دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

مقایسه دو روش آماری حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و آنالیز بیزی در برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی از صفات مهم اقتصادی مرغــهای بومی استان فارس

پروانه دیمی غیاث آبادی[۱]، صادق علیجانی[۲]، جلیل شجاع غیاث[۳] و نصراله پیرانی[۴]

۱- دانشجوی دکتری دانشگاه تبریز نویسنده مسوول: p.deimi2009@gmail.com
۲ و ۳- دانشجوی دکتری، استادیار و استاد دانشگاه تبریز
۴- دانشیار دانشگاه شهرکرد

تاریخ دریافت: ۹۰/۷/۱۰ تاریخ پذیرش: ۹۱/۳/۸

چکیده

در این تحقیق از رکوردهای عملکرد مرغهای بومی فارس که در طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۱ جمع آوری شده بودند استفاده شد. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل وزن بدن در ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ بود. مؤلفه های واریانس و همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی با استفاده از روش های حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و بیزی مبتنی بر نمونه گیری گیبس و با استفاده از مدل حیوانی تک و چند متغیره برآورد گردید. مقدار وراثت پذیری برآورد شده با استفاده از روش REML در مدل تک متغیره برای صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ، تعداد تخم مرغ و وزن بدن در ۱۲ هفتگی به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۶۳، ۰/۳۳ و ۰/۵۳ و در چند صفته به ترتیب ۰/۵۱، ۰/۶۴، ۰/۳۳ و۰/۵۳ بود. با استفاده از روش آنالیز بیزی وراثت پذیری در مدل تک متغیره برای صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ، تعداد تخم مرغ و وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۶۳، ۰/۳۴ و ۰/۵۵ و در مدل چند صفتی به ترتیب ۰/۵۶، ۰/۵۸، ۰/۳۳ و ۰/۵۵ بود. همبستگی ژنتیکی و محیطی بین وزن بدن و سن بلوغ جنسی با استفاده از هر دو روش منفی و همبستگی فنوتیپی بین آنها مثبت بود. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و صفت وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ با هر دو روش مثبت بود. مقادیر فوق برای صفات وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و وزن تخم مرغ به ترتیب با روش REML ۰/۵، ۰/۱۵ و ۰/۳۶ و با روش آنالیز بیزی ۰/۴۳، ۰/۲۶ و ۰/۲۸ بود. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و تعداد تخم مرغ با روش REML به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۱۵ و ۰/۱ و در روش آنالیز بیزی به ترتیب ۰/۱۹، ۰/۲۳ و ۰/۱۹ بود. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین سن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ با هر دو روش بالا و منفی بود. به طور کلی از نتایج این تحقیق می توان چنین نتیجه گیری کرد که تخمین پارامترهای مورد بررسی با استفاده از هر دو روش نزدیک به هم بودند.

واژه‌های کلیدی: آنالیز بیزی، پارامترهای ژنتیکی، حداکثر درستنمایی محدود شده، مرغ‌های بومی استان فارس

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

مقدمه

حیوانات و گیاهان بومی به عنوان سرمایه ملی و ذخایر استراتژیک هر کشور محسوب می شوند و حفظ و تکثیر آنها از ارزش و اهمیت زیادی برخوردار است. از زمانهای دور مرغ در روستاهای ایران وجود داشته است. طیور بومی ایران دو منظوره بوده و نرخ رشد و تولید تخم مرغ آنها در شرایط سنتی و روستایی پایین است. در طی چند دهه گذشته واردات نژادهای خارجی خطر انقراض مرغ‌های بومی را افزایش داد. مرغهای بومی به عنوان بانک ژن‌های سازگار با محیط بومی، مواد ژنتیکی پایه برای برنامه‌های اصلاح نژاد در زیستگاه خویش محسوب می شوند. استفاده از برنامه های اصلاح نژادی در جهت ایجاد پیشرفت ژنتیکی برای این پرندگان ضروری بوده و می توان از این طریق سوددهی آنها را بالا برد. مرغ‌های بومی ایران از نظر صفات مختلف اقتصادی دارای تنوع هستند (۳). دقت تخمین مؤلفه های واریانس اهمیت زیادی در اصلاح حیوانات دارد، زیرا با افزایش واریانس اشتباه پیش بینی تفاوت بین مقدار پیش بینی شده و ارزش های واقعی افزایش می یابد (۱۷). از مؤلفه های (کو)واریانس برای تخمین پارامترهای ژنتیکی مثل توارث پذیری و همچنین برآورد همبستگی های ژنتیکی استفاده می شود. این پارامترها برای طراحی استراتژی‌های اصلاحی ضروری هستند. تخمین مؤلفه های (کو)واریانس استفاده وسیعی در اصلاح نژاد دام دارد که از آن جمله می توان به تشکیل ساختار شاخص انتخاب، به دست آوردن پیش بینی های BLUP (بهترین پیشگویی نااریب خطی) با استفاده از معادلات مختلط، تخمین وراثت پذیری و همبستگی‌های فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی و درک بهتر تاثیرات ژنتیکی و عوامل محیطی بر صفات اشاره نمود. لذا این مؤلفه ها باید بطور دقیق برآورد گردند (۶). یکی از مهمترین پارامترهایی که از طریق این مؤلفه ها بدست می آید وراثت پذیری می باشد. وراثت پذیری راه اجرا و عملی نمودن برنامه های اصلاح نژادی را نشان می دهد. در مجموع تخمین نااریب وراثت پذیری جهت نیل به نتایج قابل اعتماد و در نهایت پیشرفت سریع برنامه های اصلاح نژاد امری بدیهی است، که این امر بستگی نزدیکی به نوع مدل، تعداد رکورد و صحت و دقت آنها دارد. روش های مختلفی برای تخمین مؤلفه های کو(واریانس) استفاده می شود که از آن جمله می توان به تجزیه واریانس، حداکثر درست نمایی و روش بیزی اشاره کرد. ساده ترین روش برآورد پارامتر، تجزیه واریانس است که در آن فرض می شود حیوانات یک نمونه تصادفی از جامعه هستند ولی در جوامع حیوانات تجاری برای برنامه های اصلاح نژاد که در آنها انتخاب صورت می گیرد این فرض نمی تواند صادق باشد. از محدودیتهای دیگر این روش می‌توان به برآورد منفی مؤلفه های واریانس اشاره نمود. برای از بین بردن این مشکلات روشهای جدید جایگزین شده که از قویترین روشها می توان حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و روش بیزی مبتنی بر تکنیک نمونه گیری گیبس مهمترین روشها

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

می باشند. در روش REML پیش فرض اساسی این است که نمونه ها از یک جامعه با توزیع نرمال هستند. این روش برای اثر انتخاب در جامعه تصحیح انجام می دهد و مؤلفه های واریانس را از طریق تکرار و همگرایی بدست می آورد (۷). در روش بیزی برآورد یک پارامتر از طریق توزیع پسین می باشد و امکان بدست آوردن مستقیم میانگین توزیع پسین در بیشتر موارد وجود ندارد. بنابراین نمونه هایی با خصوصیات مستقل و یکسان از توزیع پسین تولید می شود (۱). روش MCMC[1] (زنجیره مونت کارلو مارکف) یک روش شبیه سازی عمومی برای نمونه گیری از توزیع های پیشین و محاسبه توزیع پسین برای کمیت های مورد نظر می باشد. این روش به طور متوالی نمونه ها را از یک توزیع هدف نمونه گیری می نماید و از آنجا که هر نمونه بستگی به نمونه قبلی دارد لذا این نوع نمونه گیری تشکیل زنجیره مارکف را می دهد و از نمونه گیری تولید شده توزیع پسین برای پارامتر مورد نظر استفاده می شود (۱). یونور و همکاران (۱۵) توارث پذیری صفت تولید تخم مرغ (تعداد تخم مرغ) را برای سن ۲۲ تا ۳۰ هفتگی، ۳۱ تا ۴۰ هفتگی و ۲۲ تا ۴۰ هفتگی را با استفاده از روش های REML، ML[2]، MIVQUE[3] و GIBBS (آنالیز بیزی) با دو مدل پدری و مادری بررسی و مقایسه کردند. هدف از این تحقیق مقایسه دو روش REML و آنالیز بیزی در برآورد مؤلفه های واریانس و همبستگی‌ها با مدل تک متغیره و چهار متغیره بود.

مواد و روشها

مرکز اصلاح نژاد و تکثیر مرغ بومی فارس در سال ۱۳۶۵ در محل شمس آباد در ۷۰ کیلومتری شمال شهرستان شیراز با هدف ترویج و اصلاح نژاد مرغ بومی آغاز به کار کرد. برای تشکیل جمعیت پایه به تعداد ۴۰۰۰ قطعه مرغ و خروس اقدام به جمع آوری تخم مرغ نطفه دار از نواحی گرمسیر، سردسیر و معتدل استان شد. برای دو سال (۱۳۶۷-۱۳۶۵)، داده برداری به صورت گله ای انجام شد و از سال ۱۳۶۷ گله مولد با تعداد ۲۳۶۶ قطعه مرغ و خروس تشکیل و داده برداری و ثبت رکورد های مورد نظر از حیوانات مربوطه در سیستم قفس آغاز شد. در هر سال تعدادی مرغ و خروس براساس وزن بدن در ۱۲ هفتگی، تعداد تخم مرغ در سه ماهه اول تولید، سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم مرغ (هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲) به عنوان مولد نر و ماده انتخاب و داده برداری انفرادی و ثبت مشخصات شجره‌ای انجام شد. تعداد مرغ به ازای هر خروس در هر قفس به نسبت ۵ به ۱ بود و مرغها به صورت چرخشی در جایگاه مخصوص آمیزش با خروس قرار داده شده و سپس برای تخمگذاری به قفس منتقل شدند. داده برداری تخم مرغ به مدت سه ماه در قفس انفرادی انجام گرفت. از سال ۱۳۷۷ به بعد، آمیزش با سیستم تصادفی ولی به روش تلقیح مصنوعی (با نسبت ۲۵ مرغ به ۱ خروس) انجام شده است. در این تحقیق داده های مربوط به صفات وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی، وزن تخم مرغ

1- Mont Carlo Markov Chain
2- Maximum Likelihood
3- Variance Quadratic Unbiased Estimation

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

بین ۲۸ تا ۳۲ هفتگی، سن در اولین روز تخمگذاری و تعداد تخم مرغ تولید شده در سه هفته اول تولید استفاده شد. داده ها مربوط به ۱۲ نسل بود که در طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۱ توسط مرکز اصلاح نژاد استان فارس جمع آوری شد. روش مورد استفاده در این تحقیق برای برآورد مؤلفه های واریانس، روشهای REML و آنالیز بیزی بودند که با استفاده از مدلهای تک صفته و چهار صفته مؤلفه های واریانس برآورد شدند. مدل مختلط حیوانی که در این تحقیق برای صفت وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی مورد استفاده واقع شد به صورت زیر بود، برای صفات سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ و وزن تخم مرغ نیز همین مدل استفاده شد و اثر جنسیت از مدل حذف شد.

$$Y_{ijkl}=\mu+G_i+H_j(G_i)+S_k+A_{ijk}+e_{ijkl}$$

در این رابطه که Y_{ijkl}: صفت مشاهده شده، μ: میانگین، G_i: اثر ثابت نسل، $H_j(G_i)$: اثر نوبت جوجه کشی در داخل نسل برای صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ و وزن تخم مرغ می باشد که برای صفت وزن بدن اثر جنسیت S_k: به اثرات ثابت اضافه شد. A_{ijk}: اثرات تصادفی افزایشی پرنده و e_{ijkl}: اثر تصادفی باقیمانده ها می باشد. برای محاسبه مؤلفه های واریانس از روش آماری بیزی مبتنی بر تکنیک نمونه گیری گیبس و جهت اعمال روش مذکور از نرم فزار MTGSAM استفاده شد (۱۶). در این تحقیق تعداد کل سیکل‌های نمونه گیری گیبس ۲۰۰۰۰۰، دوره قلق گیری (دوره ای که مقادیر نمونه گیری شده پرت بوده و با مقادیر حقیقی تفاوت دارند) ۳۰۰۰۰ و فاصله نمونه گیری ۱۵۰ در نظر گرفته شد در روش حداکثر درستنمایی محدود شده از نرم افزار DFREML استفاده شد (۹).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس بدست آمده با نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ حاکی از معنی دار اثرات ثابت اعمال شده در مدل در سطح یک درصد بود (۱۳). این نتیجه با توجه به حجم داده ها و روند تغییرات در صفات مورد نظر از طریق انتخاب ژنتیکی در طی نسلها کاملا قابل انتظار بود. ساختار شجره (۱۲ نسل) از مرغان بومی استان فارس برای صفات مختلف در جدول ۱ نشان داده شده است.

آماره‌های توصیفی برای صفات رکورد برداری شده در مرکز مرغ‌های بومی استان فارس درجدول ۲ ارائه شده است. میانگین صفت تعداد تخم مرغ در این تحقیق ۵۳ بود ولی مرغها از نظر تعداد روزهای تخمگذاری متفاوت بودند آماره های توصیفی برای این صفت در جدول ۲ ارائه شده است. همانطور که در این جدول مشاهده می‌شود میزان پراکندگی وزن بدن در مقایسه با سایر صفات بیشتر بود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

جدول ۱- ساختار شجره (۱۲ نسل) مرغان بومی استان فارس

تعداد حیوانات	تعداد تخم مرغ	وزن تخم مرغ	وزن بدن	سن بلوغ جنسی
تعداد کل حیوانات	۲۶۶۶۷	۲۶۰۸۸	۳۱۸۴۵	۲۶۶۳۲
تعداد کل حیوانات دارای رکورد	۱۱۹۲۶	۲۳۲۴۰	۲۸۶۸۶	۲۳۸۱۶
تعداد پدرهای ناشناخته	۴۸	۹۸	۱۳۰۵	۸۹
تعدا د مادرهای ناشناخته	۱۹۱	۳۸۱	۱۶۳۳	۳۵۹
تعداد پدرهای صاحب فرزند	۱۱۵۷۰	۱۶۰۴	۱۵۴۳	۱۶۱۵
تعداد مادرهای صاحب فرزند	۵۵۵۰	۶۶۹۳	۶۵۲۵	۶۷۶۳
تعداد حیوانات پایه	۳۲۶۷	۳۳۳۱	۴۴۲۲	۳۲۶۸
تعداد مادربزرگ صاحب فرزند	۲۶۲۲	۲۹۱۸	۱۰۴۵	۱۱۲۰
تعداد پدر بزرگ صاحب فرزند	۱۰۷۲	۱۰۳۵	۱۰۲۵	۲۹۶۰
میانگین همخونی (برای صفت با بیشترین رکود)	۰	۰	۰/۲۴	۰

جدول ۲- آماره های توصیفی صفات اقتصادی مرغان بومی استان فارس با استفاده از مدل تک متغیره

صفت	تعداد رکورد	میانگین (گرم)	ضریب تغییرات (٪)	بیشترین	کمترین
وزن بدن ۱۲در سن هفتگی (گرم)	۲۸۶۸۶	۸۴۰/۳۳	۲۲/۰۳	۱۶۷۰	۳۰۰
وزن تخم مرغ (گرم)	۲۳۲۳۹	۴۳/۸۴	۷/۲۷	۹۶/۵۸	۳۰/۴
سن بلوغ جنسی (روز)	۲۳۸۱۵	۱۶۶/۶۴۸	۱۱/۳۲	۲۶۸	۸۸

زید لوسکی و همکاران (۱۴) میانگین صفات وزن بدن میانگین صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب برای مرغ تخم گذار لگهورن سفید ۱۳۵۷، ۱۶۰/۵، ۵۸/۵ و ۵۲/۵ و برای نژاد نیو همشایر ۱۷۳۶، ۱۶۰/۳، ۵۰/۴ و ۵۸/۹ گزارش کردند.

میانگین صفات که از این تحقیق بدست آمد با نتایج تحقیق قربانی و همکاران (۵) نزدیک بود، تنها در مورد صفت وزن بدن تفاوت وجود داشت. در مطالعه ای میانگین صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ در مرکز اصلاح نژاد مازندران به ترتیب ۵۲۶/۴۸، ۱۶۰/۵۴، ۴۷/۲۷ و ۳۸/۵۴ بود. همچنین در همان مطالعه میانگین صفات برای مرکز مرغ بومی فارس به ترتیب ۸۴۰/۳۲، ۱۶۶/۶۴، ۴۳/۸۷ و ۵۳/۰۲ بود. میانگین صفات در مرکز مرغ بومی اصفهان به ترتیب ۱۲۸۴/۵۷، ۱۷۸/۵۵، ۴۷/۸۸ و ۳۲/۲ بود و میانگین صفات در مرکز مرغ بومی آذربایجان غربی به ترتیب ۱۳۲۹، ۱۸۴/۷۷، ۵۱/۱۶ و ۳۵/۴۰ بود (۳). میانگین صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی و وزن تخم مرغ در مراکز مرغ بومی آذربایجان غربی و اصفهان بالاتر از مرکز مرغ بومی فارس بود. ولی میانگین صفت تعداد تخم مرغ در اصلاح نژاد مرغ بومی فارس ازمراکز دیگر بالاتر بود. در مرکز مرغ بومی مازندران نیز میانگین وزن تخم مرغ بالاتر از مرکز مرغ بومی فارس بود.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات نشان داد که اثر نوبت جوجه کشی درون نسل به عنوان یک اثر ثابت تأثیرگذار روی هر چهار

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

صفت در سطح احتمال ۱٪ معنی دار بود. علاوه بر این، اثر ثابت جنسیت روی صفت وزن بدن نیز به شدت معنی دار بود (P<۰/۰۱). همچنین اثر تعداد روزهای تخمگذاری روی صفت تعداد تخم مرغ به عنوان متغیر کمکی (کوواریت) معنی دار بود. این اثرات در مطالعات قبلی نیز روی هر چهار صفت معنی دار بود (۵).

علیجانی (۱) اثر نوبت جوجه کشی درون نسل را برای صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ، وزن بدن و تعداد تخم مرغ در مرغان بومی استان مازندران و استان آذربایجان غربی معنی دار گزارش کردند علاوه بر اینکه برای صفت وزن بدن اثر جنسیت نیز معنی دار بود. برای صفت تعداد تخم مرغ اثر تعداد روزهای تخم گذاری به عنوان متغیر کمکی به این اثرات اضافه گردید.

جدول ۳ مقدار مؤلفه های واریانس صفات مهم اقتصادی مرغان بومی استان فارس (تعداد تخم مرغ، سن بلوغ جنسی، وزن بدن و وزن تخم مرغ) را با استفاده از روش REML (مدلهای تک متغیره و چهار متغیره) نشان می دهد. در این تحقیق با استفاده از مدل تک متغیره میزان وراثت پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن بدن در ۱۲ هفتگی و میانگین وزن تخم مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۳۳، ۰/۵۳ و ۰/۶۳ و در مدل چهار متغیره به ترتیب ۰/۵۱، ۰/۳۳، ۰/۵۳ و ۰/۶۴ بود.

جدول ۳- مولفه های واریانس با استفاده از روش REML در مرغان بومی استان فارس

	مولفه های واریانس در آنالیز تک متغیره				مولفه های واریانس در آنالیز چند متغیره			
صفت	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2(±S.E.)	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2(±S.E.)
BW	۶۷۴۸	۵۹۱۱/۶	۱۲۶۶۰	۰/۵۳±۰/۰۱۴	۶۸۹۶/۸	۵۸۶۸/۸	۱۳۰۱۲/۹	۰/۵۳±۰/۰۱۴
ASM	۱۰۷/۲	۹۰/۳	۲۰۲/۳	۰/۵۳±/۰۱۴	۱۰۱/۹	۹۶/۱	۱۹۸	۰/۵۱±۰/۰۱۳
EGW	۶/۲	۳/۵۷	۹/۷	۰/۶۳±/۰۱۴	۶/۵	۳/۶	۱۰/۲	۰/۶۴±۰/۰۱۴
EGN	۵۳/۲۱	۱۰۶/۵۳	۱۵۹/۷۴	۰/۳۳±/۰۱۴	۶۴/۸	۱۲۶/۳	۱۹۱/۲	۰/۳۳±۰/۰۱۴

ASM: سن بلوغ جنسی BW: وزن بدن EGN: تعداد تخم مرغ EGW: وزن تخم مرغ.

قاضی خانی و همکاران (۳) وراثت پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن بدن در ۱۲ هفتگی و میانگین وزن تخم مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی با استفاده از نرم افزار DFREML و آنالیز چهار متغیره در مرکز مرغ بومی فارس ۰/۵۲، ۰/۳۴، ۰/۵۴ و ۰/۶۳ گزارش کردند. نتایج این تحقیق با نتایج قاضی خانی و همکاران (۳) تطابق نزدیکی داشت. نیک بین (۱۰) وراثت پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن بدن و وزن تخم مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی با استفاده از DFREML و آنالیز چهار متغیره در مرغان بومی فارس را ۰/۳۴، ۰/۱۹، ۰/۳۷، ۰/۳۱، ۰/۴ و ۰/۳۹ گزارش کردند. کمالی (۸) با استفاده از نرم افزار DFREML و آنالیز تک متغیّره وراثت‌پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن بدن و وزن تخم‌مرغ در سن ۳۰ و ۳۲ هفتگی در مرغان بومی فارس ۰/۵۵، ۰/۲۹،

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

۰/۷ و ۰/۵۲ گزارش کرد. قربانی و کمالی (۴) با استفاده از نرم افزار DFREML وراثت پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن بدن و وزن تخم مرغ در مرکز مرغ بومی فارس با استفاده از نرم افزار DFREML را ۰/۴۹، ۰/۳۴، ۰/۵۸ و ۰/۶۲ گزارش کردند. در تحقیقی که روی مرغ لگهورن سفید صورت گرفت وراثت پذیری وزن تخم مرغ برای زمانی که مرغ در قفس انفرادی و در قفس گروهی قرار گرفت با استفاده از نرم افزار DFREML به ترتیب ۰/۰۴ و ۰/۵۵ گزارش شد (۱۱). پرادو گونزالس و همکاران (۱۲) توارث پذیری برای وزن بدن در سن ۲، ۸، ۱۲ و ۱۶ هفتگی بین ۰/۰۷ تا ۰/۲۱ گزارش کردند.

جدول ۴ مقدار مؤلفه های واریانس صفات مهم اقتصادی مرغان بومی استان فارس (تعداد تخم مرغ، سن بلوغ جنسی، وزن بدن و وزن تخم مرغ) را با استفاده از آنالیز بیزی (مدلهای تک متغیره و چند متغیره) نشان می دهد. درمدل تک متغیره میزان وراثت پذیری سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی و میانگین وزن تخم مرغ در سن ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۳۴، ۰/۵۵ و ۰/۶۳ بود و در مدل چند متغیره این مقادیر به ترتیب ۰/۵۶، ۰/۳۳، ۰/۵۵ و ۰/۵۸ بود.

جدول ۴- مولفه های واریانس با استفاده از آنالیز بیزی در مرغان بومی استان فارس

	مولفه های واریانس در آنالیز تک متغیره				مولفه های واریانس در آنالیز چند متغیره			
صفت	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2(±S.E.)	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2(±S.E.)
BW	۶۹۹۵/۹	۵۸۶۷/۷۸	۱۲۷۱۹/۸۱	۰/۵۵±۰/۰۱۴	۶۸۳۰/۴	۵۵۴۵/۲	۱۲۳۷۵/۶	۰/۵۵±۰/۰۱۴
ASM	۱۰۷/۶	۸۹/۹۵	۲۰۳/۰۸	۰/۵۳±۰/۰۱۴	۱۱۵/۲	۹۰/۳	۲۰۵/۵	۰/۵۶±۰/۰۱۴
EGW	۶/۲۳	۳/۵۷	۹/۸۱	۰/۶۳±۰/۰۱۴	۶/۹۳	۴/۸۳	۱۱/۷۶	۰/۵۸±۰/۰۱۳
EGN	۵۵/۴۱	۱۰۵/۳۵	۱۶۰/۷۶	۰/۳۴±۰/۰۱۴	۵۴/۳۱	۱۰۶/۲۵	۱۶۰/۵۶	۰/۳۳±۰/۰۱۴

ASM: سن بلوغ جنسی BW: وزن بدن EGN: تعداد تخم مرغ EGW: وزن تخم مرغ.

علیجانی (۱) با استفاده از روش آنالیز بیزی وراثت پذیری وزن بدن، سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ را در مرغان بومی مازندران را به ترتیب ۰/۷۹، ۰/۵۱، ۰/۶۳ و ۰/۷۱ گزارش کردند. در مطالعه دیگری که روی دو نژاد تخم گذار لگهورن سفید و نیو همشایر انجام گرفت، توارث پذیری صفات وزن بدن، سن بلوغ جنسی وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ با استفاده از روش آنالیز بیزی برای نژاد لگهورن به ترتیب ۰/۳۲، ۰/۲۵، ۰/۰۸ و ۰/۲۳ و برای نژاد نیوهمشایر به ترتیب ۰/۲۵، ۰/۲۴، ۰/۳۸ و ۰/۱۱ گزارش گردید (۱۴).

جدول ۵ ضریب همبستگی‌های مختلف بین صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی استان فارس با استفاده از روش REML را نشان میدهد. همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۱- ، ۰/۵ و ۰/۰۳ بود. همبستگی منفی بین صفت وزن بدن و سن بلوغ جنسی نشان می دهد که پیشرفت در

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

یک صفت موجب کاهش در صفت دیگر می شود. وراثت پذیری بالای وزن بدن و وزن تخم مرغ و همچنین همبستگی مثبت بین این صفات نشان می دهد که با انتخاب برای وزن بدن، وزن تخم مرغ نیز افزایش می یابد. در این تحقیق همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۰۹، ۰/۶۹- و ۰/۲۱- بود. همچنین همبستگی فنوتیپی صفت وزن بدن با صفات سن بلوغ جنسی وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۳۶ و ۰/۱ بود. همبستگی فنوتیپی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مر غ و همچنین همبستگی فنوتیپی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۱، ۰/۶۳- و ۰/۱- بود.

همبستگی محیطی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۲۱- ، ۰/۱۵ و ۰/۱۵ بود. همبستگی محیطی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی محیطی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۴، ۰/۵۹- و ۰/۰۱- بود

در مطالعه قربانی و همکاران (۵) در مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی فارس که با استفاده از نرم افزار DFREML انجام شد همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۲-، ۰/۴۹و ۰/۰۶- بود. در همان مطالعه (۵) همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۰۵، ۰/۸۵- و ۰/۰۹- بود. در تحقیقی که روی مرغ بومی فارس صورت گرفت همبستگی فنوتیپی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۱۳ و ۰/۱ در همبستگی فنوتیپی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی فنوتیپی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۵- و ۰/۰۳- بود (۳).

در مطالعه ای که در مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی فارس با استفاده از نرم افزار DFREML انجام شد همبستگی محیطی بین وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۲۳-، ۰/۰۹ و ۰/۱۴ بود. همچنین همبستگی محیطی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همبستگی محیطی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۵۷- و ۰/۰۴- بود (۵).

امامقلی بگلی و همکاران (۲) با استفاده از روش REML همبستگی ژنتیکی بین وزن تخم مرغ و صفات وزن بدن ۱۲ هفتگی، سن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ ۰/۵۵، ۰/۲۳ و ۰/۳۵- و همبستگی فنوتیپی بین این صفات به ترتیب ۰/۳۳، ۰/۴۰ و ۰/۱۴ گزارش کردند.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

جدول ۵- همبستگی‌های مختلف بین صفات با استفاده از روش REML در مرغ‌های بومی استان فارس

صفت اول	صفت دوم	همبستگی ژنتیکی	همبستگی محیطی	همبستگی فنوتیپی
BW	ASM	-۰/۱۱±۰/۰۲	-۰/۲۱±۰/۰۲	۰/۱۶±۰/۰۲
	EGW	۰/۵±۰/۰۱	۰/۱۵±۰/۰۲	۰/۳۶±۰/۰۲
	EGN	/۰۳±/۰۳	۰/۱۵±۰/۰۱	۰/۱±۰/۰۲
ASM	EGW	۰/۰۹±۰/۰۲	۰/۱۴±۰/۰۲	۰/۱۱±/۰۲
	EGN	-۰/۶۹±۰/۰۱	-۰/۵۹±۰/۰۱	-۰/۶۳±/۰۱
EGN	EGW	-۰/۲۱±۰/۰۲	-۰/۰۱±۰/۰۱	-۰/۱±/۰۱

ASM: سن بلوغ جنسی BW : وزن بدن EGN: تعداد تخم مرغ EGW: وزن تخم مرغ.

جدول ۶ ضرایب همبستگی بین صفات مهم اقتصادی در مرغ‌های بومی استان فارس با استفاده از روش آنالیز بیزی را نشان می‌دهد. همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۲-، ۰/۴۳ و ۰/۱۹ بود. همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۷۴- و ۰/۳۲- بود. همبستگی فنوتیپی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۱۹، ۰/۲۸ و ۰/۱۹ بود. همبستگی فنوتیپی بین صفت سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی فنوتیپی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۲۴، ۰/۷۲- و ۰/۲۲- بود. همبستگی محیطی بین صفت وزن بدن و صفات سن بلوغ جنسی، وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۳۱-، ۰/۲۶ و ۰/۲۳ بود. همبستگی محیطی بین سن بلوغ جنسی و صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ و همچنین همبستگی محیطی بین صفات وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۳۶، ۰/۶۸- و ۰/۱- بود.

جدول ۶- همبستگی های مختلف بین صفات اقتصادی با استفاده از روش آنالیز بیزی در مرغان بومی استان فارس

صفت اول	صفت دوم	همبستگی ژنتیکی	همبستگی محیطی	همبستگی فنوتیپی
BW	ASM	-۰/۱۲±۰/۰۲	-۰/۳۱±۰/۰۲	۰/۱۹±۰/۰۲
	EGW	۰/۴۳±۰/۰۲	۰/۲۶±۰/۰۲	۰/۲۸±۰/۰۲
	EGN	۰/۱۹±۰/۰۲	۰/۲۳±۰/۰۱	۰/۱۹±۰/۰۱
ASM	EGW	۰/۲۷±۰/۰۲	۰/۳۶±۰/۰۲	۰/۲۴±۰/۰۲
	EGN	-۰/۷۴±۰/۰۱	-۰/۶۸±۰/۰۱	-۰/۷۲±۰/۰۱
EGN	EGW	-۰/۳۲±۰/۰۲	-۰/۱±۰/۰۱	-۰/۲۲±۰/۰۱

ASM: سن بلوغ جنسی BW: وزن بدن EGN: تعداد تخم مرغ EGW: وزن تخم مرغ.

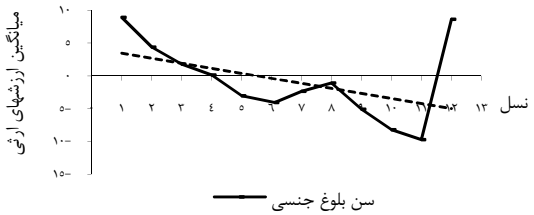
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

تفاوتهای ذکر شده در دو روش حداکثر درستنمایی محدود شده و آنالیز بیزی به دلیل دقت زیاد روش آنالیز بیزی نسبت به روش حداکثر درستنمایی می باشد.

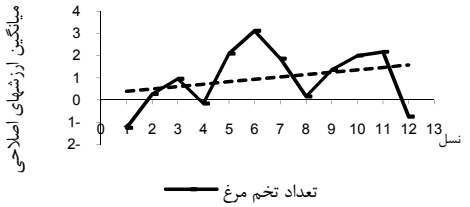
یونور و همکاران (۱۵) توارث پذیری صفت تولید تخم مرغ (تعداد تخم مرغ) را برای سن ۲۲ تا ۳۰ هفتگی، ۳۱ تا ۴۰ هفتگی و ۲۲ تا ۴۰ هفتگی را با استفاده از روش های REML، ML، MIVQUE و GIBBS در دو مدل پدری و مادری بررسی و مقایسه کردند. در روش REML با مدل پدری توارث پذیری صفت تولید تخم مرغ (تعداد تخم مرغ) در سن ۲۲ تا ۳۰ هفتگی، ۳۱ تا ۴۰ هفتگی و ۲۲ تا ۴۰ هفتگی به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۶۷ و ۰/۴۹ و در روش GIBBS برای مدل پدری این توارث پذیری ها به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۶۹ و ۰/۵۱ گزارش گردید. قابل توجه است که در این مدل برای تمام روشها وراثت پذیری ها بسیار نزدیک به هم بود. با استفاده از روش های REML، ML و MIVQUE و مدل مادری توارث پذیری صفت تولید تخم مرغ (تعداد تخم مرغ) در سن ۲۲ تا ۳۰ هفتگی، ۳۱ تا ۴۰ هفتگی و ۲۲ تا ۴۰ هفتگی برای هر ۳ روش یکسان و به ترتیب ۰/۵۳، ۱/۲۵ و ۰/۹۴ و با روش GIBBS و مدل مادری توارث پذیری صفات فوق برای سن ۲۲ تا ۳۰ هفتگی، ۳۱ تا ۴۰ هفتگی و ۲۲ تا ۴۰ هفتگی به ترتیب ۰/۳۶، ۰/۶۹ و ۰/۵۶ بود. مقایسه این روشها نشان داد که با مدل مادری توارث پذیری ها در روش GIBBS با سایر روش ها متفاوت بود که این یکی از مزایای استفاده از روش GIBBS بود. علاوه بر این روش GIBBS در زمانی که تعداد داده ها زیاد و آنالیز آنها با روش REML، ML و MIVQUE امکان پذیر نیست، کاربرد زیادی دارد. همچنین با استفاده از روش GIBBS می توان مؤلفه های واریانس را با استفاده از فاصله های اطمینان برای توزیع پویسن برآورد نمود بدون اینکه نیاز به استفاده از تقریب یا فرضهای نرمالیته باشد (۱۶).

شکل‌های مربوط به روند ژنتیکی هر صفت از طریق رسم متوسط ارزش اصلاحی بر ۱۲ نسل بدست آمد. شکل ۱ روند ژنتیکی سن بلوغ جنسی را نشان می‌دهد. روند ژنتیکی برای صفت سن بلوغ جنسی در مرغها کاهشی بود. این کاهش برابر با ۰/۷۶- روز در هر نسل بود. قربانی و همکاران (۵) ضریب تابعیت ارزش اصلاحی پرندگان برای این صفت را ۱/۳۸- گزارش کردند. روند ژنتیکی برای صفت تعداد تخم‌مرغ در مرغها افزایشی بود و ضریب تابعیت ارزش اصلاحی پرندگان برای این صفت ۰/۱ بود (شکل ۲). در مطالعهٔ قربانی و همکاران (۵) این ضریب ۰/۱۷ گزارش شد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]



شکل۱- روند ژنتیکی صفت سن بلوغ جنسی.

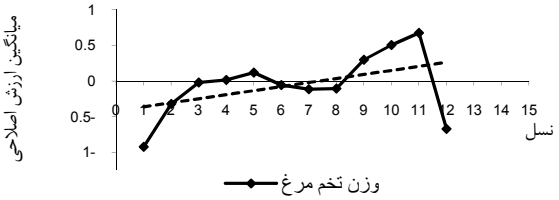


شکل ۲- روند ژنتیکی صفت تعداد تخم‌مرغ.

روند ژنتیکی وزن بدن در سن ۱۲ هفتگی بدون در نظر گرفتن جنسیت، برای داده‌ها مربوط به ۱۱ نسل افزایشی بود. ضریب تابعیت میانگین ارزش اصلاحی ۲/۰۱ بود. (شکل ۳). در مطالعهٔ قربانی و همکاران (۵) این روند ۲۲/۷۳ گزارش شد. روند ژنتیکی برای صفت وزن تخم‌مرغ در مرغها مثبت و ضریب تابعیت ارزش اصلاحی پرندگان برای این صفت ۰/۰۵۶ و نزدیک به صفر بود (شکل ۴). در مطالعه قربانی و همکاران (۵) این روند ۰/۰۴ گزارش شد.



شکل ۳- روند ژنتیکی صفت وزن بدن.



شکل ۴- روند ژنتیکی صفت وزن تخم مرغ.

نتایج این تحقیق نشان داد که پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با استفاده از دو روش آنالیز بیزی و REML در مدل تک متغیره و چند متغیره تفاوت چندانی با یکدیگر نداشتند ولی همبستگی‌های برآورد شده از هر دو روش در بعضی موارد تا حدودی با هم متفاوت بودند. دلیل این تفاوتها را می توان به قدرتمند بودن روش آنالیز بیزی نسبت داد. چون این روش بسیار دقیق و پرهزینه است و پارامترهای ژنتیکی را با دقت بالایی پیش بینی می کند. در این تحقیق دو روش حداکثر درستنمایی محدود شده و آنالیز بیزی با یکدیگر مقایسه شدند تا قدرتمند بودن روش آنالیز بیزی نشان داده شود. همچنین جهت بررسی ژنهای عمده می توان قبل از به کار گرفتن هرگونه روشهای مولکولی جهت ردیابی اولیه این ژنها از روش آنالیز بیزی استفاده کرد.

تشکر و قدردانی

از وزارت جهاد کشاورزی و مرکز تحقیقات مرغ بومی استان فارس به خاطر تهیه داده‌ها، تشکر و قدردانی می‌شود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

منابع

1. Alijani, S. 2010. Major genes detection in farm animals using statistical Bayesian and molecular methods. PHD Thesis. Tehran University, Karaj, Iran. 142 pp.
2. Emamgholi Begli, H., S. Zerehdaran, S. Hassani, A. Khanahamadi and M.A. Abbasi. 2011. Estimation of genetic and phenotypic correlations of performance and egg quality traits in Yaza native chickens. Animal science Researches. 4(1): 90-97.
3. GhazikhaniShad, A., A. Nejati and H. MehrabaniYeganeh. 2007. Animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian Native Fowls. Journal of Biolgical Sciences. 10(16): 2787-2789.
4. Ghorbani, S.H. and M.A. Kamali. 2007. Genetic trend in economic traits in Iranian native fowl. Journal of Biolgical Sciences. 10: 3215-3219.
5. Ghorbani, S., M. Moradi, M.J. Zamiri and M.A. Kamali. 2008. Study of performance and genetic parameters of economic traits and estimation of breeding coefficient of Fars native chickens. 2008. Pajohesh and Sazandgi. 75: 26-32.
6. Henderson, C.R. 1986. Recent development in variance component estimation. Journal of Animal Science. 63: 208-216.
7. Jasori, M., S. Alijani, N. Pirany, M. Baghernejad and R. Jafarzadeh. 2011. Estimation of genetic parameters of Holstein dairy cattle using Bayesian procedure. 4th Iranian Animal Science Congress. Tehran, Iran. pp: 3022-3025.
8. Kamali, M.A. 1995. Development of selection indices for indigenous hens of Iran. M.Sc.Thesis, Godollo University, Hungary.
9. Meyer, K. 1993. DFREML user's notes, Version 2.1 AGBU, university of new England, Armidale. Australlia.
10. Nikbin, S. 1999. Estimation of genetic parameters of Fars native chickens. M.Sc. Thesis. University of Tarbiat Modares. Tehran, Iran.
11. Nurgiartiniigsih, V.M.A., N. Mielenz., R. Preisinger and R. Schuler. 2004. Estimation of genetic parameter base on individual and group mean records in laying hens. British Poultry Science. 45: 604- 610.
12. Prado Gonzalez, E.A., L. Ramirez-Avila and J.C. Segura Correa. 2003. Genetic parameter for body weight Creole chicken from southeastern Mexico using and animal model. Livestock Res. Rural Develop., 15(1). www.Irrd.cipav.org.co
13. SAS institute. 2003. SAS/STAT Users Guide (Ver 9.1). SAS Institute, Inc., Cary, NC.
14. Szydłowski1, M. and T. Szwaczkowski. 2001. Bayesian segregation analysis of production traits in two strains of laying chickens. Journal of Poultry Science. 80:125-131.
15. Unver, Y., Y. Akbas., M.Z. Firat And I. Oguz. 2002.Estimation of heritability for egg production in laying hens using MIVQE, ML, REML and Gibbs sampling methods. 7th world congress on applied genetics to livestock production. pp: 19-23.
16. Van Tassell, C.P. and L.D. Van Vleck. 1995. A Manual for Use of MTGSAM. USDA. ASR. Draft. 89 pp.
17. Van Tassell, C.P. and L.D. Van Vleck. 1996. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and Likelihood-based (Co)variance component inference. Journal of Animal Science. 74: 2586-2597.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

Comparison of Tow Restricted Maximum Likelihood (REML) and Bayesian Statistical Methods for Estimating Genetic Parameter of Some Economically Important Traits in Fars Native Chickens

Parvaneh Deimi Ghias Abadi[1], Sadegh Alijani[2], Jalil Shodja Ghias[3] and Nasrolla Pirani[4]

1- Ph.D. Student University of Tabriz (Corresponding author: p.deimi2009@gmail.com)
2 and 3- Assistant Professor and Professor University of Tabriz
4- Associate Professor, University of Shahrekord
Received: 2, October, 2011 Accepted: 28, May, 2012

Abstract

In the present research, performance records of Fars native chicken from years 1988 to 2002 were used. Studied traits were body weight at 12 weeks (BW12), age at sexual maturity (ASM) egg weight (EW) and egg number (EN). Variance Components and genetic, phenotype and environmental correlations were estimated using restriction maximum likelihood (REML) and Bayesian analysis method based on Gibbs sampling technique under univariate and multivariate animal model. Univariate estimation of heritabilities with REML for ASM, EW, EN and BW12 were 0.53, 0.63, 0.33 and 0.53, while, with multivariate model these values were 0.51, 0.64, 0.33 and 0.53, respectively. Heritabilities estimates with Bayesian analysis in univariate model for ASM, EW, EN and BW12 were 0.53, 0.63, 0.34 and 0.55, respectively, while with multivariate model were these values 0.56, 0.58, 0.33 and 0.55, respectively. Genetic and environmental correlations between BW12 and ASM using both methods were negative but phenotypic correlation was positive. Genetic, environmental and phenotypic correlations between BW12 and EW and EN with both methods were positive. The estimates between W12 and EW with REML were 0.5, 0.15 and 0.36, whereas with Bayesian were 0.43, 0.26 and 0.28, respectively. Those estimates between BW12 and EN with REML were 0.03, 0.15 and 0.1, respectively, whereas with Bayesian were 0.19, 0.23 and 0.19, respectively. The above mentioned correlations between ASM and EN were high and negative using both methods. It can be concluded that the estimation of the parameters evalvated using with these two methods are close together.

Keywords: Bayesian segregation analysis, Genetic parameter, Restricted maximum likelihood, Native chicken, Fars province

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]