تجزیه و تحلیل بیزین پارامترهای ژنتیکی برای صفات ایمنی هومورال و باقی‌مانده مصرف خوراک در بلدرچین ژاپنی

- **مژده محمودی‌زرندی**: گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
- **محمد رکوعی***: گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
- **مهدی وفای‌واله**: گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
- **علی مقصودی**: گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران
- **نیکولاس هادسون**: دانشکده کشاورزی و صنایع غذایی، دانشگاه کوئینزلند، بریزبین، استرالیا

تاریخ دریافت: مرداد ۱۳۹۸ تاریخ پذیرش: آبان ۱۳۹۸

چکیده

هدف از این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات ایمنی هومورال (تیتر آنتی‌بادی علیه سلول‌های قرمز خونی گوسفندی (SRBC) و ویروس بیماری نیوکاسل (NDV)) و باقی‌مانده مصرف خوراک از ۲۰ تا ٤٥ روزگی در بلدرچین ژاپنی بود. بدین منظور از تعداد ۲٤۹۲ رکورد صفت باقی‌مانده مصرف خوراک و ٥۲۳۸ رکورد مربوط به صفات ایمنی استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی صفات با استفاده از تجزیه و تحلیل تک و دو صفتی از طریق نمونه‌گیری گیبس برآورد شد. وراثت‌پذیری‌های برآورد شده برای تیتر آنتی‌بادی کل (AbT)، تیتر ایمونوگلوبولین Y (IgY)، تیتر ایمونوگلوبولین M (IgM) و تیتر ایمونوگلوبولین F (IgF) برعلیه SRBC به‌ترتیب برابر ۰/۰۸، ۰/۱٤، ۰/۰۲ و ۰/۲٤ اما وراثت‌پذیری تیتر آنتی‌بادی برعلیه NDV (AbNDV) پایین‌تر از برآوردهای آنتی‌ژن SRBC (h^2=۰/۰٥) بود. وراثت‌پذیری باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین مختلف در دامنه ۰/۰٤ تا ۰/۰۷ به‌دست آمد. همبستگی ژنتیکی بین تیتر آنتی‌بادی کل و IgY مثبت و بالا (۰/۹۲) بود. همبستگی ژنتیکی بین RFI با IgM منفی و با سایر ایمونوگلوبولین‌ها (IgY, AbT, IgF) و NDV مثبت بود. از این مطالعه نتیجه‌گیری می‌شود که انتخاب برای IgF با وراثت‌پذیری ۰/۲٤ به‌دلیل داشتن همبستگی ژنتیکی منفی (۰/۲۳-) با باقی‌مانده مصرف خوراک موجب بهبود این صفت و کاهش هزینه‌ها، عمدتاً مرتبط با بحث خوراک و انتخاب از روی فنوتیپ حیوانات، می‌شود. از طرفی به‌دلیل همبستگی مثبت، متوسط و بالای آن با سایر ایمونوگلوبولین‌ها (۳٤/۸۰-۰/۰) انتخاب آن منجر به کاهش پاسخ‌های ایمنی هومورال در بلدرچین نمی‌شود.

کلمات کلیدی: ایمنی هومورال، باقی‌مانده مصرف خوراک، تیتر آنتی‌بادی، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی، SRBC

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: rokouei@gmail.com

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

مقدمه

پرورش ماکیان در ایران و انتشار آن از طریق این کشور تاریخچه‌ای بسیار کهن دارد. ایران (پرشیا) یک امپراطوری بزرگ از قرن ۵ قبل از میلاد تا تقریبا قرن ۷ میلادی بود و از هند (دهلی) تا دریاهای سیاه و مدیترانه گسترده بود. در آن زمان و بعد از آن، در قرون وسطی ایران در محل تقاطع راه‌ها برای حمل و نقل محصولات، از قبیل ماکیان از شرق به غرب، هم از طریق خشکی و هم از طریق دریا قرار داشت. جنگ‌های زیادی در حوالی ایران و کشورهای همسایه در طی این دوره‌ها نیز توسعه و گسترش جمعیت‌های ماکیان را تسهیل کرد. حفاری‌های باستان‌شناسی حضور ماکیان را در ایران در زمان‌های باستان تأیید کرده است (Mohammadabadi و همکاران، ۲۰۱۰). براساس تحقیقات West و Zhou استخوان‌های یافت شده در ایران در سه منطقه وجود داشته‌اند: دو کشف در تپه یحیی (Tepe Yahya) (جنوب‌شرقی ایران) به‌ترتیب متعلق به ۳۸۰۰ تا ۳۹۰۰ قبل از میلاد و ۱۰۰۰ قبل از میلاد و دیگری در تخت سلیمان (شمال غربی ایران) متعلق به ۱۰۰۰ قبل از میلاد (Mohammadabadi و همکاران، ۲۰۱۰). از طرفی، مصرف گوشت طیور در سراسر جهان متداول بوده و مواد مغذی برای بشر از طریق این غذای سالم فراهم می‌شود. یکی از پرندگانی که در دهه‌های اخیر بسیار مورد توجه پژوهشگران قرار گرفته بلدرچین ژاپنی است. بلدرچین ژاپنی (*Coturnix coturnix japonica*) پرنده‌ای کوچک است که به‌دلیل بلوغ جنسی زودهنگام و رشد سریع، فاصله نسلی کوتاه، نرخ بالای تولید تخم، هزینه‌های نگه‌داری پایین و مقاومت به بیماری‌ها به‌عنوان مدل حیوانی ارزشمندی در تحقیقات نیز درنظر گرفته شده است (Yalcin و همکاران، ۱۹۹۵). در دهه‌های گذشته، بلدرچین ژاپنی (*Coturnix japonica*) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین حیوانات آزمایشگاهی برای تحقیقات علمی در دانشگاه‌ها و ایستگاه‌های تحقیقاتی مورد استفاده قرار گرفته (Cain و Cawely، ۱۹۷۲) و به‌طور گسترده در تحقیقات فیزیولوژی (Balthazartو همکاران، ۲۰۰۳)، رفتارشناسی (Mills و Faure، ۱۹۹۱)، ژنتیک (Jones و همکاران، ۱۹۹۱؛ Moradian و همکاران، ۲۰۱۴؛ Ori و همکاران، ۲۰۱۴؛ Sohrabi و همکاران، ۲۰۱۲) و بیومدیکال استفاده شده است. بلدرچین از لحاظ سیتولوژیکی و مورفولوژیک شباهت زیادی به گونه مرغ دارد. اطلاعات ژنتیکی بلدرچین ژاپنی به‌عنوان حیوانی مهم در صنعت دامپروری در مقایسه با دیگر گونه‌های پرنده نظیر مرغ و بوقلمون بسیار اندک است و دارای نقشه ژنومی بسیار ناقصی می‌باشد که نیاز به مطالعات بیش‌تر دارد (Kayang و همکاران، ۲۰۰۴). به‌علاوه، اخیراً، بلدرچین در کشورهای مختلف تأمین‌کننده سهم قابل توجهی از گوشت و تخم مصرفی انسان‌ها شده است (Kayang و همکاران، ۲۰۰۴). بلدرچین در اروپا عمدتاً برای تولید گوشت، در ژاپن برای تولید تخم (Silva و همکاران، ۲۰۱۳)، و در کشورهای آسیایی ازجمله ایران به‌عنوان حیوانی دومنظوره و برای تولید تخم و گوشت پرورش داده می‌شود (Lotfi و همکاران، ۲۰۱۱). در سطح تجاری، هدف اکثر برنامه‌های اصلاحی بلدرچین انتخاب پرندگانی است که از لحاظ ژنتیکی برای تولید تخم و گوشت مناسب‌ترند. اگرچه، به‌منظور افزایش تولید گوشت بلدرچین، تلاش‌های زیادی برای بهبود عملکرد رشد پرنده‌ها به‌عنوان صفت همبسته صورت گرفته است (Narinc و همکاران، ۲۰۱۳؛ Zerehdaran و همکاران، ۲۰۱۲). برای حداکثر کردن سودمندی سیستم تولیدی بلدرچین ضروری است که صفاتی مانند تولیدمثل و وضعیت سلامتی مورد توجه قرار گیرد. به‌هرحال، ثبت وضعیت سلامتی پرنده‌ها در سطح تجاری ساده نیست. بنابراین، عملکرد ایمنی پرنده‌ها (به‌عنوان شاخص مهمی از وضعیت سلامت) از نظر اقتصادی بسیار مهم بوده، اما به‌علت مشکلات رکوردبرداری در بیش‌تر برنامه‌های اصلاحی از آن چشم‌پوشی می‌شود. یکی از صفاتی که در صنعت پرورش طیور بایستی به آن توجه ویژه داشت صفات مربوط به بازده مصرف خوراک است. تفاوت در خوراک مصرفی در تفاوت در باقی‌مانده مصرف خوراک (RFI) منعکس می‌شود (Luiting و Urff، ۱۹۹۱). باقی‌مانده مصرف‌خوراک به‌عنوان صفتی برای تمایز حیوانات ناکارا از کارا استفاده می‌شود و به‌صورت تفاوت بین خوراک مصرفی مشاهده شده و خوراک مصرفی مورد انتظار تعریف می‌شود. پرندگانی با RFI پایین نسبت به پرندگانی با RFI بالا، خوراک کم‌تری برای به‌دست آوردن وزن یکسان و سطح تولیدی یکسان مصرف می‌کنند و بنابراین تولیدکنندگان کاراتری نسبت به پرندگان با RFI بالا هستند. در برآورد صفت ضریب تبدیل خوراک (FCR) به این دلیل که از تقسیم دو صفت به هم برآورد می‌شود بخشی از واریانس از دست می‌رود و به‌همین دلیل وراثت پذیری کم‌تری نسبت به صفت باقی‌مانده مصرف خوراک دارد. در صفت باقی‌مانده مصرف خوراک تمامی روابط به‌صورت جمع، تفریق و ضرب هستند و این مشکل به‌وجود نمی‌آید. از طرفی، RFI صفت بهتری نسبت به FCR است زیرا FCR فقط خوراک مصرفی و صفات تولیدی را استفاده می‌کند، درحالی‌که RFI با در نظر گرفتن وزن بدن متابولیکی هزینه‌های نگه‌داری را هم به‌حساب می‌آورد (Van Eerden، ۲۰۰۷). هدف برنامه‌های اصلاحی مدرن برای حیوانات مزرعه‌ای تولید کارامد و در عین حال ایمن، سالم و بی‌خطر شیر، گوشت یا تخم با کم‌ترین هزینه‌های نگه‌داری است. پایین بودن هزینه‌های نگه‌داری منجر به باقی‌ماندن بیش‌تر انرژی می‌شود و این انرژی باقی‌مانده می‌تواند به‌طور بالقوه صرف تولید بیش‌تر حیوان شود. براساس نظریه تئوری تخصیص منابع (Beilharz و همکاران، ۱۹۹۳)، در شرایط محدودیت محیطی، حیوانات بسته‌ای از منابع محدود را دارا

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

می‌باشند، به این معنی که منابعی که برای یک عملکرد استفاده می‌شوند، برای عملکردهای دیگر در دسترس نیستند. طبق این نظریه و به‌دلیل محدودیت در منابع، تعادل در میان تقاضاهای فردی مهم است و حیوانات مجبورند جهت تخصیص منابع و تقاضا برای صفات حیاتی و به‌دست آوردن حداکثر شایستگی، بررسی و گزینش داشته باشند. نگه‌داری، رشد، تولیدمثل و ایمنی به‌عنوان اصلی‌ترین طبقه تخصیص منابع در موجودات مورد توجه قرار می‌گیرند (Siegel و Honaker، ۲۰۰۹). بر این اساس، انتخاب مصنوعی طولانی مدت برای یک‌صفت اقتصادی به‌خصوص در بیش‌تر گله‌های تجاری طیور تخصیص منابع به هر تقاضایی را تغییر داده است (Zhao و همکاران، ۲۰۱۲). سالیان سال اصلاح حیوانات بر روی حداکثر کردن صفات تولیدی تمرکز داشته است. بنابراین، این فرض عجیب نیست که حیوانات مزرعه‌ای از لحاظ ژنتیکی طوری برنامه‌ریزی شدند که سهم بزرگی از منابع را برای صفات تولیدی و کاهش توانایی خود به پاسخ به دیگر تقاضاها ازجمله عملکرد سیستم ایمنی تخصیص دادند (Dunnington، ۱۹۹۰). متعارف‌ترین آنتی‌ژن برای ارزیابی پاسخ ایمنی هومورال در طیور سلول‌های گلبول‌های قرمز خون گوسفندی (SRBC) و واکسن‌هایی از قبیل ویروس بیماری نیوکاسل (NDV) است. از این‌رو، گزارش‌هایی در رابطه با برآورد پارامترهای ژنتیکی پاسخ ایمنی هومورال برعلیه SRBC (Van Der Zijpp و Leenstra، ۱۹۸۰؛ Leitner و همکاران، ۱۹۹۲؛ Pinard و همکاران، ۱۹۹۲؛ Bovenhuis و همکاران، ۲۰۰۲؛ Mohammadi-Tighsiah و همکاران، ۲۰۱۸)، و تیتر آنتی‌بادی بر علیه NDV (Lwelamira و همکاران، ۲۰۰۹؛ Lwelamira، ۲۰۱۲؛ Mohammadi-Tighsiah و همکاران، ۲۰۱۸)، وایمنی هومورال طبیعی (Wijga و همکاران، ۲۰۰۹؛ Bao و همکاران، ۲۰۱۶) در پرندگان وجود دارد. Demas و همکاران (۲۰۱۱) و Moller و همکاران (۱۹۹۸)، نیز برای بررسی پاسخ ایمنی از آنتی‌ژن‌های مصنوعی، گلبول قرمز خون گوسفندی (SRBC) در طیور استفاده و ارتباط پاسخ ایمنی را با وزن بدن بررسی کردند. مطالعات چندی وجود همبستگی مثبت بین صفات تولیدی معین و بیماری‌ها به‌عنوان مثال، بین وزن بدن و تخم و شیوع مرگ و میر در اثر بیماری مارک را نشان دادند (Pinard و همکاران، ۱۹۹۳). این نتایج به این موضوع اشاره دارند که اگر انتخاب فقط برای صفات تولیدی به‌خصوصی باشد منجر به افزایش حساسیت به بیماری‌ها می‌شود (Pinard و همکاران، ۱۹۹۳) و در بلند مدت این انتخاب ممکن است منجر به افزایش مرگ و میر، تلفات تولید و افزایش نیاز به تجویز دارو شود (Dunnington و همکاران، ۱۹۹۲). در کنار مزایای اقتصادی ناشی از بهبود مقاومت به بیماری‌ها، احتمال کاهش تجویز دارو، سلامت عمومی، کیفیت تولید و رفاه حیوان است (Pinard و همکاران، ۱۹۹۳). بهبود مقاومت به بیماری‌ها از طریق انتخاب طیور برای افزایش پاسخ ایمنی ممکن است. از آن‌جایی‌که در بلدرچین لاین وجود ندارد و پرورش بلدرچین‌های مولد و گوشتی در اغلب مزارع به‌طور توام انجام می‌شود. بنابراین لازم است که تمامی پرورش‌دهندگان بلدرچین، با سیستم رکوردگیری آشنا شده و در مزرعه خود بهبود ژنتیکی را ایجاد کنند. این مسئله برای هر پرورش‌دهنده‌ای در ایران که بلدرچین مولد داشته و قصد بهبود عملکرد پرندگان را دارد مفید می‌باشد. از این‌رو، وجود اطلاعات کافی برای پرورش‌دهندگان در زمینه پارامترهای ژنتیکی نظیر وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی مربوط به صفات ایمنی و باقی‌مانده مصرف خوراک در بلدرچین ژاپنی جهت ارائه برنامه اصلاح نژادی مؤثر ضروری است. با توجه به این‌که ثبت رکوردهای مربوط به ایمنی و هم‌چنین باقی‌مانده مصرف خوراک در طیور کاری بسیار دشوار است، تا آن‌جاکه نویسندگان می‌دانند، تاکنون گزارشی برای برآورد همبستگی ژنتیکی بین ایمنی هومورال و باقی‌مانده مصرف خوراک در بلدرچین‌ها گزارش نشده است. برهمین اساس، هدف مطالعه حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی (وراثت‌پذیری و همبستگی) صفت RFI و هم‌چنین پاسخ ایمنی هومورال (تیترآنتی‌بادی بر علیه SRBC و NDV) در بلدرچین ژاپنی از طریق تجزیه و تحلیل بیزین چندصفته بود.

مواد و روش‌ها

مطالعه حاضر در پژوهشکده دام‌های خاص دانشگاه زابل اجرا شد. داده‌ها و اطلاعات شجره جمع‌آوری شده مربوط به پنج نسل بود. در هر نسل تخم‌ها به‌مدت ۱۲ روز از ۷۰ روزگی تا ۸۲ روزگی جمع‌آوری و براساس شماره پدر و مادر شماره‌گذاری شد. تعداد ۲۵۲۴ تخم جمع‌آوری شده از ۵۴۳ قطعه بلدرچین ژاپنی پس از ضدعفونی در دو نوبت به دستگاه جوجه‌کشی انتقال و به‌مدت ۱۴ روز در ستر و سپس به‌مدت ۳ روز در هچر قرار داده شدند. در روز اول، پس از وزن‌کشی، شماره شناسایی به بال هر پرنده نصب شده، سپس پرندگان به اتاقی که دمای آن ۳۷-۳۵ درجه سانتی‌گراد بود انتقال داده شدند. آب و غذا به‌طور اختیاری در اختیار پرنده‌ها قرار داده شد. جیره براساس توصیه‌های تغذیه‌ای NRC (۱۹۹۴) فرموله شد و در طی دوره آزمایش برنامه نوردهی سالن به‌صورت پیوسته (۲۴ ساعت روشنایی) بود. تعداد ۲۲۰ قطعه بلدرچین از سن ۲۰ روزگی به قفس‌های انفرادی انتقال داده شدند. تعداد پرندگان انتخاب شده در نتیجه محدود بودن تعداد قفس‌های انفرادی بود. بلدرچین‌ها به‌طور انفرادی در فواصل پنج روز (۲۰، ۲۵، ۳۰، ۳۵، ۴۰ و ۴۵ روزگی) با استفاده از ترازوی دیجیتالی (۰/۱±گرم) وزن‌کشی شدند. از دو ساعت قبل از

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

هر نوبت وزن‌کشی خوراک پرنده‌ها قطع شده و در این فواصل پنج روزه باقی‌مانده خوراک مصرفی هر پرنده نیز ثبت و یادداشت شد و RFI (Residual Feed Intake) مربوطه محاسبه شد. از آن‌جایی‌که، اندازه‌گیری‌ها در فاز اول (هچ تا ۲۰ روزگی) به‌صورت گروهی بود و می‌توانست به تخمین اریب پارامترهای ژنتیکی منجر شود باقی‌مانده مصرف خوراک در فاز اول (یعنی تا ۲۰ روزگی) مورد استفاده قرار نگرفت و تنها داده‌های باقی‌مانده مصرف خوراک انفرادی که از روز ۲۰ به بعد جمع‌آوری شد مورد استفاده قرار گرفت. با توجه به وزن انفرادی هر پرنده در فواصل پنج روز از سن ۲۰ تا ۴۵ روزگی، افزایش وزن بدن در دوره‌های جزئی: ۲۰ تا ۲۵ روزگی (BWG20-25)، ۲۵ تا ۳۰ روزگی(BWG25-30)، ۳۰ تا ۳۵ روزگی(BWG30-35)، ۳۵ تا ۴۰ روزگی (BWG35-40)و ۴۰ تا ۴۵ روزگی (BWG40-45)، افزایش وزن بدن در کل دوره: ۲۰ تا ۴۵ روزگی (BWG20-45) محاسبه گردید. برای‌محاسبه RFI از رابطه ۱ استفاده‌شد(Aggrey و همکاران، ۲۰۱۰):

رابطه ۱: $$RFI = FI - [a + (b1 \times BW0.75) + (b2 \times BWG)]$$

در این رابطه، FI: میزان خوراک مصرفی مشاهده شده در طول دوره، a: عرض از مبدا، b1 و b2: ضرایب رگرسیون جزئی FI بر روی BW0.75 و BWG، و BWG: افزایش وزن بدن در طول دوره بود. برای تعیین ایمنی هومورال در هر نسل، همه پرندگان در ۲۴ روزگی با واکسن سویه NDV-B1 و روش چکاندن قطره در مردمک چشم واکسینه شدند (Razi Co, Karaj, Iran). به‌علاوه، برای اندازه‌گیری پاسخ ایمنی هومورال ثانویه، هر پرنده در ۳۱ و ۳۸ روزگی میزان ۰/۲ میلی‌لیتر SRBC ۵ درصد محلول در بافر فسفات سالین استریل (PBS) به‌وسیله تزریق درون ماهیچه‌ای در ماهیچه سمت چپ سینه دریافت کرد (Mohammadi-Tighsiah و همکاران، ۲۰۱۸). نمونه‌های خون از ورید بال پرنده در ۴۵ روزگی در تیوب‌های حاوی EDTA جمع‌آوری شد. نمونه‌های خون بلافاصله در یخ نگه‌داری و سپس به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد با دور ۲۵۰۰ سانتریفیوژ و پلاسمای حاصل در ۸۰- درجه سانتی‌گراد تا زمان تجزیه و تحلیل آنتی‌بادی‌نگه‌داری شد. تیتر آنتی‌بادی برعلیه ویروس ND (AbNDV) با استفاده از تست مهارکننده هماگلوتنین (HI) براساس دستورالعمل Cunningham (۱۹۷۱)، اندازه‌گیری شد. دو سری رقت‌سازی شده از پلاسمای غیرفعال شده در دمای بالا (۵۶ درجه سانتی‌گراد) ساخته شد که در یک‌سری از PBS (۰/۰۱ مول/لیتر و pH برابر با ۷/۴) برای اندازه‌گیری آنتی‌بادی کل (AbT) و دیگری از PBS با ۱/۴ درصد ۲- مرکاپتواتانول برای تعیین تیتر آنتی‌بادی ایمنوگلوبولین Y (IgY) برعلیه SRBC استفاده شد. تیتر IgM از کم کردن تیتر IgY از AbT به‌دست آمد. تیتر AbT، IgY و IgM در آنتی‌ژن SRBC به‌صورت Log 2 براساس دستورالعمل Wegmann و Smithies(۱۹۶۶)بیان شد. برای هر نمونه پلاسما، تمام آزمایشات ایمنی هومورال دو بار و در میکروپلیت‌هایی‌با ۹۶چاهک انجام شد. بنابراین، پاسخ ایمنی هومورال اولیه برعلیه ویروس NDV (۲۱ روز پس از واکسیناسیون) و پاسخ ایمنی هومورال ثانویه برعلیه SRBC (۷ و ۱۴ روز پس از ایمن‌سازی) اندازه‌گیری شده‌اند. پس از ثبت صفات ایمنی، به‌منظور تعیین شاخص برآیند عملکرد سیستم ایمنی از رابطه زیر استفاده شد:

رابطه ۲: $$IgF = IgYz + IgMz + IgNz$$

که در این رابطه IgF برآیند عملکرد سیستم ایمنی هومورال، IgYz، IgMz و IgNz ارزش‌های استاندارد شده هریک از مقایسه عملکرد سیستم ایمنی‌هومورال(به‌ترتیب IgY، IgM و IgN)است.بعداز ویرایش داده‌ها، ساختار داده‌های مورد استفاده به‌صورت جدول ۱ بود.

جدول ۱: آماره توصیفی صفات ایمنی و باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین مختلف

صفات	تعداد مشاهدات	میانگین	حداقل	حداکثر	انحراف استاندارد	خطای استاندارد	ضریب تغییرات (درصد)
RFI20-25 [a]	۴۹۶	۰	-۷۴/۸۲	۱۴۳/۴۸	۳۰/۹۸	۱/۳۹	-
RFI25-30 [a]	۵۰۰	۰	-۱۰۵/۱۵	۱۲۳/۵۹	۳۷/۷۴	۱/۶۸	-
RFI30-35 [a]	۴۹۸	۰	-۹۹/۶۷	۱۲۶/۵۴	۳۲/۹۲	۱/۴۷	-
RFI35-40 [a]	۴۷۶	۰	-۸۱/۹۲	۱۷۱/۳۵	۳۳/۶۸	۱/۵۴	-
RFI40-45 [a]	۲۲۷	۰	-۱۲۳/۶۵	۱۳۱/۳۴	۵۴/۰۹	۳/۵۹	-
RFI20-45 [a]	۲۹۵	۰	-۲۸۹/۴۲	۳۰۸/۷۸	۱۲۳/۷۸	۷/۲۱	-
AbT [b]	۱۰۸۷	۴/۲۱	۰/۵۰	۱۱/۵۰	۱/۶۷	۰/۰۵	۳۹/۶۶
IgY [c]	۱۰۷۲	۲/۹۶	۰/۵۰	۹/۰۰	۱/۵۲	۰/۰۴	۴۷/۸۵
IgM [d]	۱۰۸۷	۱/۳۰	۰/۵۰	۹/۰۰	۱/۰۰	۰/۰۳	۷۶/۸۹
AbNDV [e]	۹۰۵	۷/۶۶	۱/۰۰	۱۲/۰۰	۲/۰۷	۰/۰۷	۲۶/۹۹
IgF [f]	۱۰۸۷	۵/۷۷	-۲۹/۵۷	۱۲/۶۶	۲/۵۹	۰/۰۸	۴۴/۹۴

a: باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین ۲۰ تا ۲۵ روزگی، ۲۵ تا ۳۰ روزگی، ۳۰ تا ۳۵ روزگی، ۳۵ تا ۴۰ روزگی، ۴۰ تا ۴۵ روزگی و ۲۰ تا ۴۵ روزگی، b: آنتی‌بادی کل، c: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین Y، d: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین M، e: تیتر آنتی‌بادی برعلیه ویروس نیوکاسل، f: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین F.

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

بعد از ویرایش داده‌ها، ابتدا مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفات با استفاده از تجزیه و تحلیل تک صفتی برآورد گردید. سپس همبستگی ژنتیکی و باقی‌مانده بین صفات با استفاده از تجزیه و تحلیل دو صفته برآورد گردید. مدل چند صفتی مورد استفاده به شکل ماتریسی به‌صورت رابطه ۳ بود:

رابطه ۳: $y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i$

که در آن y_i بردار مشاهدات برای i امین صفت (باقی‌مانده مصرف خوراک و ایمنی هومورال)، b_i بردار اثرات ثابت (جنس، نسل و هچ) برای i امین صفت، a_i بردار تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی برای i امین صفت، X_i و Z_i به‌ترتیب ماتریس‌های ارتباط‌دهنده مشاهدات به اثرات ثابت و ژنتیکی افزایشی تصادفی برای i امین صفت و e_i بردار اثرات تصادفی باقی‌مانده برای i امین صفت است. فرض می‌شود اثرات ژنتیکی افزایشی و واریانس باقی‌مانده (اثرات تصادفی) به‌طور نرمال با فرض‌های زیر توزیع شده‌اند: $E[y]=Xb;\ a\sim N(0, A\sigma_a^2)$ و $e\sim N(0, I\sigma_e^2)$ که A ماتریس ارتباط‌دهنده اثرات ژنتیکی افزایشی و I ماتریس واحد می‌باشد. ساختار کوواریانس اثرات تصادفی به صورت رابطه ۴ بود:

رابطه ۴: $$var\begin{bmatrix}a\\e\end{bmatrix}=\begin{bmatrix}G \otimes A & 0\\ 0 & R \otimes IN\end{bmatrix},$$

که R, A, G و I به‌ترتیب ماتریس (کو)واریانس اثرات ژنتیکی افزایشی، ماتریس ارتباط‌دهنده، ماتریس (کو)واریانس اثرات باقی‌مانده، ماتریس واحد هستند. به‌علاوه $\otimes$ ضرب کرونر و N شماره حیوانات دارای رکورد است. تعداد ۵۰۰۰۰۰ نمونه با دوره قلق‌گیری ۵۰۰۰۰ و فاصله نمونه‌گیری ۱۰۰ تولید گردید و بعد از به همگرایی رسیدن تجزیه و تحلیل‌ها، از نمونه‌های تولید شده، مؤلفه (کو)واریانس به‌دست آمده و همبستگی ژنتیکی صفات برآورد گردید. تجزیه و تحلیل صفات توسط روش نمونه‌گیری گیبس (Gibbs sampling) با استفاده از نرم‌افزار Gibbs3F90، Misztal و همکاران (۲۰۰۲) و کنترل همگرایی رسیدن تجزیه و تحلیل‌ها توسط Postgibbsf90 انجام گرفت.

نتایج

جدول ۲ مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری به‌دست آمده برای صفات مختلف را نشان می‌دهد. چنان‌چه مشاهده می‌شود وراثت‌پذیری برای باقی‌مانده مصرف خوراک در دوره‌های مختلف پایین برآورد گردید که نشان‌دهنده این است که انتخاب ژنتیکی برای این صفات در کوتاه مدت باعث بهبود نشده و باید عوامل محیطی جهت بهبود صفات مورد توجه قرار گیرد. میزان وراثت‌پذیری برای صفات ایمنی نیز پایین بود به‌استثنای IgY و IgF که دارای وراثت‌پذیری بالای ۱۰ درصد بودند. با توجه به بالا بودن وراثت‌پذیری (۰/۲۴) برای صفت IgF، انتخاب ژنتیکی برای این صفت می‌تواند در بهبود ایمنی مؤثر واقع شود.

جدول ۲: تجزیه و تحلیل تک صفتی مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفات ایمنی و باقی‌مانده مصرف خوراک در دوره‌های مختلف

صفات	انحراف استاندارد± واریانس ژنتیکی افزایشی	انحراف استاندارد ± واریانس فنوتیپی	انحراف استاندارد ± وراثت‌پذیری
AbT [a]	۰/۱۸ ± ۰/۱۱	۲/۲۰ ± ۰/۰۹	۰/۰۸ ± ۰/۰۵
IgY [b]	۰/۲۳ ± ۰/۰۹	۱/۶۰ ± ۰/۰۷	۰/۱۴ ± ۰/۰۵
IgM [c]	۰/۰۲ ± ۰/۰۲	۰/۹۱ ± ۰/۰۴	۰/۰۲ ± ۰/۰۲
AbNDV [d]	۰/۱۴ ± ۰/۱۱	۳/۱۳ ± ۰/۱۵	۰/۰۵ ± ۰/۰۴
IgF [e]	۱/۴۲ ± ۰/۳۹	۵/۹۵ ± ۰/۲۷	۰/۲۴ ± ۰/۰۶
RFI20-25 [f]	۳۳/۴۸ ± ۳۲/۹۳	۷۸۲/۲۱ ± ۵۱/۸۲	۰/۰۴ ± ۰/۰۴
RFI25-30 [f]	۴۸/۸۰ ± ۵۰/۲۷	۱۰۶۱/۵۰ ± ۶۹/۳۱	۰/۰۵ ± ۰/۰۵
RFI30-35 [f]	۵۰/۰۱ ± ۴۶/۷۷	۱۰۴۳/۶۰ ± ۶۸/۲۸	۰/۰۵ ± ۰/۰۴
RFI35-40 [f]	۷۲/۵۶ ± ۵۵/۹۹	۱۰۷۶/۸۰ ± ۷۱/۶۴	۰/۰۷ ± ۰/۰۵
RFI40-45 [f]	۲۲۰/۹۳ ± ۲۰۶/۶۶	۳۰۶۹/۶۰ ± ۳۰۰/۲۰	۰/۰۷ ± ۰/۰۶
RFI20-45 [f]	۱۰۷۴/۷۰ ± ۹۳۶/۸۷	۱۵۸۴۸/۰۰ ± ۱۳۲۳/۹۰	۰/۰۷ ± ۰/۰۶

a: آنتی‌بادی کل، b: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین Y، c: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین M، d: تیتر آنتی‌بادی برعلیه ویروس نیوکاسل، e: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین F، f: باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین ۲۰ تا ۲۵ روزگی، ۲۵ تا ۳۰ روزگی، ۳۰ تا ۳۵ روزگی، ۳۵ تا ۴۰ روزگی، ۴۰ تا ۴۵ روزگی و ۲۰ تا ۴۵ روزگی.

جدول ۳ همبستگی‌های ژنتیکی و باقی‌مانده به‌دست آمده بین صفات ایمنی مختلف را نشان می‌دهد. همان‌طورکه مشاهده می‌شود همبستگی ژنتیکی مثبت و بالایی بین AbT و IgY (۰/۹۲)، همبستگی ژنتیکی مثبت و متوسط بین AbT و IgM (۰/۵۰) و همبستگی ژنتیکی مثبت و متوسط بین AbT و IgF (۰/۵۲) برآورد شده است. بنابراین بیش‌ترین همبستگی ژنتیکی بین تیتر آنتی‌بادی کل و IgY مشاهده شد. از طرفی، همبستگی ژنتیکی بین AbT و AbNDV مثبت و پایین و برابر ۰/۰۱ برآورد شد. با توجه به این‌که همبستگی ژنتیکی

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

جدول ۳: همبستگی ژنتیکی (±انحراف استاندارد) (قطر بالا) و همبستگی باقی‌مانده (±انحراف استاندارد) (قطر پایین) بین صفات ایمنی

صفات	AbT	IgY	IgM	AbNDV	IgF	RFI20-45
AbT [a]		۰/۹۲ ± ۰/۰۴	۰/۵۰ ± ۰/۱۵	۰/۰۱ ± ۰/۱۹	۰/۵۲ ± ۰/۱۳	۰/۱۷ ± ۰/۶۸
IgY [b]	۰/۷۴ ± ۰/۰۲		۰/۱۴ ± ۰/۱۷	−۰/۰۷ ± ۰/۲۲	۰/۳۴ ± ۰/۱۹	۰/۴۵ ± ۰/۵۹
IgM [c]	۰/۵۳ ± ۰/۰۳	−۰/۱۸ ± ۰/۰۴		۰/۲۰ ± ۰/۲۴	۰/۵۸ ± ۰/۱۸	−۰/۳۳ ± ۰/۶۳
AbNDV [d]	۰/۰۳ ± ۰/۰۴	۰/۰۷ ± ۰/۰۵	−۰/۰۵ ± ۰/۰۴		۰/۸۰ ± ۰/۰۸	۰/۱۱ ± ۰/۶۴
IgF [e]	۰/۵۰ ± ۰/۰۴	۰/۳۳ ± ۰/۰۵	۰/۳۲ ± ۰/۰۴	۰/۵۹ ± ۰/۰۳		−۰/۲۳ ± ۰/۵۹
RFI20-45 [f]	−۰/۳۶ ± ۰/۲۰	−۰/۰۷ ± ۰/۲۱	−۰/۱۷ ± ۰/۱۳	۰/۰۵ ± ۰/۷۲	−۰/۱۲ ± ۰/۱۰	

a: آنتی‌بادی کل، b: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین Y، c: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین M، d: تیتر آنتی‌بادی برعلیه ویروس نیوکاسل، e: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین F، f: باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین ۲۰ تا ۴۵ روزگی.

AbNDV و IgF مثبت و بالا (۰/۸۰) برآورد شد می‌توان نتیجه گرفت که انتخاب براساس IgF می‌تواند منجر به تیترهای بالایی برعلیه ویروس بیماری نیوکاسل هم بشود. جدول ۴ همبستگی‌های ژنتیکی و باقی‌مانده بین صفات باقی‌مانده مصرف خوراک در دوره‌های مختلف با صفات ایمنی را نشان می‌دهد. همبستگی ژنتیکی بین RFI20-45 با تیترهای آنتی‌بادی برعلیه SRBC و تیتر نیوکاسل کم تا متوسط (۰/۰-۱۱/۴۵) و به‌استثنا IgM (۰/۳۳-) و IgF (۰/۲۳-) مثبت بود. که این همبستگی منفی IgM و IgF با RFI به این موضوع اشاره دارد که کاهش RFI سبب افزایش تیتر آنتی‌بادی‌های مذکور می‌شود. در این مطالعه با بررسی همبستگی ژنتیکی بین RFI در سنین مختلف با AbT، IgY، IgM، IgF، AbNDV این‌گونه به‌نظر می‌رسد که نتایج این همبستگی در سنین ۴۵-۴۰ برابر با کل دوره (۲۰-۴۵ روزگی) است. بر این اساس به‌منظور بررسی پارامترهای ژنتیکی در کل دوره (۲۰-۴۵ روزگی) پرورش می‌توان سنین ۴۵-۴۰ روزگی را مبنا اندازه‌گیری‌ها قرار داد. از نقطه نظر همبستگی‌های باقی‌مانده هم دقیقاً نتایج یکسانی به‌دست آمد. هم‌چنین اعداد همبستگی‌های باقی‌مانده کم‌تر از همبستگی ژنتیکی است. برآورد همبستگی ژنتیکی بین صفات RFI در سنین مختلف با IgM و IgF به‌استثنا ۴۵-۴۰ روزگی (به‌ترتیب ۰/۳۳- و ۰/۲۳-) مثبت و متوسط و به‌ترتیب در دامنه ۰/۱۷ تا ۰/۳۵ برای IgM و ۰/۰۳ تا ۰/۵۲ برای IgF برآورد شد. و همبستگی ژنتیکی بین صفات RFI با AbNDV به‌جز در دوره ۳۵-۳۰ روزگی (۰/۰۸-) مثبت و پایین و در دامنه ۰/۱۱ تا ۰/۲۳ برآورد شد. از نظر همبستگی‌های باقی‌مانده تیترهای IgM نسبتاً بالاتر از IgY است. همبستگی‌های باقی‌مانده در IgM با همبستگی‌های ژنتیکی از نظر علامتی با هم برابر و از لحاظ مقداری کوچک‌تر بودند.

جدول ۴: برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و باقی‌مانده (±انحراف استاندارد) بین صفات باقی‌مانده مصرف خوراک (RFI) با صفات ایمنی

صفت ۱	صفت ۲	انحراف استاندارد±همبستگی ژنتیکی	انحراف استاندارد±همبستگی باقیمانده
RFI20-25 [f]	AbT [a]	۰/۱۰ ± ۰/۷۰	۰/۰۷ ± ۰/۰۸۰
RFI25-30 [f]		−۰/۰۴ ± ۰/۷۲	۰/۰۵ ± ۰/۱۰
RFI30-35 [f]		۰/۷۱ ± ۰/۳۷	−۰/۰۵ ± ۰/۰۹
RFI35-40 [f]		−۰/۵۰ ± ۰/۵۲	۰/۰۷ ± ۰/۰۹
RFI40-45 [f]		۰/۱۷ ± ۰/۶۸	−۰/۳۶ ± ۰/۲۰
RFI20-45 [f]		۰/۱۷ ± ۰/۶۸	−۰/۳۶ ± ۰/۲۰
RFI20-25 [f]	IgY [b]	−۰/۴۰ ± ۰/۵۸	۰/۰۲ ± ۰/۰۹
RFI25-30 [f]		−۰/۵۶ ± ۰/۴۹	۰/۰۲ ± ۰/۱۱
RFI30-35 [f]		۰/۴۳ ± ۰/۵۹	−۰/۲۲ ± ۰/۰۹
RFI35-40 [f]		−۰/۴۵ ± ۰/۵۶	−۰/۰۲ ± ۰/۱۰
RFI40-45 [f]		۰/۴۵ ± ۰/۵۹	−۰/۰۷ ± ۰/۲۱
RFI20-45 [f]		۰/۴۵ ± ۰/۵۹	−۰/۰۷ ± ۰/۲۱
RFI20-25 [f]	IgM [c]	۰/۲۸ ± ۰/۶۷	۰/۰۸ ± ۰/۰۶
RFI25-30 [f]		۰/۳۵ ± ۰/۶۶	۰/۰۵ ± ۰/۰۷
RFI30-35 [f]		۰/۱۸ ± ۰/۴۳	۰/۱۳ ± ۰/۰۷
RFI35-40 [f]		۰/۱۷ ± ۰/۷۰	۰/۰۹ ± ۰/۰۷
RFI40-45 [f]		−۰/۳۳ ± ۰/۶۳	−۰/۱۷ ± ۰/۱۳
RFI20-45 [f]		−۰/۳۳ ± ۰/۶۳	−۰/۱۷ ± ۰/۱۳
RFI20-25 [f]	AbNDV [d]	۰/۱۳ ± ۰/۵۸	−۰/۰۵ ± ۰/۰۹
RFI25-30 [f]		۰/۲۳ ± ۰/۷۰	−۰/۰۳ ± ۰/۱۲
RFI30-35 [f]		−۰/۰۸ ± ۰/۶۰	−۰/۰۷ ± ۰/۱۰
RFI35-40 [f]		۰/۱۴ ± ۰/۵۹	−۰/۱۴ ± ۰/۰۹
RFI40-45 [f]		۰/۱۱ ± ۰/۶۴	۰/۰۵ ± ۰/۷۲
RFI20-45 [f]		۰/۱۱ ± ۰/۶۴	۰/۰۵ ± ۰/۷۲
RFI20-25 [f]	IgF [e]	۰/۲۶ ± ۰/۶۲	۰/۰۳ ± ۰/۰۸
RFI25-30 [f]		۰/۰۳ ± ۰/۶۸	۰/۰۹ ± ۰/۰۸
RFI30-35 [f]		۰/۵۲ ± ۰/۵۱	−۰/۰۵ ± ۰/۰۸
RFI35-40 [f]		۰/۲۵ ± ۰/۴۹	۰/۰۱ ± ۰/۰۸
RFI40-45 [f]		−۰/۲۳ ± ۰/۵۹	−۰/۱۲ ± ۰/۱۰
RFI20-45 [f]		−۰/۲۳ ± ۰/۵۹	−۰/۱۲ ± ۰/۱۰

a: آنتی‌بادی کل، b: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین Y، c: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین M، d: تیتر آنتی‌بادی برعلیه ویروس نیوکاسل، e: تیتر آنتی‌بادی ایمونوگلوبولین F، f: باقی‌مانده مصرف خوراک در سنین ۲۰ تا ۲۵ روزگی، ۲۵ تا ۳۰ روزگی، ۳۰ تا ۳۵ روزگی، ۳۵ تا ۴۰ روزگی، ۴۰ تا ۴۵ روزگی و ۲۰ تا ۴۵ روزگی.

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

بحث

بیماری نیوکاسل بیماری ویروسی، به‌شدت واگیردار و مهلک برای اکثر گونه‌های طیور در سرتاسر جهان است و می‌تواند موجب مرگ و میر صد در صدی در گله و تلفات اقتصادی فاجعه‌باری شود. اگرچه توانایی پرنده برای تولید آنتی‌بادی برعلیه این ویروس کشنده بسیار مفید است. گزارش‌ها نشان داده‌اند که تیتر AbNDV وراثت‌پذیر و انتخاب برای تولید پرندگان مقاوم‌تر امکان‌پذیر است (Lwelamira و همکاران، ۲۰۰۹؛ Lwelamira، ۲۰۱۲).در مطالعه‌ای که توسط Tianfei Liu و همکاران (۲۰۱۴) در جمعیت پرندگان آمیخته اجرا شد وراثت پذیری برآورد شده برای AbNDV در تجزیه و تحلیل مدل‌های تک صفته و چندصفته به‌ترتیب برابر با ۰/۴۷۸ و ۰/۴۸۷ گزارش شد که وراثت‌پذیری بالایی است. Sacco و همکاران (۱۹۹۴) وراثت‌پذیری AbNDV در جمعیت بوقلمون‌های خالص را ۰/۳۰ گزارش کردند. Mohammadi-Tighsiahوهمکاران(۲۰۱۸)وراثت‌پذیری تیتر آنتی‌بادی علیه نیوکاسل (AbNDV) را در جمعیت بلدرچین ژاپنی برابر ۰/۱۷ گزارش کردند. این نتایج بسیار بالاتر از وراثت‌پذیری برآورد شده در تحقیق حاضر ۰/۰۵ است هرچند جمعیت‌های مختلف وراثت‌پذیری‌های متفاوتی برای AbNDV دارند. در مطالعه‌ای که توسط Sun و همکاران (۲۰۱۳b)بر روی تیترهای آنتی‌بادی درجمعیت‌مرغان دورگه تخمگذار انجام شدوراثت‌پذیری برای IgY و IgM به‌ترتیب ۰/۲۱ و ۰/۲۶ گزارش شد. هم‌چنین در مطالعه دیگر توسط Sun و همکاران (۲۰۱۳a) وراثت‌پذیری IgM در دامنه ۰/۴۱ تا ۰/۴۴ و وراثت‌پذیری IgY را در دامنه ۰/۳۱-۰/۱۴ گزارش شد که برای IgM بالاتر از نتایج تحقیق حاضر (۰/۰۲) و برای IgY مشابه تحقیق حاضر (۰/۱۴) بود. Bao و همکاران(۲۰۱۶)درجمعیت‌تجاری لگهورن سفید وراثت‌پذیری برآورد شده برای IgM و IgY به‌ترتیب ۰/۱۰ تا ۰/۱۷ و ۰/۰۲ تا ۰/۱۱ گزارش کردند. Bao و همکاران (۲۰۱۶) آنتی‌بادی‌های طبیعی را مورد ارزیابی قرار دادند درحالی‌که در تحقیق حاضر روی پاسخ‌های ثانویه ایمنی هومورال بعد از این‌که در معرض آنتی‌ژن SRBC قرار گرفتند تحقیق صورت گرفت. Berghof و همکاران (۲۰۱۵) وراثت‌پذیری ۰/۱۲ را برای تیتر آنتی‌بادی کل (AbT)، ۰/۱۴ برای IgM و ۰/۰۷ برای IgY در مرغان خالص تخمگذار گزارش کردند. در مطالعه دیگری که بر روی بلدرچین ژاپنی اجرا شد وراثت‌پذیری IgM و IgY و AbT بر علیه SRBCبه‌ترتیب‌برابر ۰/۲۰،۰/۲۴ و ۰/۲۱ گزارش‌شد(Mohammadi Tighsiah و همکاران، ۲۰۱۸). تفاوت در وراثت‌پذیری‌های گزارش شده در مطالعه حاضر در مقایسه با مطالعات گذشته می‌تواند به‌دلیل تفاوت در جمعیت‌های مورد مطالعه باشد هم‌چنین سن نمونه‌گیری از پرندگان بر روی تیتر آنتی‌بادی و پارامترهای ژنتیکی مربوطه اثر می‌گذارد و حذف اثرات مادری (محیطی) در مدل به‌دلیل کم بودن تعداد نتاج به‌ازا هر مادر نیز می‌تواند یکی از دلایل دیگر این تفاوت‌ها باشد.در مطالعه Sun و همکاران(۲۰۱۳b) همبستگی ژنتیکی بین تیتر IgY و IgM در مرغان تخمگذار دورگه ۰/۴۳ گزارش شد که بسیار بالاتر از برآورد تحقیق حاضر است(۰/۱۴).Berghof و همکاران (۲۰۱۵) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین IgT و IgM را به‌ترتیب برابر ۰/۹۷ و ۰/۵۵ و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین IgT و IgY را به‌ترتیب برابر ۰/۹۶ و ۰/۸۱ در مرغان تخمگذار گزارش کردند. هم‌چنین آن‌ها همبستگی ژنتیکی بسیار بالایی (۰/۸۶) بین IgM و IgY گزارش کردند درحالی‌که همبستگی فنوتیپی بین این دو ایمونوگلوبین پایین و مثبت(۰/۲۶) گزارش شد. در تحقیق حاضر برآورد همبستگی ژنتیکی RFI20-45 با IgM و IgF منفی است که می‌توان نتیجه گرفت انتخاب برای IgM و IgF منجر به بهبود باقی‌مانده مصرف خوراک می‌شود از طرفی براساس اطلاعات موجود درجدول۳ همبستگی ژنتیکی بین IgM با IgY و AbNDV مثبت و متوسط، همبستگی ژنتیکی بین IgF با IgY و AbNDV مثبت و متوسط و بالا برآورد شد. بنابراین نتیجه‌گیری می‌شود که انتخاب برای IgM یا IgF اثر منفی روی سایر آنتی‌بادی‌ها ندارد و منجربه تیترهای بالایی از IgY و AbNDV می‌شود.بنابراین‌انتخاب برای IgM و IgF منجر به کاهش پاسخ‌های ایمنی در بلدرچین‌ژاپنی‌نمی‌شود.

منابع

۱. **Aggrey, S.; Karnuah, A.B.; Sebastian, B. and Anthony, N.B., 2010.** Genetic properties of feed efficiency parameters in meat type chickens. Genet. Select. Evol. Vol. 42, p: 25.

۲. **Balthazart, J.; Baillien, M.; Charlier, T.D.; Cornil, C.A. and Ball, G.F., 2003.** The neuroendocrinology of reproductive behavior in Japanese quail. Domest. Anim. Endocrinol. Vol. 25, pp: 69-82.

۳. **Bao, M.; Bovenhuis, H.; Nieuwland, M.G.; Parmentier, H.K. and Van der Poel, J.J., 2016.** Genetic parameters of IgM and IgG antibodies binding autoantigens in healthy chickens. Poult. Sci. Vol. 95, pp: 458-465.

۴. **Beilharz, R.G.; Luxford, B.G. and Wilkinson, J.L., 1993.** Quantitative genetics and evolution: Is our understanding of genetics sufficient to explain evolution? Journal of Anim. Breed. Genet. Vol. 110, pp: 161-170.

۵. **Berghof, T.V.L.; Van der Klein, S.A.S.; Arts, J.A.J.; Parmentier, H.K.; Van der Poel, J.J. and Bovenhuis, H., 2015.** Genetic and Non-Genetic Inheritance of Natural Antibodies Binding Keyhole Limpet Hemocyanin in a Purebred Layer Chicken Line. PLoS One. Vol. 10, No. 6.

۶. **Bovenhuis, H.; Bralten, H.; Nieuwland, M.G. and Parmentier, H.K., 2002.** Genetic parameters for antibody response of chickens to sheep red blood cells based on a selection experiment. Poult. Sci. Vol. 81, pp: 309-315.

۷. **Cain, J.R. and Cawley, W.O., 1972.** Care management propagation: japanese quail (*coturnix*). Texas Agricultural Experiment Station. http://hdl .handle .net /1969 .1 /92988.

۸. **Cunningham, C.H., 1971.** Virologia Practica. 6th Ed. 260 p.

۹. **Demas, G.E.; Adamo, S.A. and French, S.S., 2011.** Neuroendocrine-immune crosstalk in vertebrates and invertebrates: implications for host defense. Funct. Ecol. Vol. 25, pp: 29-39.

۱۰. **Dunnington, E.A., 1990.** Selection and homeostasis. Proceedings of the 4th World Congress on genetics applied to livestock production. Edinburgh, Scotland, UK. pp: 5-12.

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

۱۱. **Dunnington, E.A.; Larsen, C.T.; Gross, W.B. and Siegel, P.B., 1992.** Antibody responses to combinations of antigens in white leghorn chickens of different background genomes and major histocompatibility complex genotypes. Poult. Sci. Vol. 71, pp: 1801-1806.

۱۲. **Jones, R.B.; Mills, A.D. and Faure, J.M., 1991.** Genetic and experiential manipulation of fear-related behavior in Japanese quail chicks (*Coturnix coturnix japonica*). J. Comp. Psychol. Vol. 105, pp: 15-24.

۱۳. **Kayang, B.B.; Vignal, A.; Inoue-Murayama, M.; Miwa, M.; Monvoisin, J.L.; Ito, S. and Minvielle, F., 2004.** A first generation micro satellite linkage map of the Japanese quail. Anim. Genet. Vol. 35, pp: 195-200.

۱۴. **Leitner, G.; Uni, Z.; Cahaner, A.; Gutman, M. and Dan Heller, E., 1992.** Replicated Divergent Selection of Broiler Chickens for High or Low Early Antibody Response to Escherichia coli Vaccination. Poult. Sci. Vol. 71, pp: 27-37.

۱۵. **Liu, T.; Qu, H.; Luo, C.; Li, X.; Shu, D.; Sandø Lund, M. and Su, G., 2014.** Genomic Selection for the Improvement of Antibody Response to Newcastle Disease and Avian Influenza Virus in Chickens. PLoS One. Vol. 9, No. 11, p: e112685.

۱۶. **Lotfi, E.; Zerehdaran, S. and Raoufi, Z., 2011.** Genetic properties of egg quality traits and their correlations with performance traits in Japanese quail. Brit. Poultry. Sci. Vol. 53, pp: 585-591.

۱۷. **Luiting, P. and Urff, E.M., 1991.** Optimization of a model to estimate residual feed consumption in the laying hen. Livest. Prod. Sci. Vol. 27, pp: 321-338.

۱۸. **Lwelamira, J., 2012.** Phenotypic and genetic parameters for body weights and antibody response against Newcastle disease virus (NDV) vaccine for Kuchi chicken ecotype of Tanzania under extensive management. Trop. Anim. Health. Prod. Vol. 44, pp: 1529-1534.

۱۹. **Lwelamira, J.; Kifaro, G.C. and Gwakisa, P.S., 2009.** Genetic parameters for body weights, egg traits and antibody response against Newcastle disease virus (NDV) vaccine among two Tanzania chicken ecotypes. Trop. Anim. Health. Prod. Vol. 41, pp: 51-59.

۲۰. **Mills, A.D. and Faure, J.M., 1991.** Divergent selection for duration of tonic immobility and social reinstatement behavior in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) chicks. J. Comp. Psychol. Vol. 105, pp: 25-38.

۲۱. **Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T. and Lee, D.H., 2002.** BLUPF90 and related programs (BGF90). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France. CD-ROM. Communication number. pp: 28-70.

۲۲. **Mohammadabadi, M.R.; Nikbakhti, M.; Mirzaee, H.R.; Shandi, A.; Saghi, D.A.; Romanov, M.N. and Moiseyeva, I.G., 2010.** Genetic variability in three native Iranian chicken populations of the Khorasan province based on microsatellite markers. Russ. J. Genet. Vol. 46, No. 4, pp: 505-509.

۲۳. **Mohammadi-Tighsiah, A.; Maghsoudi, A.; Bagherzadeh Kasmani, F.; Rokouei, M. and Faraji-Arough, H., 2018.** Bayesian analysis of genetic parameters for early growth traits and humoral immune responses in Japanese quail. Journal of Livest. Sci. Vol. 216, pp: 197-202.

۲۴. **Møller, A.P.; Christe, P.; Erritzøe, J. and Mavarez, J., 1998.** Condition, disease and immune defence. Oikos. Vol. 83, pp: 301-306.

۲۵. **Moradian, H.; Esmailizadeh, A.K.; Sohrabi, S.; Nasirifar, E.; Askari, N.; Mohammadabadi, M.R. and Baghizadeh, A., 2014.** Genetic analysis of an F2 intercross between two strains of Japanese quail provided evidence for quantitative trait loci affecting carcass composition and internal organs. Mol. Biol. Rep. Vol. 41, No. 7, pp: 4455-4462.

۲۶. **Narinc, D.; Aksoy, T.; Karaman, E.; Aygun, A.; Firat, M.Z. and Uslu, M.K., 2013.** Japanese quail meat quality: characteristics, heritabilities, and genetic correlations with some slaughter traits. Poult. Sci. Vol. 92, pp: 1735-1744.

۲۷. **Ori, R.J.; Esmailizadeh, A.K.; Charati, H.; Mohammadabadi, M.R. and Sohrabi, S.S., 2014.** Identification of QTL for live weight and growth rate using DNA markers on chromosome 3 in an F2 population of Japanese quail. Mol. Biol. Rep. Vol. 41, No. 2, pp: 1049-1057.

۲۸. **Pinard, M.H.; Janss, L.L.G.; Maatman, R.; Noordhuizen, J.P.T.M. and van der Zijpp, A.J., 1993.** Effect of divergent selection for immune responsiveness and of major histocompatibility complex on resistance to Mareks disease in chickens. Poult. Sci. Vol. 72, pp: 391-402.

۲۹. **Pinard, M.H.; Van Arendonk, J.A.; Nieuwland, M.G. and Van Der Zijpp, A.J., 1992.** Divergent selection for immune responsiveness in chickens: estimation of realized heritability with an animal model. Journal of Anim. Sci. Vol. 70, pp: 2986-2993.

۳۰. **Sacco, R.E.; Nestor, K.E.; Saif, Y.M.; Tsai, H.J. and Patterson, R.A., 1994.** Effect of genetic selection for increased body weight and sex of poult on antibody response of turkeys to Newcastle disease virus and Pasteurella multocida vaccines. Avian. Dis. Vol. 38, pp: 33-36.

۳۱. **Siegel, P.B. and Honaker, C.F., 2009.** Impact of genetic selection for growth and immunity on resource allocations. Journal of Appl. Poult. Res. Vol. 18, pp: 125-130.

۳۲. **Silva, L.P.; Ribeiro, J.C.; Crispim, A.C.; Felipe, G.; Silva, A.; Bonafe, C.M.; Silva, F.F. and Torres, R.A., 2013.** Genetic parameters of body weight and egg traits in meat type quail. Journal of Livest. Sci. Vol. 153, pp: 27-32.

۳۳. **Sohrabi, S.S.; Esmailizadeh, A.K.; Baghizadeh, A.; Moradian, H.; Mohammadabadi, M.R.; Askari, N. and Nasirifar, E., 2012.** Quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits in an F2 intercross between two strains of Japanese quail. Anim. Prod. Sci. Vol. 52, No. 11, pp: 1012-1018.

۳۴. **Sun, Y.; Biscarini, F.; Bovenhuis, H.; Parmentier, H.K. and van der Poel, J.J., 2013a.** Genetic parameters and across-line SNP associations differ for natural antibody isotypes IgM and IgG in laying hens. Anim. Genet. Vol. 44, pp: 413-424.

۳۵. **Sun, Y.; Ellen, E.D.; Parmentier, H.K. and Van der Poel, J.J., 2013b.** Genetic parameters of natural antibody isotypes and survival analysis in beak-trimmed and non-beak-trimmed crossbred laying hens. Poult. Sci. Vol. 92, pp: 2024-2033.

۳۶. **Van Der Zijpp, A.J. and Leenstra, F.R., 1980.** Genetic analysis of the humoral immune response of White Leghorn chicks. Poult. Sci. Vol. 59, pp: 1363-1369.

۳۷. **Van Eerden, E., 2007.** Residual feed intake in young chickens: Effects on energy partitioning and immunity. PhD Thesis, Wageningen University, The Netherlands. 168 P.

۳۸. **Wegmann, T.G. and Smithies, O., 1966.** A Simple Hemagglutination System Requiring Small Amounts of Red Cells and Antibodies. Transfusion. Vol. 6, pp: 67-73.

۳۹. **West, B. and Zhou, B.X., 1989.** Did chicken go north? New evidence for domestication. Worlds Poult. Sci. J. Vol. 45, pp: 205-218.

۴۰. **Wijga, S.; Parmentier, H.K.; Nieuwland, M.G. and Bovenhuis, H., 2009.** Genetic parameters for levels of natural antibodies in chicken lines divergently selected for specific antibody response. Poult. Sci. Vol. 88, pp: 1805-1810.

۴۱. **Yalcin, S.; Oguz, I. and Otles, S., 1995.** Carcass characteristics of quail (*Coturnix coturnix japonica*) slaughtered at different ages. Brit. Poultry. Sci. Vol. 36, pp: 393-399.

۴۲. **Zerehdaran, S.; Lotfi, E. and Rasouli, Z., 2012.** Genetic evaluation of meat quality traits and their correlation with growth and carcase composition in Japanese quail. Brit. Poultry. Sci. Vol. 53, pp: 756-762.

۴۳. **Zhao, X.L.; Honaker, C.F. and Siegel, P.B., 2012.** Phenotypic responses of chickens to long-term selection for high or low antibody titers to sheep red blood cells. Poult. Sci. Vol. 91, pp: 1047-1056.

(DOI): 10.22034/AEJ.2020.110811

Scientific Research Journal of Animal Environment Vol. 12, No. 3, Autumn 2020

Bayesian analysis of genetic parameters for humoral immune responses and residual feed intake traits in Japanese quail

- **Mojdeh Mahmoudi Zarandi:** Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran
- **Mohammad Rokouei*:** Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran
- **Mehdi Vafaei Valleh:** Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran
- **Ali Maghsoudi:** Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran
- **Nicholas Hudson:** School of Agriculture and Food Sciences, The University of Queensland, Brisbane, Australia

Received: August 2019 Accepted: November 2019

Keywords: Humoral Immune, Residual Feed Intake, Antibody Titer, Heritability, Genetic correlation, SRBC

Abstract

The aim of this study was to estimate genetic parameters of humoral immune responses (antibody titers against sheep red blood cells (SRBC) and Newcastle Disease Virus (NDV)) and residual feed intake from 20 to 45 days of age in Japanese quail. For this purpose, a total of 2492 records of residual feed intake traits and 5238 records of immune traits were used. The analyses of Genetic parameters of traits were estimated through single and bivariate animal models via Gibbs sampling method. Heritability estimates of total antibody titer (AbT), titer of immunoglobulin Y (IgY), titer of immunoglobulin M (IgM) and titer of immunoglobulin F (IgF) against SRBC were 0.08, 0.14, 0.02 and 0.24, respectively, however, heritability of antibody titer against NDV was lower than estimated of SRBC antigen (h2= 0.05). heritability of RFI in different ages were in ranges of 0.04 to 0.07. genetic correlations estimate between total antibody and IgY were positive and high and was 0.92. The negative genetic correlations were related to IgM with RFI and genetic correlations estimates between RFI and other immunoglobulins (IgY, AbT, IgF) and NDV were positive. As a conclusion, selection for IgF due to its heritability (0.24) and negative genetic correlation (-0.23) with RFI, cause improve in RFI and reduce costs, related mainly to feeding and selecting of animals with phenotyping. On the other hand, due to moderate to high positive genetic correlations (0.34-0.80) were found between IgF and other immunoglobulins, selection of it didn't lead to decline of humoral immune responses in quail.

*Corresponding Author's email: rokouei@gmail.com