تحلیل بیزی نقش جایگزین خطای استاندارد را ایفا می‌کنند. علاوه بر برآوردهای نقطه‌ای، به‌منظور ارائه تصویری جامع‌تر از عدم‌قطعیت آماری، فواصل باوری ۹۵ درصد برای پارامترهای ژنتیکی شامل وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و نیز همبستگی‌ها محاسبه و گزارش گردیدند تا دقت و قابلیت اعتماد نتایج افزایش یابد.

نتایج مطالعه اخیر در سال ۲۰۲۳ نیز تأیید می‌کند که صفات تولیدی تخم‌گذاری تحت تأثیر هر دو مؤلفه ژنتیکی و محیطی مادری قرار دارند (۳۰). بنابراین، در ارزیابی‌های ژنتیکی باید اثرات مادری نیز در مدل‌ها لحاظ شوند تا برآورد دقیق‌تری از ارزش اصلاحی افراد حاصل شود و در نتیجه، انتخاب ژنتیکی کارآمدتر و دقیق‌تری انجام گیرد.

در این پژوهش، با وجود استفاده از داده‌های واقعی و به‌کارگیری مدل‌های متنوع بیزی، چند محدودیت وجود داشت. نخست آنکه داده‌ها تنها شامل سه نسل از جمعیت مرغ بومی مرکز اصلاح‌نژاد خراسان رضوی بودند و تعمیم نتایج به سایر جمعیت‌های بومی کشور نیازمند احتیاط است. دوم، ساختار داده‌ها تا حدی نامتوازن بود و این موضوع ممکن است بر دقت برخی از برآوردهای واریانس و مؤلفه‌های مادری تأثیر گذاشته باشد. سوم، در این مطالعه داده‌های ژنومی در دسترس نبود و بنابراین برآوردهای ژنتیکی تنها بر پایه اطلاعات شجره انجام شد؛ درحالی‌که به‌کارگیری داده‌های ژنومی (مانند Genomic BLUP یا Bayesian Genomic Models) می‌تواند دقت پارامترهای ژنتیکی را در مطالعات آینده افزایش دهد. چهارم، شرایط مدیریتی و تغذیه‌ای گله احتمالاً تا حدی بر تخمین اثرات محیطی دائم مادری اثر گذاشته است. در مجموع، این محدودیت‌ها باید در تفسیر نتایج و نیز در طراحی پژوهش‌های آتی مورد توجه قرار گیرند.

نتیجه‌گیری

در مجموع، نتایج این پژوهش نشان داد که اثرات مادری تأثیر قابل‌توجهی بر صفات اقتصادی در مرغ‌های بومی دارند. برای تمامی صفات به‌جز سن بلوغ جنسی(ASM) ، لازم است در برآورد ارزش‌های اصلاحی، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادری به‌طور هم‌زمان در مدل لحاظ شوند. از آن‌جا که مرغ بومی دارای دو هدف اقتصادی یعنی رشد و تخم‌گذاری است، توجه به درآمد ناشی از رشد در کنار عملکرد تخم‌گذاری اهمیت دارد. با توجه به همبستگی‌های ژنتیکی نامطلوب بین صفات رشد و سن بلوغ جنسی، انتخاب هم‌زمان برای افزایش وزن بدن و کاهش سن بلوغ جنسی و وارد کردن این صفات در شاخص انتخاب، برای بهبود صفات اقتصادی در مرغ‌های بومی این پژوهش ضروری است. به‌طور کلی، با توجه به اثرات نامطلوب صفات رشد و همبستگی ژنتیکی آن‌ها با سن بلوغ جنسی، انتخاب هم‌زمان جهت افزایش وزن بدن و کاهش سن بلوغ جنسی، و وارد کردن این صفات در شاخص انتخاب، امری

ضروری برای بهبود شرایط اقتصادی مرغ‌های بومی خراسان رضوی است.

در راستای پیاده‌سازی نتایج در برنامه‌های اصلاح نژاد، با توجه به وجود همبستگی ژنتیکی مثبت و نامطلوب بین صفات رشد (BW8، BW12 و WSM) و سن بلوغ جنسی (ASM) و با توجه به دومنظوره بودن مرغ‌های بومی، ضروری است که به‌جای انتخاب تک‌صفتی از شاخص‌های انتخاب چندصفتی استفاده شود؛ شاخص‌هایی که بتوانند به‌طور هم‌زمان افزایش وزن بدن و کاهش سن بلوغ جنسی را هدف قرار دهند. همچنین برای دستیابی به برآورد دقیق‌تر ارزش‌های اصلاحی مستقیم و افزایش کارایی برنامه انتخاب، در نظر گرفتن اثرات مادری در مدل‌های ارزیابی ژنتیکی برای تمامی صفات به‌جز (ASM) الزامی است.

Refrences

1. Horst P. Native fowls as reservoir for genomes and major genes with direct and indirect effect on the adaptability and their potential for tropically oriented breeding plans. Archiv Fur Geflugelkunde 1989; 53:93-101. doi: 10.2141/jpsa.010033
2. Ghazikhani Shad A, Nejati Javaremi A, Mehrabani Yeganeh H. Animal model estimation of genetic parameters for most important traits in Iranian native fowls. Pak J Biol Sci 2007; 10:2787-9. doi: 10.3923/pjbs.2007.2787.2789
3. Wang CS, Rutledge JJ, Glanola D. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. Genet Sel Evol 1993; 25:41 62. doi.10.1186/1297-9686-25-1-41
4. Wang CS, Rutledge JJ, Glanola D. Bayesian analysis of the mixed linear model via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. Genet Sel Evol 1994; 26:91 115.
5. Jensen J, Wang CS, Sorensen DA, Gianola D. Bayesian inference on variance and covariance components for traits influenced by maternal and direct genetic effects using the Gibbs sampler. Acta Agric Scand 1994; 44:193 201. doi:10.1080/09064709409410898
6. Van Tassel CP, Van Vleck LD. Multiple trait Gibbs sampler for animal model: flexible program for Bayesian and likelihood based (co)variance component inference. J Anim Sci 1996; 74:2586 97. doi: 10.1007/s11250-019-02008-8. Epub 2019 Jul 17.
7. Meyer K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct maternal environmental covariances. Livest Prod Sci 1997; 52:187 99. doi:10.1016/S0301-6226(97)00144-9
8. Clément V, Bibé B, Verrier E, et al. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. Genet Sel Evol 2001; 33:369 95. doi:10.1186/1297-9686-33-4-369
9. Hartmann C, Johansson K, Strandberg E, Rydhmer L. Genetic correlations between the maternal genetic effect on chick weight and the direct genetic effects on egg composition traits in White Leghorn line. Poult Sci 2003; 82:1 8. doi:10.1093/ps/82.1.1
10. Saatci M, Omed H, Dewi IA. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. Poult Sci 2006; 85:185 90. doi:10.1093/ps/85.2.185
11. Kamali MA, Ghobani SH, Moradi Sharbabak M, Zamiri MJ. Heritability and genetic correlation of economic traits in Iranian native fowl and estimated genetic trend and inbreeding coefficients. Br Poult Sci 2007; 48:443 8. doi:10.1080/00071660701505013
12. Emamgholi Begli H, Zerehdaran S, Hassani S, et al. Heritability, genetic and phenotypic correlations of egg quality traits in Iranian native fowl. Br Poult Sci 2010; 51:740 4. doi:10.1080/00071668.2010.528750
13. Dana N, van der Waaij EH, van Arendonk JAM. Genetic and phenotypic parameter estimates for body weights and egg production in Horro chicken of Ethiopia. Trop Anim Health Prod 2011; 43:21 8. doi:10.1007/s11250-010-9649-4
14. Niknafs S, Nejati Javaremi A, Mehrabani Yeganeh H, Fatemi SA. Estimation of genetic parameters for body weight and egg production traits in Mazandaran native chicken. J Trop Anim Health Prod 2012; 44:1437 43 .doi:10.1007/s11250-012-0084-6
15. Yousefi Zonuz A, Alijani S, Rafat SA, et al. Estimation of maternal effects on the North Iranian native chicken traits using Bayesian and REML methods. Slovak J Anim Sci 2013; 46:52 60.https://office.sjas-journal.org/index.php/sjas/article/view/246
16. Ghorbani S, Kamali MA, Abbasi MA, Ghafouri Kesbi F. Estimation of maternal effects on some economic traits of north Iranian native fowls using different models. J Agr Sci Tech 2012; 14:95 103. https://jast.modares.ac.ir/article_15023_09ee0d0176bfd7a94b7cb9a926ab74cc.pdf
17. Mebratie W, Shirali M, Sapp RL, et al.Genetic parameters for growth, reproductive and survival traits in chickens using models with maternal effect. Poultry Science. 2017;96(11):4001–4010 doi: 10.3382/ps/pex236
18. Salehinasab M, Zerehdaran S, Abbasi MA, et al. Determination of the best model for estimating heritability of economic traits and their genetic and phenotypic trends in Iranian native fowl. Archiv Tierzucht 2013; 56:237 45. doi:10.7482/0003-9438-56-023
19. Daimy Ghiasabady P. Comparison of Bayesian statistical methods, restricted maximum

likelihood (REML) estimation and analysis of genetic parameters of some important economic traits of native chickens Khorasan Province. Iran J Res Prod Livestock 2013; 5:1 13. file:///C:/Users/FARU/Downloads/5003513910501.pdf.

20. MisztalI.REMLF90manual.1999. Availablefro: http://nce.ads.uga.edu/igancy/numpub/bilupf90/docs/remlf90.pdf
21. Meyer K. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. Genetics Selection Evolution. 1998;30(3):221–240. doi: 10.1186/1297-9686-30-3-22
22. Grosso JLBM, Balieiro JCC, Eler JP, et al. Comparison of different models to estimate genetic parameters for carcass traits in a commercial broiler line. Genet Mol Res 2010; 9:908 18. doi: 10.4238/vol9-2gmr773
23. Le Bihan Duval E, Mignon Grasteau S, Millet N, Beaumont C. Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. Br Poult Sci 1998; 39:346 53. doi:10.1080/00071669888881
24. Yang H, Li X, Zhang L, et al.Genetic parameters for egg production and clutch traits in Beijing-You chickens. Br Poult Sci. 2021;62(2):256–262. doi:10.1080/00071668.2020.1867798
25. Saatci M, Omed H, Dewi IA. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. Poult Sci 2006; 85:185 90. doi:10.1093/ps/85.2.185
26. Mebratie W, et al.Genetic parameters for body weight and different definitions of maternal effects on body weight of indigenous chickens.Genet Sel Evol. 2020; 52:6. doi:10.1186/s12711-019-0494-2
27. Lee SH, Van der Werf JHJ. MTG2: An efficient algorithm for multivariate linear mixed model analysis based on genomic information. Bioinformatics. 2016;32(9):1420–1422. doi: 10.1093/bioinformatics/btw012
28. Misztal I, Tsuruta S, Lourenco D, Aguilar I, Legarra A, Vitezica Z. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia. 2018. doi: 10.13140/RG.2.2.31162.21440
29. Jasuri M, Alijani S, Pirani N, et al. Estimate genetic parameters of some economically important traits in birds native to the Caspian using Bayesian statistics. Iran J Res Livestock 2013; 4:163 72. https://pdfs.semanticscholar.org/951d/a554558e0d5bf413a40f1d5db0b0b3b5caca.pdf
30. Ni A, Calus MPL, Bovenhuis H, Yuan J, Wang Y, Sun Y, Chen J.Genetic parameters, reciprocal cross differences, and age-related heterosis of egg-laying performance in chickens.Genet Sel Evol. 2023;55:87. doi:10.1186/s12711-023-00862-7