ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۳
صفحه ۲۰- ۱۳

کاربرد مدل تابعیت تصادفی در تجزیه ژنتیکی تولید تخم مرغ در مرغان بومی استان فارس

Application of random regression model on genetic analysis egg production in native chiken of Fars province

مسعود علی‌پناه*[۱]، زهرا محمدی[۲]، مسعود اسدی‌فوزی[۳]، محمد رکوعی[۲]

۱- دانشیار، دانشگاه تربت حیدریه
۲- به ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد و استادیار، دانشگاه زابل
۳- استادیار، دانشگاه باهنر کرمان

Alipanah M[*1], Mohammadi Z[2], Asadi Fouzi M[3], Rokouei M[2]

1. Associate professor, Torbat e Heydarie University
2. Graduate Student and Assistant Professor, Zabol University
3. Assistant Professor, Kerman University

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی:alipanah.masoud@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۱/۲/۱۸- تاریخ پذیرش: ۹۲/۶/۴)

چکیده

در این تحقیق تغییرات ژنتیکی رکوردهای دوره‌ای تعداد ۲۱۲۴۵ تخم مرغ با استفاده از مدل تابعیت تصادفی مورد بررسی قرار گرفت. اطلاعات رکوردگیری شده مربوط به ۲۳۱۰ پرنده بود که فرزندان ۴۶ پدر و ۶۱۸ مادر بودند. بدین منظور ۲۲۵۷، ۲۲۰۵، ۲۱۰۲، ۱۹۶۵ رکورد تعداد تخم مرغ به ترتیب در ۳۲-۲۰ هفتگی، ۴۴-۳۳ هفتگی، ۵۶-۴۵ هفتگی، ۶۸-۵۷ هفتگی جمع‌آوری شدند. در مدل مورد استفاده کلیه اثرات ثابت (سن و نوبت جوجه‌کشی) و اثرات تصادفی (اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات محیط دائمی حیوان) گنجانده شدند. تجزیه ژنتیکی مشاهدات با استفاده از مدل تابعیت تصادفی با درجات برازش ۲ تا ۴ برای اثرات ژنتیکی افزایشی و اثرات محیط دائمی پرنده انجام شد. بر این اساس مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش سه برای اثرات ژنتیکی افزایشی و درجه برازش دو برای اثرات محیط دائمی حیوان به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. مقدار وراثت پذیری برآورد شده برای دوره اول، دوم، سوم و چهارم به ترتیب ۰/۴۳، ۰/۱۲، ۰/۱۶ و ۰/۱۱ به دست آمد. نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی نیز از ۰/۳۸ برای دوره اول به ۰/۶ برای دوره چهارم افزایش یافت. در این مطالعه همبستگی های ژنتیکی بین دوره‌های مختلف تولید تخم مرغ برآورد شد. همبستگی‌های ژنتیکی نشان داد که تولید تخم مرغ در هر دوره تولید از نظر ژنتیکی یک صفت جداگانه محسوب می‌شود. انتخاب بر اساس تعداد تخم مرغ در اوایل تولید می‌تواند در بهبود ژنتیکی تولید تخم‌مرغ در تمامی دوره‌های تولید سودمند باشد. هر چه رکوردهای تولید بیشتر باشد می‌توان دقت انتخاب و در نتیجه میزان پیشرفت ژنتیکی را افزایش داد.

واژه‌های کلیدی

تابعیت تصادفی
تجزیه ژنتیکی
تولید تخم‌مرغ
مرغان بومی استان فارس
همبستگی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

مقدمه

هدف از اصلاح نژاد حیوانات، افزایش سود آوری از طریق بهبود یک یا چند صفت اقتصادی در آن ها است. اصلاح نژاد حیوانات مزرعه با گذشت زمان پیچیده‌تر می‌شود به طوری که روش‌های ارزیابی حیوانات اهلی در چند دهه اخیر دائما در حال تغییر بوده است. نتایج استفاده از این روش ها بهبود و افزایش شایستگی ژنتیکی حیوانات برای صفات تولیدی است که برنامه‌های سازمان یافته اصلاح نژادی در آنها دنبال می‌شود (Poso et al. 1998). برای تعیین مناسب‌ترین معیار انتخاب چندین عامل را باید در نظر گرفت که مهمترین آنها شامل وراثت پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات، ارزش اصلاحی و غیره می‌باشد. لذا قبل از طراحی یک برنامه اصلاح نژادی بایستی این عوامل بررسی شوند (Emam joma kashan 1997)). برای برآورد دقیق پارامترهای ژنتیکی، برازش مناسب‌ترین مدل آماری جهت تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها ضروری است. افزایش تولید تخم مرغ هدف اصلی در اصلاح نژاد طیور می‌باشد. صفت تولید تخم مرغ یک صفت اقتصادی مهم در برنامه انتخاب طیور می‌باشد. در اصلاح نژاد مرغ‌ها، بهبود ژنتیکی برای افزایش کارایی اقتصادی و تولیدی مهمترین نقش را داشته است (Hagger 1994). مطالعات زیادی نشان داده است که صفت تولید تخم مرغ تحت کنترل ژن‌هایی است که بیان آنها با افزایش سن تغییر می‌کند. بنابراین تولید تخم مرغ در طول دوره تخمگذاری (ابتدا و پایان) یکسان نیست (Kranis et al. 2007). درطراحی یک برنامه اصلاح نژادی، برآورد پارامترهای ژنتیکی حائز اهمیت است. مدل تابعیت تصادفی که بر مبنای تابع کوواریانس می‌باشد وقتی بکار می‌رود که مشاهدات تکراری در زمان‌های مختلف برای یک صفت در دسترس باشد (Lewis and Brother Stone 2002). تابع کوواریانس یک تابع پیوسته است که همبستگی بین اندازه‌های مختلف یک صفت را در زمان‌های مختلف در نظر می‌گیرد (Vander Werf and Scheffer 1997). هدف از تحقیق حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی و همچنین تغییرات ژنتیکی صفت تولید تخم مرغ در طول دوره تولید در طیور بومی استان فارس با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق در مجموع تعداد ۲۱۲۴۵ رکورد روزانه تخم مرغ برای برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید تخم مرغ از رکوردهای نسل هشتم مورد استفاده قرار گرفت. رکوردهای مورد بررسی مربوط به تعداد ۲۳۱۰ قطعه مرغ می‌باشد. این مرغ ها فرزندان ۴۶ پدر و ۶۱۸ مادر می‌باشند. این رکوردها مربوط به ۴ دوره سه ماهه صفت تولید تخم مرغ مربوط به نسل هشتم (۲۰-۳۲ هفتگی، ۳۳-۴۴ هفتگی، ۴۵-۵۶ هفتگی و ۵۷-۶۸ هفتگی) می‌باشند. داده‌ها با نرم‌افزارهای Foxpro، Lynux، Excel ویرایش شدند. ابتدا با استفاده از مدل یک متغیره، اثرات ثابت و تصادفی مهم و معنی دار تعیین شدند. سپس با استفاده از مدل تابعیت تصادفی و نرم افزار AsReml (Gilmour et al. 2002) پارامترهای ژنتیکی برآورد شدند.

$$y = xb + \sum_{j=0}^{k-1} z_j a_j + \sum_{j=0}^{k-1} z_j p_j + e \sum_{n=1}^{np}$$

در این مدل: y، بردار مشاهدات؛ b، بردار اثرات ثابت؛ a بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی پرنده برای j امین چند جمله‌ای؛ P_j، بردار ضرایب تابعیت تصادفی محیط دائمی پرنده برای j امین چند جمله‌ای؛ e، بردار باقی مانده؛ x و z_j ماتریس‌های طرح اثرات ثابت و تصادفی.

اثرات ثابت در این مدل سن و نوبت جوجه‌کشی بودند. همچنین، عوامل تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیط دائمی پرنده و باقی مانده بودند. برای تعیین مدل مناسب تابعیت تصادفی مدل تابع چند جمله‌ای متعامد Legendre با توان ۱، ۲، ۳ (k=۲،۳،۴) برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی در نظر گرفته شد. برای مقایسه مدل‌ها از آزمون نسبت درستنمایی BIC (Wolfinger 1993) استفاده شد و منجر به انتخاب مدل مناسب با تعداد پارامترهای بیشتر شد. آنالیزها براساس مدل تابعیت تصادفی انجام شد و پارامترهای ژنتیکی در دوره های مختلف برآورد شد.

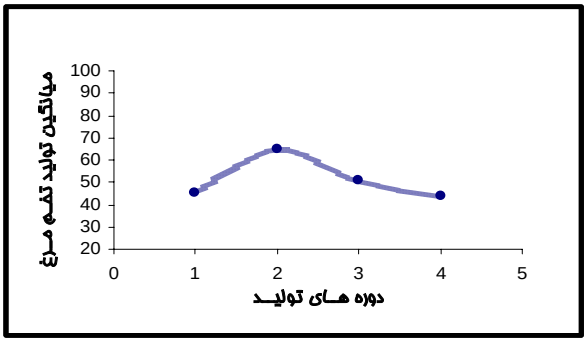
$$BIC = -Logl + q \times Log(n - p)$$

Logl لگاریتم حداکثر درستنمایی، q تعداد پارامترهای (کو)واریانس برآورد شده، n تعداد مشاهدات، (n-p) درجه آزادی باقیمانده

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

نتایج و بحث

صفت تولید تخم مرغ مربوط به نسل هشتم به صورت چهار دوره سه ماهه ۳۲-۲۰ هفتگی، ۴۴-۳۳ هفتگی، ۵۶-۴۵ هفتگی و ۶۸-۵۷ هفتگی در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت. هر دوره به عنوان یک صفت مجزا در نظر گرفته شد. در اصلاح نژاد طیور صفت تولید تخم مرغ اهمیت نسبتا زیادی دارد. میانگین، تعداد رکوردها، انحراف معیار و ضریب تغییرات صفت مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. با توجه به میانگین تولید تخم مرغ در کل دوره‌های تخم‌گذاری بیشترین و کمترین تعداد تخم مرغ، به ترتیب مربوط به دوره دوم (دوره پیک تولید) و دوره چهارم بود. تولید تخم مرغ از زمان شروع تولید تا ۶ ماه پس از آن افزایش می‌یابد و پس از آن تا پایان دوره کاهش می‌یابد (شکل ۱).



شکل ۱- منحنی تولید تخم مرغ در دوره های مختلف

نتایج تجزیه واریانس تعداد تخم مرغ تجمعی در چهار دوره مختلف در جدول ۲ آمده است. این نتایج نشان می‌دهد که عوامل محیطی شامل هچ و سن دارای اثر معنی‌داری ($P<$ ۰/۰۱) بر تولید تخم مرغ در دوره‌های مختلف بودند.

به منظور شناسایی بهترین مدل تابعیت تصادفی جهت تجزیه رکوردهای تولید تخم مرغ در مرغان بومی استان فارس که دارای حداقل تعداد پارامترها جهت برآورد باشد، درجات مختلف برای تابعیت‌های تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم (k_a) و محیط دائمی پرنده (k_q) در مدل مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به نتایج سایر تحقیقات Kranis et al. (2007) and Luo (2007) برای تعیین مدل مناسب تابعیت تصادفی تابع چند جمله‌ای Legendre از توان ۱، ۲ و ۳ و میزان ۴، ۳، ۲ =k برای در نظر گرفتن تولید تخم مرغ برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی استفاده شد. خلاصه‌ای از ساختار مدل‌های مورد بررسی به همراه لگاریتم حداکثر درستنمایی حاصل، در زمان رسیدن به همگرایی در صورت تجزیه رکوردها با مدل مربوطه در جدول ۳ ارائه شده است. بر طبق معیار BIC، مدل تابعیت تصادفی با چند جمله‌ای Legendre، درجه سه برای اثرات ژنتیکی افزایشی و درجه دو برای اثرات محیط دائمی، به عنوان یک مدل مطلوب برای تولید تخم مرغ در مرغان تخمگذار بومی انتخاب شد. در مدل سه حداکثر واریانس ژنتیکی مربوط به دوره اول تولید می‌باشد. در تحقیقی که توسط Anang et al. (2000) انجام گرفت واریانس ژنتیکی در ابتدا دوره تولید بالا و سپس کاهش یافت و بعد از ماه سوم تولید تا پایان دوره تولید افزایش یافت. روند تغییرات مقدار وراثت‌پذیری مشاهده شده در مدل (شکل۲) تقریبا با نتایج سایر محققین مطابقت داشت (Flock 1997; Anang et al. 2000). همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم و همبستگی‌های فنوتیپی بین دوره‌های مختلف بر اساس مدل سه در جدول ۴ نشان داده شده است. برآورد مولفه‌های واریانس- کوواریانس به منظور برآورد مولفه‌های واریانس- کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی، ابتدا باید ماتریس ضرایب تابعیت واریانس- کوواریانس ژنتیکی افزایشی (Ka) و محیط دائمی (Kp) محاسبه شوند. جداول ۴ و ۵ به ترتیب مقادیر Ka و Kp مربوط به مدل سه (Ka=۳، Kpe=۲) را نشان می‌دهند. سپس با استفاده از مقادیر Ka و Kp مولفه‌های واریانس- کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی برای چهار دوره زمانی مختلف دوره اول (۳۲-۲۰ هفتگی)، دوره دوم (۴۴-۳۳ هفتگی)، دوره سوم (۵۶-۴۵ هفتگی) و دوره چهارم (۶۸-۵۷ هفتگی) برآورد شد.

همانطور که در شکل۲ مشاهده می‌شود، در مدل سه حداکثر واریانس ژنتیکی مربوط به دوره اول تولید می‌باشد. این مدل به عنوان بهترین مدل انتخاب شده است. در تحقیقی که توسط Anang et al. (2000) انجام گرفت واریانس ژنتیکی در ابتدا دوره تولید بالا و سپس کاهش یافت و بعد از ماه سوم تولید تا پایان دوره تولید افزایش یافت. تحقیقات حداکثر واریانس ژنتیکی را در ابتدا دوره تولید برآورد کردند و روند مشابهی را برای مولفه‌های

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

جدول۱- میانگین، تعداد رکوردها و انحراف معیار تعداد تخم مرغ تولید شده در دوره های مختلف تولید

صفات (هفته تولید)	تعداد رکورد	میانگین	میانگین حداقل مربعات	انحراف معیار	ضریب تغییرات
۲۰-۳۲	۲۲۵۷	۴۵/۴۳	۵۴/۴۲	۱/۴۱	۳۲/۲۱
۳۳-۴۴	۲۲۰۵	۶۴/۶۲	۶۲/۲۸	۲۱/۲۱	۳/۰۵
۴۵-۵۶	۲۱۰۲	۵۱/۰۱	۴۹/۵۹	۱۳/۴۳	۳/۷۹
۵۷-۶۸	۱۹۵۶	۴۳/۷۴	۴۲/۵۴	۳۶/۰۶	۱/۲۱

جدول ۲- تجزیه واریانس صفت تعداد تخم مرغ مرغان بومی در یک نسل تولید

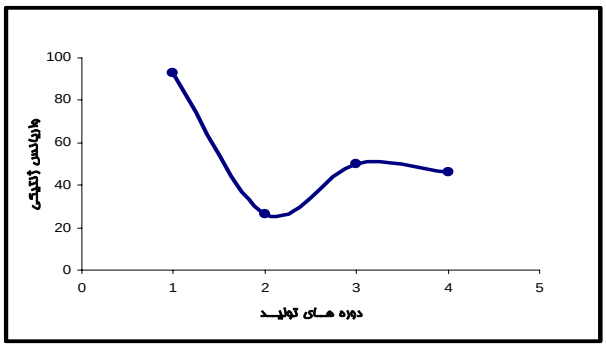
منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مجموع مربعات	F
هچ	۴	۲۰۶/۵۲	۵۱/۶۳	۱۵۶/۳۹**
سن	۳	۱۵۴/۸۹	۵۱/۶۳	۲۸۳/۹۵**

جدول۳- درجه برازش برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم (K_a)، اثرات محیط دائمی(k_{pe})، تعداد پارامترهای تخمین زده شده (np)، مقادیر لگاریتم درستنمایی (Logl)، معیار اطلاعات آکیاکی (Akaike (AIC، معیار اطلاعات بیزی Bayesian (BIC) برای RRM داده های تولید تخم مرغ به روش تابعیت تصادفی

مدل	درجه برازش		np	LogL	BIC
	K_a	K_{pe}			
۱	۲	۱	۹	-۲۶۸۶۰/۳	۱۰۵۳۲۷/۶۵۶
۲	۲	۲	۱۲	-۲۶۸۳۲/۵	۱۰۵۲۳۰/۴۴
۳	۳	۲	۱۶	-۲۶۸۲۹/۱	۱۰۵۲۳۲/۷۹۲
۴	۳	۳	۲۰	-۲۶۸۲۹/۱	۱۰۵۲۴۸/۴۷۲

واریانس ژنتیکی گزارش کردند (Flock 1977; Foster 1981). در این تحقیق حداکثر واریانس ژنتیکی افزایشی مربوط به دوره اول می باشد. در این بررسی تنوع ژنتیکی می تواند به واسطه تنوع در زمان بلوغ جنسی باشد (بعضی مرغان بومی در ۵ ماهگی و بعضی دیگر در ۶ ماهگی به سن بلوغ جنسی رسیده‌اند). همچنین در دوره اول شدت تولید، مداومت تخمگذاری و قابلیت زنده مانی بیشترین تاثیر را بر تولید تخم مرغ داشت و بتدریج اثر زنده مانی و مداومت تخمگذاری در دوره‌های بعدی کاهش یافت. در تحقیقات مشاهده شده که تصحیح اثر بلوغ جنسی، واریانس ژنتیکی را کاهش می‌دهد.

با توجه به شکل۳ واریانس محیط دائمی حیوان نیز با افزایش سن روند صعودی دارد یعنی با افزایش سن تأثیر محیط بر تولید تخم مرغ بیشتر می‌شود. نتایج سایر محققان نیز مشابه این نتایج می‌باشد. به طوری که در تحقیقی که توسط Ledur et al. (2002) بر روی مرغان تخمگذار انجام گرفت، واریانس محیطی در طول دوره تخمگذاری با افزایش سن پرنده افزایش یافت.



شکل۲- روند تغییرات واریانس ژنتیکی در تولید تخم مرغ در طی دوره های مختلف

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

جدول۴- همبستگی های ژنتیکی (پائین قطر اصلی) و فنوتیپی (بالای قطر اصلی) بین دوره‌های مختلف تولید (مدل۳)

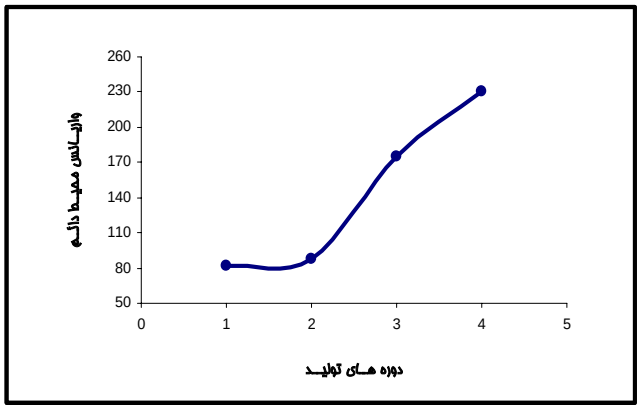
هفته های تولید	۲۰-۳۲	۳۳-۴۴	۴۵-۵۶	۵۷-۶۸
۲۰-۳۲	-	-۰/۴۲	-۰/۵۹	-۰/۲۹
۳۳-۴۴	-۰/۳۴	-	۰/۷۵	۰/۱۴
۴۵-۵۶	-۰/۶۲	۰/۷	-	۰/۵۹
۵۷-۶۸	-۰/۲۶	۰/۲۷	۰/۲۷	-

جدول۵- ماتریس ضرایب واریانس- کوواریانس ژنتیکی افزایشی(Ka)

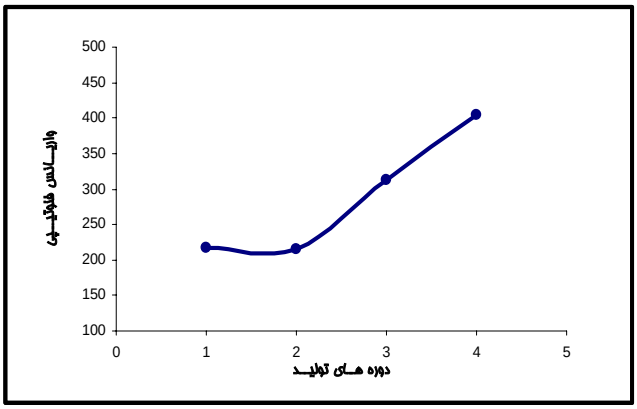
	Ka0	Ka1	Ka2	Ka3
Ka0	۳۹/۱۶			
Ka1	۱۶/۶۲	۲۴/۴۵		
Ka2	-۱۱/۳۰	-۸/۹۷	۱۴/۶۱	
Ka3	-۰/۳۷۹	-۱/۲۵	-۲/۷۴	۲/۲۰۷

جدول۶- ماتریس ضرایب واریانس- کوواریانس محیط دائمی(Kp)

	Kp0	Kp1	Kp2
Kp0	۱۴۰/۹		
Kp1	۶۷/۲۸	۷۰/۸۶	
Kp2	-۵۱/۹۹	-۱۰/۹۴	۳۸/۱۹



شکل۳- روند تغییرات واریانس محیط دائم در تولید تخم مرغ در طی دوره-های مختلف



شکل۴- روند تغییرات واریانس فنوتیپی در تولید تخم‌مرغ در طی دوره‌های مختلف

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

بدیهی است که واریانس فنوتیپی برای هر دوره خاص بوسیله جمع مولفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیط دائمی پرنده و باقی مانده برآورد شده برای آن دوره مورد نظر برآورد می‌شود. شکل۴ نشان‌دهنده واریانس فنوتیپی برآورد شده برای تعداد تخم مرغ در دوره‌های مختلف می باشد که با توجه به شکل، واریانس فنوتیپی در دوره‌های مختلف یکسان نیست. در این تحقیق، واریانس فنوتیپی با بالا رفتن سن روند افزایشی نشان داد که روندی مشابه با تحقیقات Van Vlek and Doolittle (1964; Wolc et al. 2007) بود. برآوردهای حاصل از پارامترهای ژنتیکی تعداد تخم مرغ در چهار دوره مختلف در جدول ۷ آمده است. به نظر می‌رسد برآورد پارامترهای ژنتیکی تعداد تخم مرغ در مرغ تخمگذار برای هر جمعیت مخصوص است و بستگی به محیط و نژاد دارد. همانطور که در جدول ۷ مشاهده شد در مدل سه که به عنوان مطلوب‌ترین مدل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی در این تحقیق به شمار می‌رود، بیشترین مقدار وراثت پذیری مربوط به دوره اول (۰/۴۳) می‌باشد و کمترین مربوط به دوره چهارم (۰/۱۱) است. که روند تغییرات مقدار وراثت‌پذیری مشاهده شده در مدل تقریبا با نتایج Anang et al. (2000) و Flock (1997) مطابقت داشت. در تحقیقاتی که با استفاده از مدل تابعیت تصادفی بر روی مرغان گوشتی صورت گرفت همانند نتایج حاصل در این بررسی، مدل سه مناسب‌ترین مدل برای تشریح صفت تعداد تخم مرغ بود ولی مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده در این مطالعه، همخوانی بیشتری با برآوردهای حاصل برای مرغان تخمگذار در مقایسه با گوشتی نشان داد (Luo 2007). وراثت‌پذیری با سن فیزیولوژیکی کاهش می‌یابد که در نتیجه افزایش سریع در واریانس محیطی نسبت به واریانس افزایشی می‌باشد. وراثت‌پذیری به دلیل افزایش واریانس ژنتیکی و کاهش واریانس محیطی تغییر می‌کند. در دوره اول وراثت پذیری بالا تخمین زده شده چون بالاترین واریانس ژنتیکی در این دوره مشاهده شده است. (تعداد مشاهدات نسبت به سایر دوره ها بیشتر بوده). همچنین این امر ممکن است بدلیل این باشد که این پرندگان در دوره اول دارای تنوع بیشتر در سن بلوغ و شدت بالاتر تولید (روزهای پی در پی که پرندگان تخم می گذارند) بودند (شکل۵). در دوره دوم وراثت پذیری کاهش نشان داد، که می تواند به علت تلفات پرندگان، حذف آنها، به تولک رفتن آنها، تعداد و طول دوره کلاچ و یکنواختی در سن بلوغ و همچنین، افزایش در واریانس فنوتیپی باشد. تصحیح اثر بلوغ واریانس ژنتیکی افزایشی را کاهش می‌دهد و در نتیجه وراثت پذیری کاهش می‌یابد. نسبت واریانس محیط دائمی پرنده به واریانس فنوتیپی در دوره‌های تولید در شکل ۶ نشان داده شده است. با توجه به نتایج، این نسبت با افزایش سن تولید روند صعودی داشته است که Luo (2007) در تحقیقات خود روی تولید تخم مرغ در جوجه‌های گوشتی چنین روندی را گزارش کرد.

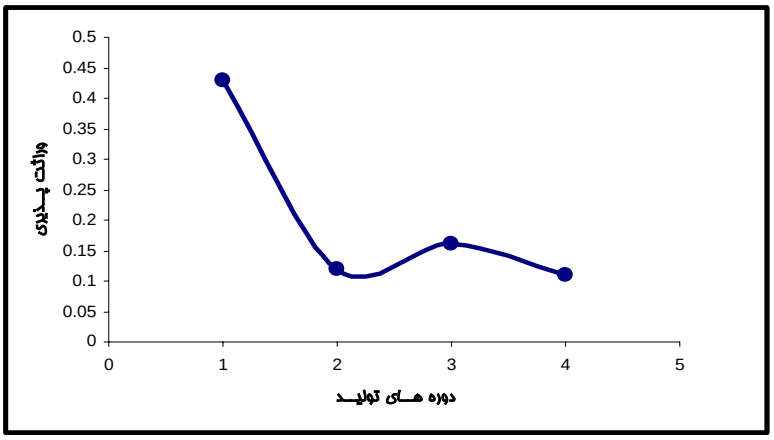
با توجه به برآورد مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس برای هر دوره تولید تخم مرغ، همبستگی بین دوره های تولیدی خاص نیز قابل برآورد است. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم و همبستگی های فنوتیپی بین دوره‌های مختلف بر اساس مدل سه در جدول ۴ نشان داده شده است.

با توجه با این جدول همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین دوره اول با تمام دوره‌های دیگر، منفی بدست آمد. حداکثر همبستگی‌ها بین سنین مجاور بود و میزان این پارامترها در اکثر موارد به موازات افزایش فاصله بین روزهای سنی کاهش یافت بطوریکه میزان همبستگی‌های مذکور بین سنین دور از هم پایین بود. به طور کلی می‌توان گفت همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی با افزایش تعداد روزهای بین رکوردها کاهش می‌یابد. چنین روندی برای همبستگی‌ها توسط Wolc et al. (2007) نیز در تجزیه رکوردهای مرغان تخمگذار سه نژاد مختلف گزارش شده است.

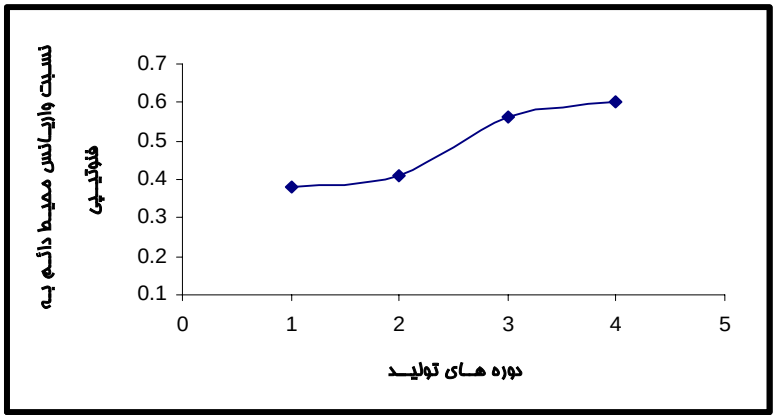
نتیجه‌گیری

نتایج این تحقیق نشان می دهد وراثت‌پذیری صفت تعداد تخم مرغ تولید شده با افزایش، کاهش می‌یابد بطوریکه وراثت‌پذیری این صفت در اولین دوره تولید زیاد (۰/۴) و در دوره‌های بعدی حدود ۰/۱ برآورد شد. بنابراین با انجام انتخاب می‌توان این صفت را از نظر ژنتیکی بهبود بخشید اما میزان این بهبود در دوره‌های

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]



شکل۵- روند تغییرات وراثت‌پذیری تولید تخم مرغ در دوره‌های تولید



شکل۶- روند تغییرات نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی حاصل از مدل ۳

جدول ۷- برآورد وراثت‌پذیری (h^2) نسبت واریانس محیط دائمی پرنده حیوان به واریانس فنوتیپی (p_e) و واریانس فنوتیپی (vp) تعداد تخم مرغ در دوره‌های مختلف (مدل۳)

		هفته تولید	۲۰-۳۲	۳۳-۴۴	۴۵-۵۶
مدل ۳	h^2	۰/۴۳	۰/۱۲	۰/۱۶	۰/۱۱
	Pe^2	۰/۳۸	۰/۴۱	۰/۵۶	۰/۶
	Vp	۲۱۶/۱۷	۲۱۴/۲۹	۳۱۳/۴۳	۴۰۵/۱۴

پس از دوره اول کمتر پیش بینی می‌شود. همبستگی ژنتیکی بین دوره اول با سایر دوره‌ها کم تا متوسط برآورد شد بنابراین انتخاب حیوان براساس رکورد اولین دوره تولید معیار دقیقی برای کل دوره تولید نمی‌باشد. بنابراین پیش‌بینی می‌شود با استفاده از رکوردهای بیشتر مثلا دوره اول و دوم دقت انتخاب و در نتیجه پیشرفت ژنتیکی افزایش یابد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]

منابع

Emam joma kashan N (1997) Genetic Evaluation in animal science. Nas press, Tehran, Iran (In Farsi).

Anang A, Mielenz N, Schuler L (2000) Genetic and phenotype parameter for monthly egg production in white leghorn hen. Journal of Animal Breeding and Genetics 117:407- 415.

Flock DK (1977) Genetic analysis of part-record egg production in a population of white leghorn under long-term RRS. Zeitschrift für Tierzuchfung Und Zuchtungs Biologie 94:89-103.

Foster WH (1981) The estimation of rate of lay from part-record data. Brithish Poultry Scince 22:399-405.

Gilmour AR, Gogle BJ, Gullis BR, Welham SJ, Thompson R (2002) AsRemel user Guide Release 1.0 VSN International Ltd., Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.

Hagger C (1994) Genetic correlations between body weight of cocks and production traits in laying hens, and their possible use in breeding schemes. Poultry Science 73:381-387.

Kranis GSU, Sorensen D, Woolliams JA (2007) The application of Random regression models in the Genetic Analysis of monthly egg production in turkeys. Poultry Science 86:470-475.

Ledur MC, Lilijedahl LE, Mcmillan I, Asselstine L, Fairfull RW (2002) Genetic effects of aging on egg quality traits in the first laying cycle of white leghorn strains and strain crosses. Poultry Science 81:1439-1447.

Lewis RM, Brother Stone S (2002) A genetic evaluation of growth in sheep using random regression. Journal of Animal Science 74: 60-70.

Luo PT (2007) Estimation of Genetics Parameters for Cumulative egg number in a Broiler Dam line by using a Random Regression. Poultry Science 86: 30-36.

Poso J, Mantyssari EA, Lidauer M, Stranden I, Kettunen A (1998) Empirical bais in the pedigree indices of heifers evaluated using test day model. Proceeding of 6th word congress Genetics Applied Livestock Production. Armidale, Australia 23: 339-342.

Van Vlek LD, Doolittle DP (1964) Genetic parameters of monthly egg production in the Cornell Controls. Poultry Science 43:560-567.

Vander werf JHJ, Scheffer LR (1997) Random regression in animal breeding. Course notes. CGIL Guelph, June 25-28.

Wolc A, Lisowski M, Szwaczkowski T (2007) Hertability of egg production in Laying hens under cumulative, multitrait and repeated measurement animal model. Czech Journal of Animal Science 52:254-259.

Wolfinger RD (1993) Covariance structure in general mixed models. Communications in statistics 2213:1079-1106.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.3.2]