Shahid Bahonar University of Kerman
Agricultural Biotechnology Journal
Iranian Biotechnology Society
Print ISSN: 2228-6705 Online ISSN: 2228-6500

Estimates of Genetic Parameters of Growth Traits in Rayeni Cashmere Goat Using Restricted Maximum Likelihood and Bayesian

Masoumeh Mahmoudi
M.Sc. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran.

Masood Asadi Fozi
*Corresponding author. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: masadi@uk.ac.ir

Mahmoud Honarvar
Assistant Professor, Department of Animal Science, Islamic Azad University, City of Ghods Unit, Tehran, Iran. E-mail: honarvar.mahmood@qodsiau.ac.ir

Mahdiye Montazeri
Ph.D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran. E-mail: mahdiyemontazeri@yahoo.com

Abstract

Objective
The restricted maximum likelihood method and the Bayesian method are widely used to estimate the genetic parameters of economic traits in livestock. This research aims to compare the results of genetic analysis of growth traits in Rayeni cashmere goats using these two methods. This breed is mainly bred in Kerman Province, Iran.

Materials and methods
In this research, individual records and pedigree information of the growth traits of Rayeni cashmere goats that were collected from 1370 to 1385 in the breeding station of Rayeni cashmere goats located in Baft City, Kerman province, were used. The traits studied in this research included body weight at birth, three, six, and nine months. Univariate animal model for estimating the variance components and genetic parameters of these traits using two methods, including restricted maximum likelihood and Bayesian-based Gibbs sampling, was used.

Results
Fixed effects, including age, sex, age of dam, type of birth, the effect of year and month of birth, and random effects including additive genetic effect and maternal genetic effects, were significant for all traits. The direct heritability of growth traits from birth to nine was estimated using the

restricted maximum likelihood method as 0.18, 0.14, 0.08, and 0.10, and using the Bayesian method as 0.17, 0.08, 0.09, and 0.19, respectively. Maternal heritability of growth traits was also estimated from birth to nine months using the restricted maximum likelihood method as 0.18, 0.08, 0.09, and 0.09, respectively, and using the Bayesian method as 0.17, 0.06, 0.06, and 0.13, respectively.

Conclusions

The results of this research showed that the efficiency of the two methods of restricted maximum likelihood and Bayesian-based Gibbs sampling for genetic analysis is affected by the amount of data used. In situations such as birth weight, when there is a sufficient record with a suitable structure, both methods have good and similar performance, and each of these two methods can be used; otherwise, the efficiency of both methods will decrease. Therefore, it is necessary to design and implement animal breeding programs where a sufficient number of records with a suitable pedigree structure are collected for the investigated traits.

Keywords: Rayeni cashmere goat, genetic parameters, restricted maximum likelihood method, Bayesian method, growth traits

Paper Type: Research Paper.

Citation: Mahmoudi, M., Asadi Fozi, M., Honarvar, M., & Montazeri, M. (2025). Estimates of Genetic Parameters of Growth Traits in Rayeni Cashmere Goat Using Restricted Maximum Likelihood and Bayesian. *Agricultural Biotechnology Journal,* 17(4), 187-204.

Agricultural Biotechnology Journal, 17(4), 187-204. DOI: 10.22103/jab.2025.24971.1678

Received: June 31, 2025. Received in revised form: September 12, 2025.

Accepted: September 13, 2025. Published online: November 30, 2025.

Publisher: Shahid Bahonar University of Kerman & Iranian Biotechnology Society.

Introduction

Goat farming is a widespread agricultural activity, and its products enjoy promising market demand. The global goat population has steadily increased even in regions with developed economies, despite changes in agrarian practices brought about by industrialization, globalization, and technological advancements. Goats are primarily raised for meat, milk, and fiber production. Goat farming plays a vital role in supporting the livelihoods of farmers in arid and semi-arid regions, including significant parts of Iran. Recently, goat meat has been considered a main source of animal protein in many countries in North Africa, Southeast Asia, and other parts of Asia, and it can be regarded as an important protein source elsewhere. In Iran, as well, goat meat is recognized as a source of animal protein. Considering the country's growing population,

improving the efficiency of goat meat production through the design and implementation of breeding programs is crucial. Determining genetic parameters of target traits and selection criteria is are key component of such breeding programs. Moreover, the accuracy of estimating these genetic parameters significantly affects the success of breeding efforts. For estimating variance components from balanced and unbalanced data, specific methods such as Restricted Maximum Likelihood (REML) and Bayesian approaches are employed, especially for unbalanced data. So far, no studies have evaluated growth traits in Rayeni cashmere goats using both REML and Bayesian methods. This breed is mainly found in various areas of Kerman Province. The primary objectives of raising Rayeni cashmere goats are, in order, meat, milk, and fiber production. Generally, the number of kids decreases after birth due to various reasons, such as mortality, which in turn reduces the number of available records for postnatal traits. Previous research also shows that data size and structure significantly influence the accuracy of genetic parameter estimation. Therefore, this study aimed to estimate the genetic parameters of growth traits using a univariate model and both REML and Bayesian methods in Rayeni cashmere goats, to evaluate the effectiveness of both methods under limited data conditions.

Materials and methods

In the present study, data on growth traits of Rayeni cashmere goats collected over 15 years (1991–2006) were used. It should be noted that the data were gathered by the Rayeni Cashmere Goat Breeding and Improvement Center located in Baft city, Kerman Province, and we did not interact directly with the recorded animals. Appropriate univariate models were used for the genetic analysis of body weight at each of the ages studied. The fixed effects in the models included year and month of birth, sex, dam age, type of birth, and animal age in days (as a covariate). In Model [a], in addition to fixed effects, direct additive genetic effects and random residual effects were included ($y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z}_1a + e$ [a]). To assess the importance of maternal genetic effects, Model [b] was used, which was derived from Model [a] by adding maternal genetic effects. The covariance between direct and maternal genetic effects was assumed to be zero ($y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z}_1a + \mathbf{Z}_2m + e$ ($\sigma_{am} = 0$) [b]). To evaluate the importance of the covariance between direct and maternal genetic effects, Model [c] was applied. This model included fixed effects, direct and maternal genetic effects, their covariance, and residual effects ($y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z}_1a + \mathbf{Z}_2m + e$ ($\sigma_{am} \neq 0$) [c]). Model [d] was derived by adding permanent maternal environmental effects to Model [c]. Thus, it included all fixed and random effects ($y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z}_1a + \mathbf{Z}_2m + \mathbf{W}m_{pe} + e$ ($\sigma_{am} \neq 0$) [d]). In the models, y is individual records of body weight at each age; b is vector of fixed effects; a is vector of direct additive genetic effects; m is vector of maternal genetic effects; mpe is vector of maternal permanent environmental effects; e is vector of residuals and $\boldsymbol{X}$, $\boldsymbol{Z_1}$, $\boldsymbol{Z_2}$, $\boldsymbol{W}$ are the incidence matrices for fixed, direct genetic, maternal genetic, and maternal permanent environmental effects, respectively.

Results

In the Results section of a quantitative paper, summarize the collected data and the results of any analyses performed on those data relevant to the discourse that is to follow. Report the data in sufficient detail to justify your conclusions. Mention all relevant results, regardless of whether your hypotheses were supported, including results that run counter to expectation; include small effect sizes (or statistically nonsignificant findings) when theory predicts large (or statistically significant) ones. Do not hide uncomfortable results by omission. In the spirit of data sharing, raw data, including study characteristics and individual effect sizes used in a meta-analysis, can be made available as supplemental materials or archived online. However, raw data (and individual scores) generally are not presented in the body of the article because of length considerations. Analyze data and report findings, including effect sizes and confidence intervals or statistical significance levels.

Conclusions

The results showed that adding maternal genetic effects to the direct additive genetic effects in Model [b] led to a significant increase in the log-likelihood value of the model for birth weight, 3-month, 6-month, and 9-month weights. However, including the covariance between direct and maternal genetic effects and the maternal permanent environmental effects did not significantly improve the model. Therefore, Model [b] was used for further genetic analyses. Previous studies have emphasized the importance of pedigree relationships, number of offspring per dam, and percentage of dams with records for accurate maternal effect estimation. Accordingly, the data structure was examined first. Both REML and Bayesian methods produced similar estimates of direct and maternal heritability for birth weight, but this similarity diminished at older ages, reaching its lowest at 9 months. The number of records at birth, 3, 6, and 9 months were 4,117, 2,948, 2,597, and 1,460, respectively, indicating the highest number of records at birth and a sharp decline afterward. The dataset structure also showed that 100% of sires and dams had records for birth weight, but this decreased to 68.62% of sires and 54.83% of dams at 9 months. Similarly, the average number of offspring per sire for birth weight was 20.18, while for 3, 6, and 9 months weights it dropped to 15.59, 13.74, and 10.42, respectively. Furthermore, while 100% of animals had birth weight records, only 35.46% had records at 9 months. Genetic parameters of body weight traits in goats have previously been estimated using REML and Bayesian methods across various breeds and models. The studies differ in data structure and models used, leading to varying estimates. It is well established that proper data structure and sufficient sample size are crucial for accurate genetic parameter estimation. Although the present findings fall within the general range of previous studies, they do not align well with those that used well-structured data or multivariate models, which tend to yield more accurate results. In those studies, the direct heritability of body weight increases with age, while maternal heritability decreases, which is not observed here. As mentioned, fewer records were available for weights after birth, affecting data

structure and estimate accuracy. In such cases, multivariate models are more appropriate and yield more reliable estimates for traits with sparse records. The univariate REML and Bayesian models used in this study showed that as record numbers decrease, the estimated genetic parameters deviate more from those obtained in multivariate studies. Thus, neither REML nor Bayesian univariate models are sufficiently effective under limited data conditions, and multivariate models are recommended instead. The results indicate that when the data structure is adequate (e.g., birth weight in this study), REML and Bayesian models perform similarly in estimating variance components. However, when data are limited or unbalanced, their effectiveness diverges. Prior studies also show that both methods are effective when enough well-structured data are available.

Author Contributions

Conceptualization, Asadi Fozi, M. and Honarvar, M.; methodology, Asadi Fozi, M. and Honarvar, M.; software, Mahmoudi, M., Asadi Fozi, M. and Honarvar, M.; formal analysis, Mahmoudi, M.; investigation, Mahmoudi, M., Asadi Fozi, M. and Honarvar; resources, Mahmoudi, M., Asadi Fozi, M. and Honarvar; data curation, Asadi Fozi, M.; writing—original draft preparation, Montazeri, M.; writing—review and editing, Asadi Fozi, M. and Montazeri, M.; Asadi Fozi, M,; supervision, Asadi Fozi, M.; project administration, Aadi Fozi, M.; funding acquisition, Asadi Fozi, M. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Data Availability Statement

The datasets used and/or analyzed during the current study are available from the corresponding author on reasonable request.

Ethical Considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Funding

This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

مجله بیوتکنولوژی کشاورزی
شاپا چاپی: ۶۷۰۵-۲۲۲۸ شاپا الکترونیکی: ۶۵۰۰-۲۲۲۸

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی با استفاده از روش های آماری حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی

معصومه محمودی

دانش آموخته کارشناسی ارشد، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران.

مسعود اسدی فوزی

*نویسنده مسئول: استاد، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: masadi@uk.ac.ir

محمود هنرور

استادیار، بخش علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهر قدس، تهران، ایران. رایانامه: honarvar.mahmood@qodsiau.ac.ir

مهدیه منتظری

دانش آموخته دکتری، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران. رایانامه: mahdiyemontazeri@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۱۰ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۴/۰۶/۲۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۶/۲۲

چکیده

هدف: هدف از پژوهش کنونی مقایسه نتایج حاصل از آنالیز ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده و همچنین روش بیزی می‌باشد که برای برآورد پارامتر های ژنتیکی صفات اقتصادی در دام ها بطور وسیع بکار برده می‌شوند.

مواد و روش‌ها: در پژوهش کنونی از رکوردهای انفرادی و اطلاعات شجره‌ای صفات رشد بز کرکی راینی استفاده شد که طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۵ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی راینی واقع در شهرستان بافت، استان کرمان، جمع آوری شده بودند. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل وزن بدن در زمان تولد، سه، شش و نه ماهگی بودند. مدل حیوانی تک صفتی برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی این صفات با استفاده از دو روش حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس استفاده‌شد.

نتایج: اثرات ثابت شامل سن، جنس، نوع تولد، سال و ماه تولد و سن مادر و اثرات تصادفی شامل اثرت ژنتیکی افزایشی و اثرات ژنتیکی مادری برای تمامی صفات معنی‌دار بودند. وراثت‌پذیری مستقیم صفات رشد از تولد تا نه ماهگی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده به ترتیب برابر۰/۰۴ ± ۰/۱۸، ۰/۰۵ ± ۰/۱۴، ۰/۰۷ ± ۰/۰۸ و ۰/۰۸ ± ۰/۱۰ و با استفاده از روش بیزی به ترتیب برابر ۰/۰۴ ± ۰/۱۷، ۰/۰۵ ± ۰/۰۸، ۰/۰۶ ± ۰/۰۹ و ۰/۰۸ ± ۰/۱۹ برآورد گردید. همچنین وراثت‌پذیری مادری صفات رشد از تولد تا نه ماهگی با استفاده از روش حداکثردرستنمایی محدود شده به ترتیب برابر ۰/۰۴ ± ۰/۱۸، ۰/۰۶ ± ۰/۰۸، ۰/۰۷ ± ۰/۰۹ و ۰/۰۸ ± ۰/۰۹ و با اســتفاده از روش بیزی به ترتیب برابر ۰/۰۴ ± ۰/۱۷، ۰/۰۵ ± ۰/۰۶، ۰/۰۷ ± ۰/۰۶ و ۰/۰۸ ± ۰/۱۳ برآورد گردید.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصــل از پژوهش کنونی نشــان داد که کارایی دو روش حداکثر درســتنمایی محدود شــده و بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس برای آنالیز ژنتیکی متأثر از حجم داده‌های مورد استفاده است. در صفاتی مثل وزن تولد که رکورد به اندازه کافی و با ساختار مناسب وجود داشته باشد، هر دو روش کارایی خوب و مشابهی دارند و می‌توان از هرکدام از این دو روش استفاده نمود. در غیر این‌صــورت بازدهی هر دو روش کاهش می‌یابد. بنابراین لازم اســت طراحی و اجرای برنامه‌های اصــلاح نژاد دام به‌گونه‌ای باشد که برای صفات مورد بررسی، تعداد کافی رکورد با ساختار مناسب شجره جمع آوری گردد.

کلمات کلیدی: بز کرکی راینی، پارامترهای ژنتیکی، روش بیزی، روش حداکثر درستنمایی محدود شده، صفات رشد

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: محمودی معصومه، اسدی فوزی مسعود، هنرور محمود، منتظری مهدیه (۱۴۰۴) برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی با استفاده از روش های آماری حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی. *مجله بیوتکنولوژی کشاورزی*، ۱۷(۴)، ۱۸۷-۲۰۴.

Publisher: Shahid Bahonar University of Kerman & Iranian Biotechnology Society.

مقدمه

پرورش بز یک فعالیت کشاورزی گسترده است که محصولات حاصل از آن از تقاضای بازار امیدوارکننده‌ای برخوردار هستند (Mohammadabadi and Tohidinejad, 2017). جمعیت جهانی بز، حتی در مناطقی با اقتصــادهای توســعه‌یافته، با وجود تغییرات در روش‌های کشاورزی ناشی از صنعتی‌سازی، جهانی‌سازی و پیشرفت فناوری به‌طور پیوسته افزایش یافته است (Nejad et al., 2024). بزها عمدتاً برای تولید گوشت، شیر و کرک پرورش داده می‌شوند (Barazandeh et al., 2016). بیشتر بزهای جهان در آسیا و آفریقا متمرکز هستند (Noori et al., 2017). کشورهای در حال توسعه ۹۶ درصد از جمعیت جهانی بز را که به

تولید شیر و گوشت اختصاص دارند، تشکیل می‌دهند، در حالی که تنها ۴ درصد آن ها در کشورهای توسعه‌یافته یافت می‌شوند (Mohammadinejad et al., 2022). جمعیت جهانی بزهای کشمیری حدود ۳۰ میلیون تخمین زده شده است که از این تعداد، تقریباً ۴.۵ تا ۵ میلیون راس در ایران قرار دارند و حدود ۲۰ درصد از کل جمعیت بز را تشکیل می‌دهند (Askari et al., 2011). پرورش بز نقش حیاتی در حمایت از معیشت کشاورزان در مناطق خشک و نیمه‌خشک، از جمله بخش‌های قابل‌توجهی از ایران، ایفا می‌کند (Mohammadinejad et al., 2024). به‌دلیل ارتباط بین سطوح بالای چربی‌های اشباع شده حیوانی در رژیم غذایی و بیماری‌های قلبی–عروقی، بالا رفتن کلسترول خون، انسداد شراین، بالارفتن فشار خون و چاقی مفرط و با توجه به بالا بودن سطح اسیدهای‌چرب غیراشباع و پایین بودن اسیدهای چرب اشباع، گوشت بز به‌عنوان یک گوشت سالم تلقی گردد (Banskalieva et al., 2000). اخیراً گوشت بز به‌عنوان منبع اصلی پروتئین حیوانی در بسیاری از کشورهای شمال آفریقا، جنوب شرق آسیا و نواحی دیگر آسیایی تلقی می‌شود (Corva et al., 2009) و می‌تواند به‌عنوان یکی از منابع مهم تأمین پروتئین حیوانی در نقاط دیگر باشد. در ایران نیز گوشت بز به‌عنوان یکی از منابع تأمین پروتئین حیوانی محسوب می‌شود. با توجه به رشد جمعیت کشور، افزایش بازدهی تولید گوشت بز از طریق طراحی و اجرای برنامه های اصلاح نژادی دارای اهمیت است. اصلاح نژاد دام علم هنر و تثبیت ژن‌های مؤثر در تولید اقتصادی دام می‌باشد که با انتخاب دام‌ها و طیور برتر و با کمک روش‌های آمیزشی مناسب دام و طیور، سود اقتصادی بیشتری را نسبت به نسل‌های قبل ایجاد می‌کند. در واقع، در برنامه‌های اصلاح نژاد دام هدف این است که حیوانات دارای ظرفیت ژنتیکی بالا شناسایی و از آنها به‌عنوان والدین نسل بعد استفاده شود. به این ترتیب انتظار می‌رود که میانگین ظرفیت ژنتیکی نتاج بیشتر از میانگین نسل والدین باشد (Asadi Fozi et al., 2005; Hasani et al., 2010; Asadi Fozi 2016). تعیین پارامترهای ژنتیکی صفات هدف و ملاک های انتخاب از اجزای مهم در یک برنامه اصلاح نژادی می‌باشد. از طرفی، میزان دقت برآورد این پارامترهای ژنتیکی در میزان کارائی این برنامه‌های اصلاح نژادی مؤثر می‌باشد (Hasani et al., 2010; Asadi Fozi 2017). برای برآورد مؤلفه‌های واریانس، روش‌های مختلفی ارائه شده است که در یک تقسیم‌بندی کلی برای داده‌های متعادل و نا متعادل استفاده می‌شود. برای داده‌های متعادل می‌توان از روش تجزیه واریانس که آسان‌ترین روش است، استفاده نمود. اما از آنجایی‌که در دامپروری به‌دلیل استفاده از اطلاعات مربوط به تولیدات دامی، در اغلب موارد مقدار مشاهدات در زیر گروه‌های نامساوی قرار می‌گیرند، در این گونه موارد از روش‌های خاصی از جمله روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و روش بیزی برای برآورد مؤلفه‌های واریانس داده‌های نامتعادل استفاده می‌شود (Gianola & Foulley 1982; Thompson & Meyer 1986). روش حداکثر درستنمایی محدود شده با الگوریتم میانگین اطلاعات به‌عنوان متداولترین روش مطرح می‌باشد. در این روش که مؤلفه‌های واریانس از طریق تکرار و همگرایی برآورد می‌شوند، نمونه‌ها از یک جامعه با توزیع نرمال انتخاب می‌گردند (Asadi Fozi et al., 2012). اما در روش بیزی برآورد یک پارامتر از طریق توزیع پسین می‌باشد و امکان به‌دست آوردن مستقیم میانگین توزیع پسین در بیشتر موارد وجود ندارد. بنابراین نمونه‌هایی با خصوصیات مستقل و یکسان از توزیع پسین تولید می‌شود. روش زنجیره مارکوف مونت کارلو (Markov Chain Monte

Carlo) یک روش شبیه‌سازی عمومی برای نمونه‌گیری از توزیع‌های پیشین و محاسبه توزیع پسین برای کمیت‌های مورد نظر می‌باشد. این روش به طور متوالی نمونه‌ها را از یک توزیع هدف نمونه‌گیری می‌نماید و از آنجا که هر نمونه وابسته به نمونه قبلی می‌باشد، لذا این نوع نمونه‌گیری تشکیل زنجیره مارکوف را می‌دهد و از نمونه‌گیری تولید شده توزیع پسین برای پارامتر مورد نظر استفاده می‌کند (Barp 2018). برخی مطالعات نمونه‌گیری گیبس را برای برآورد مؤلفه‌های واریانس در مدل پدری و مدل حیوانی (Van Tassell et al., 1995) و برخی دیگر برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و پیش‌بینی ارزش اصلاحی در مدل‌های خطی آستانه‌ای (Rashedi Dehsahraee et al., 2013) مورد استفاده قرار دادند. در مطالعات گذشته دو روش آماری حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی در گونه های مختلف حیوانی و گیاهی مورد مقایسه قرار گرفته اند (Mandal et al., 2020; Deimi et al., 2013; Waldman and Ericsson, 2006) اما تاکنون هیچ گونه مطالعه‌ای بر اساس دو روش حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی روی صفات رشد در بز کرکی راینی گزارش نشده است. این نژاد بطور عمده در نواحی مختلف استان کرمان وجود دارد. از مهمترین اهداف پرورش بز کرکی راینی به ترتیب تولید گوشت، شیر و کرک می‌باشد (Hasani et al., 2010) .معمولا تعداد بزغاله ها پس از تولد به دلایل مختلف از جمله مرگ و میر کاهش می یابد که متعاقب آن تعداد رکوردهای حاصل برای صفات مختلف در سنین پس از تولد نیز کاهش می یابند. از طرف دیگر تحقیقات گذشته نشان می دهد که اندازه و ساختار داده ها و همچنین مدل مورد استفاده بر روی صحت برآورد پارامتر های ژنتیکی موثر است (Gerstmayer1992; Maniatis 2003). لذا هدف از تحقیق حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد با استفاده از مدل یک متغیره ی دو روش حداکثر درستنمایی محدود شده و بیزی در بز کرکی راینی بود تا کارایی این دو روش در شرایط محدویت داده ها مورد بررسی قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

در مطالعه حاضر، از داده‌های مربوط به صفات رشد در بز کرکی راینی در طی ۱۵ سال (۱۳۷۰تا ۱۳۸۵) استفاده شد. خلاصه‌ای از ساختار داده‌های مورد استفاده در جدول ۱ آورده شده است. مجموعا ۱۱۹۲۳رکورد وزن بدن در سنین تولد، سه، شش، نه و دوازده ماهگی مربوط به ۴۱۱۷ حیوان از ۲۰۴ پدر و ۱۴۰۶ مادر مورد استفاده قرار گرفت.

برای تجزیه ژنتیکی وزن بدن در هر کدام از سنین مورد بررسی، از مدل های یک متغیره مناسب استفاده شد. در این مدل ها اثرات ثابت سال و ماه تولد، جنسیت (نر و ماده)، سن مادر (یک تا شش سال)، نوع تولد (یک قلو، دو قلو و چند قلو)، سن حیوان بر حسب روز (کوواریت) به عنوان اثرات ثابت گنجانده شدند. در مدل [a] علاوه بر اثرات ثابت ذکر شده، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات تصادفی اشتباه لحاظ شدند.

$$y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z}_1a + e \quad [a]$$

جدول ۱. ساختار داده‌های استفاده شده در این مطالعه

Table 1. Data structure used in this study

وزن نه ماهگی 9 months weight	وزن شش ماهگی 6 months weight	وزن سه ماهگی 3 months weight	وزن تولد birth weight	
1460	2597	2948	4117	Number of records
140	189	189	204	Number of sires
771	1155	1200	1406	Number of dams
68.62	92.64	92.64	100	Sires (%)
54.83	82.14	85.34	100	Dams (%)
10.42	13.74	15.95	20.18	Average number of offspring per sire
1.89	2.24	2.45	2.92	Average number of offspring per dam
35.46	63.07	71.6	100	Animal with records (%)
152	174	176	234	Number of maternal grandsires
16.96	14.05	10.02	2.31	Mean (kg)
3.25	2.86	1.74	0.16	SD (kg)

به منظور بررسی اهمیت اثرات ژنتیکی مادری در آنالیز ژنتیکی صفات مورد بررسی از مدل [b] استفاده شد. در واقع این مدل از افزودن اثرات ژنتیکی مادری به مدل [a] بدست آمد. در این مدل کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری برابر با صفر در نظر گرفته شد.

$$y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z_1}a + \mathbf{Z_2}m + e \ (\sigma_{am}=0) \ [b]$$

همچنین به منظور بررسی اهمیت کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری در آنالیز ژنتیکی این صفات از مدل [c] استفاده شد. در این مدل علاوه بر اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی مادری، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری و اثرات تصادفی اشتباه لحاظ شدند.

$$y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z_1}a + \mathbf{Z_2}m + e \ (\sigma_{am}\neq0) \ [c]$$

مدل [d] نیز از افزودن اثرات محیط دایمی مادری به مدل [c] به‌دست آمد. بعبارت دیگر در این مدل کلیه اثرات ثابت و تصادفی مورد بررسی گنجانده شدند.

$$y = \mathbf{X}b + \mathbf{Z_1}a + \mathbf{Z_2}m + \mathbf{W}m_{pe} + e \ (\sigma_{am}\neq0) \ [d]$$

در این مدل ها y رکوردهای انفرادی مربوط به وزن بدن در هر یک از سنین مورد بررسی؛ b بردار مربوط به اثرات ثابت، a بردار مربوط به اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار مربوط به اثرات ژنتیکی مادری، m_{pe} بردار مربوط به اثرات محیط دائمی مادری و e بردار باقیمانده برای رکوردهای انفرادی می‌باشد. همچنین $\mathbf{X}$، $\mathbf{Z_1}$، $\mathbf{Z_2}$ و $\mathbf{W}$ به ترتیب ماتریس ضرایب برای اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادری می‌باشند. در روش REML اهمیت گنجاندن هر یک از اثرات تصادفی اضافی شامل اثرات ژنتیکی مادری، اثرات محیط دائمی و کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم مادری و اثرات محیط دایمی مادری از آزمون حداکثر درستنمایی (LRT) استفاده شد. بطور خلاصه در این آزمون میزان

تفاوت بین مقدار لگاریتم حداکثر درستنایی دو مدل بعنوان مبنای مقایسه قرار می گیرد. در روش حداکثر درستنمایی محدود شده از نرم افزار ASReml استفاده شد (Gilmour et al., 2009). در روش بیزی مدلی که دارای مقدار واریانس باقیمانده کمتری است به‌عنوان مدل مناسبتر انتخاب می‌گردد. برای محاسبه مؤلفه‌های واریانس در روش آماری بیزی مبتنی بر تکنیک نمونه‌گیری گیبس و جهت اعمال روش مذکور از نرم‌افزارهای Thrgibbs1f90 وPostgibbsf90 که از خانواده Blupf90 هستند، استفاده شد (Misztal 2008). نرم‌افزار Thrgibbs1f90جهت آنالیز داده‌ها و نرم‌افزار Postgibbsf90 برای تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های واریانس مورد استفاده قرار گرفت. در این روش تعداد کل سیکل‌های نمونه‌گیری گیبس ۱۰۰۰۰۰ ، دوره قلق‌گیری[1](دوره ای که مقادیر نمونه‌گیری شده پرت بوده و با مقادیر حقیقی تفاوت دارند) ۱۰۰۰۰ و فاصله نمونه‌گیری ۱۰ در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

در این تحقیق اثرات ثابت سال و ماه تولد، جنسیت، سن مادر، نوع تولد و سن حیوان (بر حسب روز) بر وزن بدن در سنین مختلف مورد بررسی قرار گرفت. میانگین حداقل مربعات به همراه خطای معیار هر یک از این صفات در جدول ۲ آورده شده است. این نتایج نشان می‌دهد که وزن بدن در سنین مختلف مورد بررسی به طور معنی‌داری تحت تأثیر کلیه اثرات مورد بررسی قرار می‌گیرد. با توجه به نتایج موجود در جدول فوق، بزغاله‌های نر در تمام سنین نسبت به ماده‌ها سنگین‌ترند و تک قلوها نیز در سنین مختلف سنگین‌تر از دو قلوها و چند قلوها می‌باشند ($P <$ ۰/۰۱). از طرفی بزغاله‌های متولد شده از مادران بالغ که چند شکم زاییده‌اند، در مقایسه با مادران جوان‌تر از رشد بهتری برخوردار هستند. سال و ماه تولد نیز اثر معنی داری بر صفات رشد داشت ($P <$ ۰/۰۱)، زیرا شرایط محیطی که بر روی رشد حیوان در دوران جنینی و پس از تولد مؤثر می‌باشند، در سال‌ها و در ماه‌های مختلف یک سال تغییر می‌کنند. در هر یک از سنین مورد بررسی، سن حیوان بر حسب روز که به‌عنوان یک متغیر کمکی لحاظ گردیده بود، اثر معنی‌داری بر روی وزن بدن داشت. برای بررسی اهمیت گنجاندن اثرات تصادفی اضافی شامل اثرات ژنتیکی مادری، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادری، از آزمون نسبت لگاریتم حداکثر درستنمایی استفاده شد. مقدار لگاریتم حداکثر درستنمایی هر یک از مدل‌های مورد استفاده همراه با نتایج این آزمون در جدول ۳ آورده شده است. لازم به ذکر است که مطابق مطالعات گذشته برای جدا کردن اثرات تصادفی اضافی شامل اثرات ژنتیکی مادری، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادری از اثرات ژنتیکی افزایشی، ساختار داده‌های مورد استفاده دارای اهمیت می‌باشد. به‌عنوان مثال لازم است تعداد نتاج بازای هر مادر، درصد مادران دارای رکورد و تعداد پدربزرگ‌های مادری مد نظر قرار گیرند (Gerstmayer 1992; Maniatis 2003).

[1] Burn in period

جدول۲. میانگین حداقل مربعات به همراه اشـــتباه معیار و تعداد حیوان (داخل پرانتز) برای اثرات ثابت مورد بررسی

Table 2. Least squares mean with standard error and number of animals (in parentheses) for the fixed effects

وزن نه ماهگی 9 months weight	وزن شش ماهگی 6 months weight	وزن سه ماهگی 3 months weight	وزن تولد Birth weight	اثرات ثابت Fixed effects
**	**	**	**	Sex
17.6±0.05(759)	15.5±0.04(1326)	10.6±0.03(1526)	2.18±0.03(2161)	Male
15.0±0.05(708)	13.4±0.05(1169)	9.16±0.03(1422)	1.90±0.03(1956)	Female
**	**	**	**	Birth type
17.1±0.06(1004)	14.6±0.04(1956)	10.1±0.03(2288)	2.44±0.03(3094)	Single
16.3±0.07(389)	14.4±0.06(539)	9.16±0.05(951)	2.10±0.04(1422)	Twin
15.5±0.14(20)	13.3±0.12(24)	6.25±0.09(30)	1.74±0.05(145)	Multiple
Ns	**	**	**	Age of dam (year)
15.6±0.04(383)	12.7±0.03(686)	9.20±0.03(838)	2.0±0.02(1240)	1
16.32±0.05(320)	13.5±0.03(692)	9.60±0.03(785)	2.04±0.03(991)	2
17.0±0.05(288)	13.2±0.04(453)	13.5±0.04(692)	2.09±0.03(768)	3
16.1±0.06(191)	13.2±0.05(245)	9.73±0.05(297)	2.11±0.04(433)	4
15.5±0.07(101)	12.7±0.07(114)	9.54±0.06(130)	2.16±0.05(193)	5
18.2±0.19(16)	14.7±0.16(22)	10.47±0.15(23)	2.08±0.9(57)	6
**	**	**	**	Birth year-month
**	**	**	-	Age (in days)

جدول ۳. لگاریتم حداکثر درستنمایی مدلهای یک متغیره مختلف برای در صفات رشد بز کرکی راینی

Table 3. The maximum log-likelihood of different univariate models for the growth traits of Rayeni cashmere goats

مدل[d] Model [d]	مدل[c] Model [c]	مدل[b] Model [b]	مدل[a] Model [a]	صفا ت Traits
1887.00	1886.99	1885.99	1861.36	Birth weight
4111.86	-4102.97	-4112.10	4116.72	3 months weight
4067.09	-4067.00	-4067.36	-4073.12	6 months weight
-231483	2314.85	-2314.83	-2317.24	9 months weight

* مقدار لگاریتم حداکثر درستمایی پررنگ برای وزن بدن در هر کدام از سنین مورد بررسی بیانگر بهترین مدل می‌باشد.

نتایج حاصـل نشـان داد که افزودن اثرات ژنتیکی مادری به اثرات ژنتیکی افزایشـی مسـتقیم در مدل آنالیز ژنتیکی وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهکی [b] موجب افزایش معنی دار مقدار لگاریتم حداکثر درستنمایی این مدل می‌گردد. این نتایج همچنین نشان داد که گنجاندن اثرات کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دایمی مادری در مدل آنالیز ژنتیکی این صـــفات اثر معنی داری بر بهبود این مدل ندارد. لذا در تحقیق حاضـــر از مدل [b] برای تجزیه ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی استفاده شد. نتایج حاصل از مطالعات گذشته نشان می‌دهد برای جداسازی و برآورد دقیق تر اثرات مادری، روابط خویشـــاوندی بین افراد، تعداد نتاج به ازای هر مادر و نســـبت مادران دارای رکورد حایز اهمیت می‌باشـــند

(Gerstmayer 1992). لذا در تحقیق حاضر ابتدا ساختار داده‌های مورد استفاده بررسی و سپس اهمیت افزودن اثرات مادری به مدل آنالیز ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی مطالعه گردید (جدول ۱). مقدار مولفه های واریانس، وراثت‌پذیری مستقیم و و وراثت پذیری مادری وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی با استفاده از دو روش حداکثر درستنمایی و بیزی به ترتیب در جداول ۴ و ۵ آورده شده است. این نتایج با استفاده از مدل منتخب یعنی مدل [b] به‌دست آمدند.

جدول ٤. برآورد های واریانس ژنتیکی افزایشی (σ^2_a)، واریانس ژنتیکی مادری (σ^2_m)، واریانس باقیمانده (σ^2_e)، وراثت پذیری مستقیم (h^2_d) و وراثت پذیری مادری (h^2_m) وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی بز کرکی راینی برآورد شده با روش حداکثر درستنمایی

Table 4. Estimates of additive genetic variance (σ^2_a), maternal genetic variance (σ^2_m), error variance (σ^2_e), direct heritability (h^2_d) and maternal heritability (h^2_m) of birth weight, 3-, 6- and 9-months weight of Rayeni cashmere goats using maximum likelihood method

h^2_m	h^2_d	σ^2_e	σ^2_m	σ^2_a	Trait
0.18±0.04	0.18±0.04	0.11	0.03	0.03	Birth weight
0.08±0.06	0.14±0.05	4.58	0.52	0.91	3 months weight
0.09±0.07	0.08±0.07	6.87	0.83	1.21	6 months weight
0.09±0.08	0.10±0.08	7.04	0.81	0.93	9 months weight

با استفاده از دو روش حداکثر درستنمایی و بیزی، مقادیر مشابهی برای وراثت پذیری مستقیم و وراثت پذیری مادری وزن تولد به‌دست آمد، اما این تشابه در سنین پس از تولد کاهش یافته است به‌طوی‌که در سن نه ماهگی به کمترین مقدار خود رسیده است (جدول ۴ و ۵). در تحقیق حاضر تعداد رکورد وزن در زمان تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی به ترتیب ۴۱۱۷، ۲۹۴۸، ۲۵۹۷ و ۱۴۶۰ بود. این نتایج نشان می‌دهد که وزن در زمان تولد در مقایسه با سایر سنین دارای بیشترین تعداد رکورد است. این رکوردها در سنین پس از تولد کاهش یافته است به‌طوی‌که در سن نه ماهگی کمترین تعداد رکورد برای وزن بدن بزهای کرکی راینی موجود بود (جدول ۱).

ساختار داده‌های مورد استفاده در این تحقیق همچنین نشان می‌دهد که نتاج تمامی پدر ها و مادرها (۱۰۰٪) دارای رکورد وزن تولد هستند اما این درصد در سنین پس از تولد کاهش یافته است به‌طوی‌که در سن نه ماهگی، نتاج ۶۸/۶۲ درصد از پدر ها و ۵۴/۸۳ درصد از مادر ها رکورد وزن بدن داشته اند. همچنین ساختار داده‌های مورد استفاده نشان می‌دهد که برای وزن تولد بازای هر پدر بطور متوسط ۲۰/۱۸ نتاج وجود دارد در حالیکه این تعداد برای سنین سه، شش و نه ماهگی به ترتیب ۱۵/۵۹، ۱۳/۷۴ و ۱۰/۴۲ می‌باشد. بعلاوه تمامی حیوانات مورد بررسی (۱۰۰ ٪) برای وزن تولد رکورد داشته اند اما این درصد برای سنین پس از تولد کاهش یافته است به‌گونه‌ای که فقط ۳۵/۴۶ درصد از حیوانات مورد بررسی در این تحقیق برای وزن نه ماهگی دارای رکورد بوده‌اند.

جدول ۵. برآورد های مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی (σ^2_a)، واریانس ژنتیکی مادری (σ^2_m)، واریانس باقیمانده (σ^2_e)، وراثت پذیری مستقیم (h^2_d) و وراثت پذیری مادری (h^2_m) وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی بز کرکی راینی برآورد شده با روش بیزی

Table 5. Estimates of additive genetic variance (σ^2_a), maternal genetic variance (σ^2_m), error variance (σ^2_e), direct heritability (h^2_d) and maternal heritability (h^2_m) of birth weight, 3-, 6- and 9-months weight of Rayeni cashmere goats using Bayesian method

h^2_m	h^2_d	σ^2_e	σ^2_m	σ^2_a	Trait
0.17±0.04	0.17±0.04	0.12	0.03	0.03	Birth weight
0.06±0.05	0.08±0.05	6.32	0.45	0.59	3 months weight
0.06±0.07	0.09±0.06	10.72	0.83	1.21	6 months weight
0.13±0.08	0.19±0.08	12.07	2.36	3.61	9 months weight

در مطالعات گذشته پارامتر های ژنتیکی وزن بدن در سنین مختلف نژاد های مختلف بز با استفاده از روش های حداکثر درستنمایی و بیزی برآورد شده است (Alshorepy et al., 2002; Ligda & Gabrilidish 2000; Portolano et al., 2002; Boujenane & Hazzab 2008; Rashedi Dehsahraee et al., 2013 کSupakorn & Pralomkarn Gerstmeyer 1992; 2009;). تعداد و ساختار داده های مورد استفاده و همچنین مدل های بکار رفته در این تحقیقات متفاوت می باشد بنابراین پارامتر های ژنتیکی برآورد شده برای صفات مشابه نیز با هم فرق دارند. تحقیقات گذشته نشان می دهد ساختار داده ها بر روی صحت برآورد پارامتر های ژنتیکی موثر است بطوریکه وجود داده های کافی با ساختار مناسب دارای اهمیت است (Maniatis and Pollott 2003). هرچند نتایج حاصل از تحقیق حاضر در دامنه این نتایج گذشته قرار دارد اما با آن دسته از نتایجی که از داده های کافی با ساختار مناسب و یا مدل چند متغیره بدست آمده اند و صحیح تر می باشند تطابق زیادی ندارند. در این دسته از تحقیقات وراثت پذیری مستقیم وزن بدن با افزایش سن به تدریج افزایش می یابد در حالیکه برای وراثت پذیری مادری این روند کاهشی می باشد. به عنوان مثال وراثت پذیری مستقیم وزن بدن بز کرکی راینی در زمان تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی به ترتیب و برآورد شده است. همچنین وراثت پذیری مادری برای این صفات به ترتیب گزارش شده است (Hasani et al., 2010). این روند ها در نتایج تحقیق حاضر دیده نمی شوند (جدول ۴ و ۵). همانطور که قبلا ذکر شد در تحقیق حاضر، در مقایسه با وزن تولد برای سایر وزن های مورد بررسی رکورد های کمتری وجود دارد که بالطبع بر روی ساختار این داده ها نیز موثر است. برخی از شاخصه های این ساختار قبلا شرح داده شد. در اینگونه موارد استفاده از مدل های چند متغیره می‌تواند برای رفع مشکلات ناشی از عدم کفایت داده ها سودمند باشد و در مقایسه با مدل های یک متغیره برآورد های صحیح تری را

برای صفاتی که رکورد ناکافی دارند برآورد نماید. نتایج حاصل از مدل های یک متغیره خطی و بیزی مورد استفاده در این تحقیق نشان داد که با کاهش تعداد رکورد برای صفات وزن بدن پس از تولد (سه، شش و نه ماهگی)، پارامتر های ژنتیکی برآورد شده برای این صفات از نتایج مشابه تحقیقات گذشته حاصل از مدل های چند متغیره فاصله می گیرند. لذا هیچکدام از دو مدل ذکر شده در شرایط محدودیت داده کارایی مناسب را برای برآورد صحیح پارامتر های ژنتیکی ندارند و بهتر است از مدل های چند متغیره استفاده شود. این نتایج نشان می دهد در شرایطی که ساختار داده‌های یک صفت برای آنالیز ژنتیکی آن صفت مناسب باشد (بطور مثال وزن تولد در تحقیق حاضر)، نتایج حاصل از دو مدل حداکثر درستنمایی و بیزی مشابه است بعبارت دیگر در این شرایط دو مدل ذکر شده کارایی یکسانی برای برآورد مولفه های واریانس دارند در غیر این صورت این کارایی تا حدودی تغییر می‌کند. تحقیقات گذشته نیز نشان می‌دهد در شرایطی که تعداد رکورد به اندازه کافی وجود داشته باشد هر دو روش حداکثر درستنمایی و بیزی کارایی خوب و مشابهی را برای آنالیز ژنتیکی آن داده‌ها خواهند داشت (Lee & Wang 2012; Abdolahi Arpanahi et al., 2011).

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن بدن در سنین مختلف بز کرکی راینی با استفاده از دو روش حداکثر درستمایی و بیزی نشان می‌دهد، کارایی این دو روش بستگی به حجم رکوردهای مورد استفاده و ساختار آنها دارد. در شرایطی که داده به اندازه کافی وجود داشته باشد و این داده‌ها دارای ساختار مناسب باشند، هر دو روش کارایی مناسبی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی دارند در غیر این‌صورت این کارایی کاهش می‌یابد. بنا براین در صورتیکه در طراحی و اجرای یک برنامه اصلاح نژاد دام این موارد لحاظ شود و رکوردهای کافی با ساختار مناسب جمع آوری شوند، می‌توان از هرکدام از دو روش حداکثر درستنمایی و یا بیزی استفاده نمود.

منابع

جسوری مهدی، علیخانی صادق، پیرانی نصر الله (۱۳۹۰) مقایسه دو روش آماری بیزی و حداکثردرستنمایی محدودشده در برآورد پارامترهای ژنتیکی در رکوردهای سه شکم اول صفات مهم اقتصادی در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی. اولین کنگره علوم و فناوری‌های نوین کشاورزی، دانشگاه زنجان ۲۱-۱۸.

جوادی روح انگیز، علیخانی صادق، شجاع جلیل (۱۳۹۰) استفاده از روش آماری بیزی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی گوسفند نژاد مغانی. اولین کنگره ملی علوم و فناوری‌های نوین کشاورزی، دانشگاه زنجان ۱۹-۱۵.

حسنی محمد نبی، اسدی فوزی مسعود، اسمعیلی زاده علی و همکاران (۱۳۸۹) تجزیه ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره. مجله علوم دامی ایران (۴۱) ۴، ۳۲۹-۳۲۳.

حیدری فاطمه، اسدی فوزی مسعود، اسمعیلی زاده علی (۱۳۹۰) بررسی اثر انتخاب ظاهری بر روند ژنتیکی وزن الیاف در بز کرکی راینی. پایان‌نامه کارشناسی ارشد علوم دامی. دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنرکرمان. ۷۳ صفحه.

دیمی غیاث آبادی پروانه، علیجانی صادق، شجاع غیاث جلیل و همکاران (۱۳۹۱) مقایسه دو روش آماری حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) وآنالیز بیزی در برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی از صفات مهم اقتصادی مرغ های بومی استان فارس. پژوهشهای تولیدات دامی، (۵)۳، ۱-۱۳.

راشدی ده صحرائی آذر، فیاضی جمال، وطن خواه محمود و همکاران (۱۳۹۲) برآورد اجزای کوواریانس و فرانسجه‌های ژنتیکی صفات رشد در بره‌های لری بختیاری با استفاده از روش نمونه‌گیری گیبس. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان (۱)۲، ۱۳-۹.

عبداللهی آرپناهی رستم، مرادی شهربابک محمد، زندی محمد باقر و همکاران (۱۳۹۰) مقایسه شش نرم‌افزار آماری مورد استفاده در اصلاح نژاد دام. مجله علوم دامی ایران (۴۳) ۳، ۴۰۰-۳۹۳.

References

Abdollahi, R., Moradi Shahre Babak, M., Zandi, M. B., & Razm Kabir, M. (2012). A comparison of six animal breeding software packages. *Iranian Journal of Animal Science, 43*(3), 393–400. https://doi.org/10.22059/ijas.2012.29346

Al-Shorepy, S. A., Al-Hadrami, G. A., & Abdelwahab, K. (2002). Genetic and phenotypic parameters for early growth traits in Emirati goat. *Small Ruminant Research, 45*(3), 217–223. https://doi.org/10.1016/S0921-4488(02)00110-4

Asadi Fozi, M. (2016). Lifetime genetic analysis of milk yield in Iranian Holstein cows using repeatability and pre-structured multivariate models. *Journal of Livestock Science and Technologies, 4*(1), 39-44. https://doi.org/10.22103/jlst.2016.1380

Asadi Fozi, M. (2017). Evaluation of repeatability and pre-structured repeatability models for genetic analyses of repeated records of fat and protein milk contents in Iranian Holstein cows. *Animal Production Science, 59*(2), 261–267. https://doi.org/10.22059/jbioc.2019.276448.261

Asadi Fozi, M., Van der Werf, J. H. J., & Swan, A. A. (2005). The importance of accounting for maternal genetic effects for wool and body weight traits in Australian fine-wool Merino breeding. *Australian Journal of Agricultural Research, 56*(8), 789–796. https://doi.org/10.1071/AR05006

Asadi Fozi, M., Van der Werf, J. H. J., & Swan, A. A. (2012). Modelling genetic (co)variance structure across ages of mean fibre diameter in sheep using multivariate and random regression analysis. *Animal Production Science, 52*(11), 1019–1026. https://doi.org/10.1071/AN12139

Askari, N., Mohammadabadi, M. R., & Baghizadeh, A. (2011). ISSR markers for assessing DNA polymorphism and genetic characterization of cattle, goat and sheep populations. *Iranian Journal of Biotechnology, 9*(3), 222–229. https://www.ijbiotech.com/article_7158.html

Banskalieva, V., Sahlu, T., & Goetsch, A. L. (2000). Fatty acid composition of goat muscles and fat depots: A review. *Small Ruminant Research, 37*(3), 255–268. https://doi.org/10.1016/S0921-4488(00)00128-0

Barazandeh, A., Mohammadabadi, M. R., Ghaderi-Zefrehei, M., & Nezamabadi-pour, H. (2016). Genome-wide analysis of CpG islands in some livestock genomes and their relationship

with genomic features. *Czech Journal of Animal Science, 61*(11), 487–495. https://doi.org/10.17221/78/2015-CJAS

Barp, A., Xavier Briol, F., Kennedy, A. D., & Girolami, M. (2018). Geometry and dynamics for Markov chain Monte Carlo. *Annual Review of Statistics and Its Application, 5*, 451–471. https://doi.org/10.48550/arXiv.1705.02891

Boujenane, I. A., & Hazzab, E. (2008). Genetic parameters for direct and maternal effects on body weight of Draa goats. *Small Ruminant Research, 80*(1–3), 16–21. https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2008.07.026

Corva, P. M., Macedo, G. V. F., Soria, L. A., Mazzucco, J., Motter, M., Villarreal, E. L., Schor, A., Mezzadra, C. A., Melucci, L. M., & Miquel, M. C. (2009). Effect of leptin gene polymorphisms on growth, slaughter and meat quality traits of grazing Brangus steers. *Genetics and Molecular Research, 8*(1), 105–116. https://doi.org/10.4238/vol8-1gmr556

Deimi Ghias Abadi, P., Alijani, S., Jalil Shodja Ghias, J., & Pirani, N. (2013). Comparison of two restricted maximum likelihood (REML) and Bayesian statistical methods for estimating genetic parameters of some economically important traits in Fars native chickens. *Research on Animal Production, 3*(5), 1-13. http://rap.sanru.ac.ir/article-1-80-en.html

Gerstmeyer, S. (1992). Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. *Journal of Animal Breeding and Genetics, 109*(1–6), 321–326. https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1992.tb00412.x

Gianola, D., & Foulley, J. L. (1983). Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genetics Selection Evolution, 15*(2), 201–224. https://doi.org/10.1186/1297-9686-15-2-201

Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2009). *ASReml user guide release 3.0*. NSW Department of Industry and Investment. https://www.hpc.iastate.edu/sites/default/files/uploads/ASREML/UserGuide.pdf

Hasani, M. N., Asadi Fozi, M., Esmailizadeh, A., & Mohammadabadi, M. R. (2010). Genetic analysis of growth traits in Rayeni cashmere goats using multivariate animal model. *Iranian Journal of Animal Science, 41*(4), 323–329. https://ijas.ut.ac.ir/article_22335.html?lang=en

Lee, C., & Wang, C. D. (2012). Bayesian inference on variance components using Gibbs sampling with various priors. *Laboratory of Statistical Genetics, Institute of Environment & Life Science, Hallym University, Chuncheon, Korea*. https://koreascience.kr/article/JAKO200123443163667.page

Ligda, C. H., & Gabrilidish, G. (2000). Estimation of genetic parameters for production traits of Chios sheep using a multi-trait animal model. *Livestock Production Science, 66*(3), 217–221. https://doi.org/10.1016/S0301-6226(00)00184-6

Mandal, A., Baneh, H., Koloi, S., & Bhakat, C. (2020). Estimation of variance components and genetic parameters for lactation persistency indices in crossbred cattle using Bayesian and REML methods. *Meta Gene, 26*, Article 100780. https://doi.org/10.1016/j.mgene.2020.100780

Maniatis, N., & Pollott, G. E. (2003). The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *Journal of Animal Science, 81*(1), 101–108. https://doi.org/10.2527/2003.811101x

Misztal, I. (2008). *BLUPF90—A flexible mixed model program in Fortran 90*. University of Georgia, Department of Animal and Dairy Science. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf

Mohammadabadi, M. R., & Tohidinejad, F. (2017). Characteristics determination of Rheb gene and protein in Raini Cashmere goat. *Iranian Journal of Applied Animal Science, 7*(2), 289–295. https://journals.iau.ir/article_531213.html?lang=en

Mohammadinejad, F., Mohammadabadi, M. R., Roudbari, Z., & Sadkowski, T. (2022). Identification of key genes and biological pathways associated with skeletal muscle maturation and hypertrophy in *Bos taurus*, *Ovis aries*, and *Sus scrofa*. *Animals, 12*(24), Article 3471. https://doi.org/10.3390/ani12243471

Mohammadinejad, F., Mohammadabadi, M. R., & Roudbari, Z. (2024). Network visualization of genes involved in skeletal muscle myogenesis in livestock animals. *BMC Genomics, 25*(1), 294–307. https://doi.org/10.1186/s12864-024-10196-3

Noori, A. N., Behzadi, M. R. B., & Mohammadabadi, M. R. (2017). Expression pattern of Rheb gene in Jabal Barez Red goat. *The Indian Journal of Animal Sciences, 87*(11), 1375–1378. https://doi.org/10.56093/ijans.v87i11.75890

Portolano, B., Todaro, J. H. B., & Van Kaam, C. M. (2002). Estimation of the genetic and phenotypic variance of several growth traits of the Sicilian Girgentana goat. *Small Ruminant Research, 45*(3), 247–253. https://doi.org/10.1016/S0921-4488(02)00161-X

Rashedi Dehsahraee, A., Faiazi, J., Vatankhah, M., & Beygi Nasiri, M. (2013). Estimates of (co)variance and genetic parameters of growth traits in Lori-Bakhtiari lambs using Gibbs sampling method. *Journal of Research in Ruminants, 2*(1), 9–13. https://ejrr.gau.ac.ir/article_1197.html?lang=en

Supakorn, C., & Pralomkarn, W. (2009). Estimation of genetic parameters on preweaning growth traits in goats for meat raised at a commercial farm in southern Thailand. *Thai Journal of Agricultural Science, 42*(1), 21–25. https://www.thaiscience.info/journals/Article/TJAS/10469541.pdf

Thompson, R., & Meyer, K. (1986). A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livestock Production Science, 15*(4), 299–313. https://doi.org/10.1016/0301-6226(86)90071-0

Van Tassell, C. P., & Van Vleck, L. D. (1996). Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: Flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *Journal of Animal Science, 74*(11), 2586–2597. https://doi.org/10.2527/1996.74112586x

Waldman, P., & Ericsson, T. (2006). Comparison of REML and Gibbs sampling estimates of multi-trait genetic parameters in Scots pine. *Theoretical and Applied Genetics, 112*(8), 1441–1451. https://doi.org/10.1007/s00122-006-0246-x