Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

Journal of Ruminant Research

Print ISSN: 2345 - 4261
Online ISSN: 2345 - 4253

Analysis of autosomal and sex-linked additive genetic effects for some reproductive traits in Baluchi sheep

Fatemeh Tavasolian[1], *Mohsen Gholizadeh[2], Seyed Hasan Hafezian[3]

[1] M.Sc. Graduate, [2]Associate Professor and [3]Professor, Department of Animal Science, Faculty of Animal and Aquatic Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran,
Email: m.gholizadeh@sanru.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received:
Revised:
Accepted:

Keywords:
Reproductive traits
Sheep
sex-linked additive genetic effects
(co)variance components

ABSTRACT

Back ground and objectives: Reproductive traits in sheep play an important role in improving flock productivity and economic efficiency and directly affect lambing rate, fertility and lamb survival. The study and separation of maternal effects (genetic and permanent environmental), direct additive autosomal and sex-linked genetic effects play a significant role in breeding programs and more accurate estimation of (co)variance components. The present study aimed to investigate the additive genetic effects related to the sex chromosome on the genetic parameters of ewe reproductive traits, including the litter mean weight per lamb born (LMWLB), the litter mean weight per lamb weaned (LMWLW), total litter weight at birth (TLWB) and total litter weight at weaning (TLWW) in Baluchi sheep.

Materials and methods: Phenotype and pedigree data used in this study, related to the first calving, were collected at the Baluchi Sheep Breeding station of Abbasabad, Mashhad. The pedigree was checked using CFC software and possible errors were identified and fixed. The GLM procedure in SAS statistical software was used to identify significant fixed effects to be included in the final animal models. Year of lambing and number of lambs per lambing were included as non-genetic factors in linear animal models. Twelve univariate animal models were analyzed using WOMBAT software under the restricted maximum likelihood procedure to identify direct additive autosomal genetic effects, sex-linked additive genetic effects and, maternal effects (genetic effects and permanent environmental effects). Akaike information criterion was used to compare the models and identify the best model.

Results: Based on AIC values, the model that included additive direct genetic effects, maternal effects, covariance between direct genetic and maternal effects, and sex-linked additive genetic effects was identified as the best model. Direct heritability (h_a^2) for TLWB, LMWLB, TLWW and LMWLW was equal to 0.07±0.01, 0.08±0.02, 0.10±0.02 and 0.08±0.03. Sex-linked Heritability estimates (h_s^2) for these traits were 0.05±001, 0.06±0.01, 0.05±0.01 and 0.05±0.01, respectively. Maternal heritabilities (h_m^2) were lower than direct heritabilities for the studied traits and were estimated as

0.04±0.01, 0.06±0.02, 0.03±0.01 and 0.03±0.02. The ratio of variance caused by maternal permanent environmental effects to phenotypic variance for the studied traits was lower than direct heritabilities. Genetic covariances between direct and maternal genetic effects for all traits were positive and ranged from 0.85 to 0.93.

Conclusions: The findings of this research showed the importance of considering maternal effects (genetic and permanent environmental) and sex-related additive genetic effects in the genetic evaluation of reproductive traits in Baluchi sheep. Considering the significant sex-linked direct additive genetic effects, ignoring these effects can lead to a decrease in the accuracy of the genetic evaluations.

Cite this article: Tavasolian, F., Gholizadeh, M., Hafezian, S.H. (2025). Analysis of autosomal and sex-linked additive genetic effects for some reproductive traits in Baluchi sheep. *Journal of Ruminant Research*, 13(3),

© The Author(s)
DOI:
Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

پژوهش در نشخوارکنندگان
شاپا چاپی: ۴۲۶۱-۲۳۴۵
شاپا الکترونیکی: ۴۲۵۳-۲۳۴۵

آنالیز اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس برای برخی صفات تولید مثلی گوسفند بلوچی

فاطمه توسلیان[۱]، *محسن قلی زاده[۲]، سید حسن حافظیان[۳]

[۱]دانش آموخته کارشناسی ارشد، [۲]دانشیار و [۳]استاد گروه علوم دامی، دانشکده علوم دامی و شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله کامل علمی- پژوهشی

تاریخ دریافت:
تاریخ ویرایش:
تاریخ پذیرش:

واژه‌های کلیدی:
اثرات ژنتیکی افزایشی جنسی
صفات تولید مثلی
گوسفند
مولفه‌های (کو)واریانس

چکیده

سابقه و هدف: صفات تولیدمثلی در گوسفند نقش مهمی در بهبود بهره‌وری گله و بازده اقتصادی دارند و مستقیماً بر نرخ بره‌زایی، باروری و بقای بره اثر می‌گذارند. مطالعه و جداسازی اثرات مادری (ژنتیکی و محیطی دائمی)، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم اتوزومی و وابسته به جنس نقش بسزایی در در برنامه‌های اصلاح‌نژادی و برآورد دقیق‌تر اجزای (کو)واریانس دارد. این پژوهش با هدف بررسی اثرات ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنسی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثلی میش، شامل میانگین وزن بره‌های متولد شده (LMWLB)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW)، مجموع وزن بره‌های متولد شده (TLWB) و مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده (TLWW) در گوسفند بلوچی انجام شد.

مواد و روش‌ها: داده‌های فنوتیپ و شجره‌ای مورد استفاده در این مطالعه، مربوط به نوبت زایش اول، در ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد در طی سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ جمع‌آوری شده‌اند. شجره با استفاده از نرم افزار CFC مورد بررسی قرار گرفت و خطاهای احتمالی شناسایی و رفع شدند. از رویه GLM در نرم افزار آماری SAS برای شناسایی اثر ثابت معنی‌دار که باید در مدل‌های حیوانی نهایی گنجانده شوند، استفاده شد. سال زایش و تعداد بره در هر زایش به عنوان عوامل غیر ژنتیکی شناسایی شده در مدل‌های خطی وارد شدند. بررسی اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس در واریانس ژنتیکی هر صفت با استفاده از نرم افزار WOMBAT و با رویه حداکثر درست‌نمایی محدود شده انجام شد. دوازده مدل حیوانی تک متغیره برای شناسایی اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی، ژنتیکی افزایشی کروموزوم X و اثرات مادری (اثر ژنتیکی و اثر محیطی دائمی) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. برای مقایسه مدل‌ها و شناسایی بهترین مدل، معیار اطلاعات آکایک مورد استفاده قرار گرفت.

یافته‌ها: بر اساس مقادیر AIC، مدلی که شامل اثرات ژنتیکی مستقیم افزایشی، اثرات مادری، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری و اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس بود به عنوان بهترین مدل شناسایی شد. وراثت پذیری مستقیم (h_a^2) برآورده شده برای TLWB، LMWLB، TLWW و LMWLW برابر با ۰/۰۷±۰/۰۱، ۰/۰۸±۰/۰۲، ۰/۱۰±۰/۰۲ و

۰/۰۸±۰/۰۳ بود. برآوردهای وراثت‌پذیری اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس برای این صفات (h_s^2) به ترتیب ۰/۰۱±۰/۰۵، ۰/۰۱±۰/۰۶، ۰/۰۱±۰/۰۵ و ۰/۰۱±۰/۰۵ بودند. وراثت پذیری‌های مادری (h_m^2) کمتر از وراثت پذیری مستقیم برای صفات مذکور و برابر با ۰/۰۱±۰/۰۴، ۰/۰۲±۰/۰۶، ۰/۰۱±۰/۰۳ و ۰/۰۲±۰/۰۳ برآورد شدند. نسبت واریانس ناشی از اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برای صفات مورد مطالعه کمتر از وراثت‌پذیری مستقیم بود. کوواریانس‌های ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری برای همه صفات مثبت و بین ۰/۸۵ تا ۰/۹۳ متغیر بود

نتیجه گیری: یافته‌های این پژوهش اهمیت در نظر گرفتن اثرات مادری (ژنتیکی و محیطی دائمی) و اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس را در ارزیابی ژنتیکی صفات تولید مثلی در گوسفند بلوچی نشان داد. با توجه به اثرات معنی‌دار ژنتیکی افزایشی مستقیم وابسته به جنس، نادیده گرفتن این اثرات می‌تواند منجر به کاهش صحت ارزیابی ژنتیکی شود.

استناد: توسلیان، فاطمه؛ قلی‌زاده، محسن؛ حافظیان، سیدحسن. (۱٤۰٤). آنالیز اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس برای برخی صفات تولید مثلی گوسفند بلوچی. *پژوهش در نشخوارکنندگان*، ۱۳(۳)،

DOI:

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

© نویسندگان.

مقدمه

در پرورش گوسفند، بهینه‌سازی عملکرد تولیدمثلی برای افزایش بهره‌وری و بازده اقتصادی امری بسیار ضروری است. صفات تولید مثلی از قبیل میانگین وزن بره‌های متولد شده در زمان زایش (LMWLB[1])، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW[2])، مجموع وزن بره‌های متولد شده در زمان زایش (TLWB[3]) و مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده (TLWW[4]) شاخص‌های حیاتی بهره‌وری و سلامت کلی در گله هستند. این ویژگی‌ها به طور مستقیما بر کارایی تولید بره، نرخ رشد و بقا تأثیر می‌گذارند که برای به حداکثر رساندن بازده اقتصادی حاصل از پرورش گوسفند ضروری هستند (Notter و همکاران، ۲۰۱۸). عملکرد تولیدمثلی گوسفند نه تنها تحت تأثیر عوامل ژنتیکی بلکه عوامل محیطی نیز قرار دارد. از این رو، بهبود عوامل محیطی از جمله اقدامات مدیریتی و تغذیه و استفاده از انتخاب ژنتیکی به عنوان رویکردهای اصلی برای افزایش راندمان تولید مثلی در گوسفند توصیه شده‌اند (Ehsaninia و همکاران، ۲۰۲٤). برآورد دقیق پارامترهای ژنتیکی برای این صفات، از جمله وراثت‌پذیری برای درک الگوهای وراثتی و پتانسیل بهبود ژنتیکی آنها از طریق اصلاح نژاد انتخابی دارای اهمیت بسیاری است. اثرات ژنتیکی افزایشی غیر اتوزومی (مرتبط با کروموزوم X) یک جزء مهم و در عین حال اغلب ناشناخته است که می‌تواند بر صفات تولید مثلی تأثیر بگذارد (Ghafouri-Kesbi و همکاران، ۲۰۲۲). اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم X از ژن‌های واقع بر روی کروموزوم‌های جنسی ناشی می‌شوند که منجر به واریانس ژنتیکی صفات اقتصادی شوند. این اثرات می تواند به طور معنی‌داری بر صفات تولید مثل و بر پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی مانند وزن هنگام تولد و وزن از شیر گرفتن تأثیر بگذارند، صفاتی که برای ارزیابی و بهبود بهره وری گله بسیار مهم هستند (Notter و همکاران، ۲۰۱۸). در گوسفند کروموزوم X بعد از کروموزوم‌های ۱، ۲ و ۳ طولانی‌ترین کروموزوم و غنی از ژن می‌باشد و در کل ۱٦٥۸ ژن بر روی کروموزوم X در نسخه Ramb_v3.0 گزارش شده است (پایگاه داده ژنوم NCBI). همچنین در بروزرسانی آگوست ۲۰۲٤ در مجموع ٤۷٤۳ QTL از ۲۷۰ مطالعه گزارش شده است که از این تعداد ۹۰ QTL روی کروموزوم X قرار دارد (Sheep QTLdb) که نشان می‌دهد این کروموزوم باید در ژنتیکی کمی (پیش‌بینی‌های ژنتیکی یا ژنومی، GWAS) نظر گرفته شود. در پستانداران، وراثت کروموزوم X با وراثت اتوزوم‌ها متفاوت است. در گوسفند، پدر کروموزوم X خود را فقط به دختران خود منتقل می کند. در نتیجه، نرها، نسخه کروموزوم X را فقط از مادران به ارث می برند، در حالی که ماده‌ها یک نسخه از کروموزوم X را از مادر و نسخه دیگر را از پدر به ارث می برند. بنابراین، روابط ژنتیکی حاصل از کروموزوم X در نرها و ماده‌ها متفاوت است. علاوه بر این، ناحیه کوچکی از کروموزوم X، به نام ناحیه شبه اتوزومال (PAR) همولوگ با کروموزوم Y است و با الگوی اتوزومی به ارث می‌رسد. این باعث افزایش پیچیدگی روابط ژنتیکی بین افراد بر اساس کروموزوم X می شود (Druet و همکاران، ۲۰۲۰). روشی برای ساخت ماتریس رابطه کروموزوم X (S) و معکوس آن بر اساس شجره ارائه شده است (Fernando و Grossman، ۱۹۹۰). این ماتریس کاملاً با همتای اتوزومی خود (ماتریس A) متفاوت است. دو تفاوت مهم این است که مقادیر قطری مانریس S برای نرها

[1] Litter mean weight per lamb born
[2] Litter mean weight per lamb weaned
[3] Total litter weight at birth
[4] Total litter weight at weaning

همیشه ۰/۵ است و هیچ رابطه ای بین یک نر و پدرش وجود ندارد.

مکان‌های روی کروموزوم X می‌توانند سهم قابل‌توجهی در واریانس ژنتیکی افزایشی، به‌ویژه برای برخی از صفات مانند صفات مربوط به تولید مثل داشته باشند (Druet و همکاران، ۲۰۲۰). اخیراً تحقیقات متعددی برای جداسازی اهمیت این اثرات در گوسفند گزارش شده است (Ghafouri-Kesbi و Abbasi، ۲۰۱۹؛ Jafaroghli و همکاران، ۲۰۲۱؛ Latifi و Mohammadi، ۲۰۱۹). در اصلاح نژاد دام، جداسازی اثرات ژنتیکی کروموزوم X از اتوزومی دارای اهمیت بسیاری می‌باشد. بطوری که، اگر اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم جنسی وجود داشته باشد، نادیده گرفتن آنها به ویژه اگر این اثرات بزرگ باشند، می تواند دقت ارزیابی ژنتیکی را کاهش دهد، زیرا این اثرات توسط اثرات ژنتیکی اتوزومی پوشانده می‌شوند (Ghafouri-Kesbi و همکاران، ۲۰۲۲). با این وجود، تا کنون، تلاش‌های کمی برای برآورد میزان مشارکت جایگاه‌های مرتبط با کروموزوم جنسی در تنوع فنوتیپی صفات اقتصادی حیوانات اهلی انجام شده است که دلیل عمده آن نیاز به وجود برنامه‌های کامپیوتری مناسب می‌باشد (Ghafouri-Kesbi و Abbasi، ۲۰۱۹). با توسعه این برنامه‌ها از قبیل WOMBAT (Meyer، ۲۰۰۷) اکنون می‌توان واریانس ژنتیکی افزایشی ناشی از جایگاه‌های مرتبط با کروموزوم جنسی را با کمک داده‌های شجره و رکوردهای فنوتیپی دام برآورد نمود.

علاوه بر اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم جنسی، اثرات مادری نقش مهمی در شکل‌دهی و تنوع فنوتیپی صفات تولیدمثلی در گوسفند دارد. اثرات ژنتیکی مادری به سهم ژنتیکی مادری در فنوتیپ نتاج اشاره دارد، در حالی که اثرات محیطی مادری تأثیر غیر ژنتیکی مادر را در چرخه‌های مختلف تولید مثلی در بر می‌گیرد (Meyer، ۱۹۹۲). این اثرات مادری می تواند به طور معنی‌داری بر صفات اقتصادی مانند وزن هنگام تولد و وزن از شیر گرفتن تأثیر بگذارند و در نظر گرفتن آنها در ارزیابی‌های ژنتیکی ضروری است (Wang و همکاران، ۲۰۲٤).

اگرچه مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات تولید مثلی گوسفند بلوچی گزارش شده است (Yadollahi و همکاران، ۲۰۱۹)، مطالعه‌ای در مورد اثرات ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنسی بر عملکرد تولید مثلی در این نژاد وجود ندارد. از این رو این مطالعه با هدف بررسی تأثیر این اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم جنسی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثل در گوسفند بلوچی شامل میانگین وزن بره‌های متولد شده در زمان زایش (LMWLB)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW)، مجموع وزن بره‌های متولد شده در زمان زایش (TLWB) و مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده (TLWW) انجام شد.

مواد و روش‌ها

داده‌ها و صفات مورد مطالعه: داده‌های فنوتیپ و شجره‌ای مورد استفاده در این مطالعه در ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد در طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۵ جمع‌آوری شده‌اند. شجره با استفاده از نرم افزار CFC (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰٦) بررسی و خطاهای احتمالی شناسایی شدند. خلاصه‌ای از ساختار شجره در جدول ۱ آمده است. صفات مورد مطالعه شامل میانگین وزن بره‌های متولد شده (LMWLB)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW)، مجموع وزن بره‌های متولد شده (TLWB) و مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده (TLWW) بودند. وزن تولد و وزن شیرگیری بره‌ها برای اثرات جنسی با استفاده از ضرایبی که با استفاده

از حداقل میانگین مربعات برههای نر و ماده محاسبه شدند تعدیل شدند.

آنالیز آماری

از رویه نرم افزار آماری SAS (۲۰۰٤) برای شناسایی اثر ثابت معنیدار که باید در مدلهای حیوانی نهایی گنجانده شوند، استفاده شد. سال زایش و تعداد بره در هر زایش به عنوان عوامل غیر ژنتیکی شناسایی شده در مدلهای خطی وارد شدند. بررسی اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس در واریانس ژنتیکی هر صفت با استفاده از نرم افزار WOMBAT (Meyer، ۲۰۰۷) انجام شد. برای برآورد اثرات ژنتیکی غیراتوزومی، از گزینه SEX+ استفاده کردیم که به WOMBAT دستور میدهد کدهای جنسی حیوانات (۱(نر)=X، ۲(ماده)=XX) را از ستون چهارم در فایل شجره بخواند (Meyer، ۲۰۰۷).

دوازده مدل حیوانی تک متغیره برای شناسایی اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی، ژنتیکی افزایشی کروموزوم جنسی و اثرات ژنتیکی مادری (اثرات ژنتیکی و اثرات محیطی دائمی) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. مدلهای ۱، ۳، ۵، ۷، ۹ و ۱۱ که اثرات ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنسی را نداشتند، بهعنوان مدلهای مرسوم عمل میکردند. تاثیر اضافه کردن ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنس به این مدلها بررسی شد. مدلهای ارزیابی شده، معادلات خطی مختلط زیر بودند:

$y = Xb + Z_{1a} + e$ (1)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + e$ (2)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + e$ (3)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + e$ (4)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{3m} + e$ (5)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) = 0, (6)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) ≠ 0, (7)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) ≠ 0, (8)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) = 0, (9)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) = 0, (10)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) ≠ 0, (11)
$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e$ Cov (a,m) ≠ 0, (12)

که در این روابط y بردار مشاهدات و e, pe, m, s, a, b به ترتیب بردار اثرات ثابت، اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم کروموزمهای اتوزومی، اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزومهای جنسی، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیطی دائمی مادری و اثرات باقیمانده می باشند. همچنین Z_3,Z_2,Z_1,X بهترتیب ماتریسهای طرح ارتباط دهنده اثرات مورد مطالعه به رکوردها هستند. ساختار کوواریانس اثرات تصادفی به صورت زیر است:

$$var\begin{vmatrix} a \\ s \\ pe \\ m \\ e \end{vmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & A\sigma_{am} & 0 \\ 0 & S\sigma_s^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & 0 & 0 & A\sigma_m^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

که در آن σ_a^2، σ_s^2، σ_{pe}^2، σ_m^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی اتوزومی، واریانس ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم X، واریانس محیطی دائمی مادری، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری و واریانس باقیمانده هستند. همچنین A ماتریس معرف رابطه خویشاوندی و I ماتریس واحد است. برای مقایسه مدلها و شناسایی بهترین مدل، معیار اطلاعات آکایک با توجه به معادله زیر مورد بررسی قرار گرفت: (Akaike، ۱۹۷٤)

$$AIC_i = -2 \log L_i + 2P_i$$

که در آن، logL و K، حداکثر درست نمایی مدل و تعداد پارامتر مورد برآورد هستند. بر این اساس، مدلی که کمترین مقدار AIC را ارائه کند بهترین مدل است.

نتایج و بحث

جدول ۱ ساختار شجره گوسفندان نژاد بلوچی مورد استفاده در این تحقیق را نشان می دهد. شجره شامل ۲٦۰ پدر با ۱۰۵۱۲ فرزند و ۳۱٤۰ مادر با

۱۰۸۲٤ فرزند بود. میانگین ضرایب همخونی برای کل جمعیت و برای افراد همخون به ترتیب ۲/۱ درصد و ٤/۱ درصد بود. حداکثر و کمترین ضریب همخونی به ترتیب ۳۰/۲ درصد و ۶×۱۰^{-۵} بود. ویژگی‌های آماری داده‌ها در جدول ۲ خلاصه شده است. ضریب تغییرات (CV) برای LMWLB کمترین و برای TLWW بالاترین مقدار بود. مقادیر AIC در جدول ۳ آمده است. در ابتدا، نتایج حاصل از مدل حیوانی معمولی بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس بر اساس مقادیر AIC مورد بررسی قرار گرفت. مدل ۱۱ که شامل اثرات ژنتیکی مستقیم افزایشی، اثرات مادری و کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری بود، به عنوان بهترین مدل شناسایی شد. در ادامه، اضافه شدن اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس به بهبود عملکرد مدل شد، و مدل کامل (مدل ۱۲)، که اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس را نیز شامل می‌شود، به عنوان بهترین مدل شناخته شد. اگرچه افزودن اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس به سایر مدل‌های رایج (مدل‌های ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹) عملکرد آنها را به صورت جداگانه بهبود بخشید، اما هیچ‌کدام از عملکرد مدل ۱۲ پیشی نگرفتند. جدول ۳ برآورد مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی را برای LMWLB، TLWB، LMWLW، و TLWW تحت مدل حیوانی تک صفتی در نوبت زایش اول نشان می‌دهد.

جدول ۱- خلاصه شجره گوسفند بلوچی مورد استفاده در این مطالعه

Table 1. Summary of Baluchi sheep pedigree used in this study

تعداد Number	آیتم Item	تعداد Number	آیتم Item
3412	حیوانات دارای نتاج Individuals with progeny	11742	تعداد کل حیوانات Individuals in total
8330	حیوانات بدون نتاج Individuals with no progeny	4525	تعداد حیوانات همخون Inbreds in total
835	فاندر Founders	260	تعداد کل پدران Sires in total
3365	فرزند- -Progeny	10512	فرزند – -Progeny
86	پدران- -Sires	3140	تعداد کل مادران Dams in total
1531	فرزند- -Progeny	10824	فرزند- -Progeny
740	مادران- -Dams		
2513	فرزند- -Progeny		

به‌طورکلی، برآوردهای وراثت پذیری مستقیم (h^2_a) برای صفات مورد مطالعه پایین بود. تحت مدل بهینه (مدل ۱۲) وراثت پذیری مستقیم (h^2_a) برآورده شده برای TLWB، LMWLB، TLWW و LMWLW برابر با ۰/۰۱±۰/۰۷، ۰/۰۲±۰/۰۸، ۰/۰۲±۰/۱۰ و ۰/۰۳±۰/۰۸ بود. برآورد وراثت پذیری برای TLWB در مقایسه با LMWLB بالاتر بود. به طور مشابه، برای وزن شیرگیری، TLWW برآورد وراثت پذیری بالاتری نسبت به LMWLW داشت. برآوردهای بالاتر، کمتر و متناظر برای وراثت پذیری

صفات مورد مطالعه، توسط محققین مختلف گزارش شده است. در گوسفند سنگسری برآورد مولفه‌های واریانس با بهترین مدل برای هر صفت نشان داد که ۱۶/۵، ۱۲/۳، ۱۰/۸ و ۱۸/۱ درصد کل واریانس فنوتیپی برای صفات LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW با اثرات ژنتیکی افزایشی توجیه می‌شوند (Ehsaninia، ۲۰۲٤). برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم در گوسفند مهربان به‌ترتیب ۰/۰۳، ۰/۱٦، ۰/۰٦ و ۰/۱۸ برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW بود (Yavarifard و همکاران، ۲۰۱۵).

جدول ۲- خلاصه آماره‌های توصیفی صفات تولید مثلی در گوسفند بلوچی

Table 2. Descriptive statistics of data set for reproductive traits in Baluchi sheep

صفت Trait	تعداد Number	میانگین Mean (Kg)	انحراف‌استاندارد SD	حداقل Min (Kg)	حداکثر Max (Kg)	ضریب تغییرات CV %
LMWLB	1682	4.72	0.60	2.5	6.3	12.71
TLWB	1681	4.81	1.12	2.6	11	23.28
LMWLW	1735	24.26	4.40	11.12	37.78	18.13
TLWW	1756	26.29	6.82	11.98	77.43	25.94

LMWLB: litter mean weight per lamb born, LMWLW: litter mean weight per lamb weaned, TLWB: total litter weight at birth, TLWW: total litter weight at weaning

برآوردهای وراثت‌پذیری ۰/۱۳، ۰/۱۲، ۰/۰٤ و ۰/۰٦ برای LMWLB، LMWL، TLWB و TLWW درگوسفندان عربی گزارش شده است (Roshanfekr و همکاران، ۲۰۱۵). همچنین در گوسفند کرمانی، برآورد وراثت‌پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW ۰/۱۳، ۰/۲۲، ۰/۰٦ و ۰/۱۸ بود (Mokhtari و همکاران، ۲۰۱۰). در گوسفند شال، وراثت‌پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB، و TLWW به ترتیب ۰/٤۷، ۰/٤۰، ۰/۱۵، و ۰/۰۳ برآورد شده است (Amou Posht-e-Masari و همکاران، ۲۰۱۳) . همچنین در گوسفند مغانی، برآورد وراثت پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۰۷، ۰/۰۷ و ۰/۰٦ گزارش شده است (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱). این برآوردها بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس هستند. اگر اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم X وجود داشته باشد، و اگر این اثرات بزرگ باشند، نادیده گرفتن آنها می تواند دقت ارزیابی ژنتیکی را کاهش دهد، زیرا این اثرات توسط اثرات ژنتیکی اتوزومال پوشانده می‌شود (Ghafouri-Kesbi و همکاران، ۲۰۲۲)). تغییرات در برآوردهای وراثت‌پذیری گزارش‌شده می‌تواند به دلیل تفاوت‌های ژنتیکی، شرایط محیط پرورش، مجموعه داده مورد استفاده و روش آماری آنالیز باشد. همچنین ما در این مطالعه از داده‌های نوبت اول زایش استفاده کردیم. وراثت‌پذیری بر اساس نوبت زایش می‌تواند دچار تغییراتی شود که احتمالاً با تغییر در عوامل محیطی و صفات مادری مرتبط است. وزن بره هنگام تولد (BW) هم تحت تأثیر سن میش و هم تعداد شکم زایش است (Pesántez-Pacheco et al., 2019). میش‌های مسن‌تر در مقایسه با میش‌های شکم اول، بره‌های سنگین‌تری تولید می‌کنند، و تک‌قلوزایی منجر به بره‌های سنگین‌تر از چندقلوها می‌شود (Pesántez-Pacheco و همکاران، ۲۰۱۹). وراثت‌پذیری پایین صفات تولید مثلی نشان می دهد که انتخاب مستقیم بر اساس هر یک از این صفات به طور قابل توجهی کارایی تولیدمثلی را در این جمعیت بهبود نمی بخشد. برآورد پایین وراثت‌پذیری برای صفات تولیدمثلی در این مطالعه ممکن است به واریانس فنوتیپی بالا ناشی از یک تنوع محیطی زیاد نسبت داده شود. بنابراین بهبود در صفات تولیدمثلی در این شرایط می‌تواند

بیشتر با بهبود محیط تولید، مانند تغذیه میش‌ها قبل از جفت‌گیری و بعد از آبستنی، به جای انتخاب ژنتیکی به دست آید (Yavarifard و همکاران، ۲۰۱۵). وراثت‌پذیری پایین صفات تولیدمثلی احتمالاً به دلیل تأثیر سهم بیشتر اثرات محیطی و همچنین تنوع ژنتیکی پایین برای باروری، چندقلوزایی، بقای بره و دفعات زایش و سایر صفات تولید مثلی است. صفت TLWW، ویژگی مهم اقتصادی برای میش است که بازتابی از توانایی تولید مثلی و مادری میش برای بقا و رشد بره در طول دوره قبل از شیرگیری است (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱). بر اساس نتایج بهترین مدل، وراثت پذیری TLWW بیشتر از سایر صفات بود که با گزارش‌های قبلی در گوسفند مهربان مطابقت دارد (Yavarifard و همکاران، ۲۰۱۵). این مسأله ممکن است به دلیل تنوع ژنتیکی در این صفت با توجه به افزایش وزن از شیر گرفتن بره‌ها باشد است (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱؛ Mokhtari و همکاران، ۲۰۱۰). برآورد وراثت پذیری بالاتر برای TLWW نسبت به TLWB نشان می‌دهد که انتخاب بر اساس TLWW موثرتر خواهد بود.

جدول ۳- مقادیر AIC برای صفات مورد مطالعه در گوسفند بلوچی تحت مدل‌های مختلف حیوانی تک متغیره (بهترین مدل به صورت پررنگ)

Table 3. AIC values for studied traits in Baluchi sheep under different univariate animal models (best model in bold)

Model مدل	Effect(s) اثرات	TLWB	LMWLB	TLWW	LMWLW
model 1	ADD افزایشی	-1155.977	-111.045	-4105.21	-3166.21
model 2	ADD, X-linkedافزایشی، جنسی	-1156.018	-111.213	-4105.9	-3166.67
model 3	ADD, Mpe	-1155.359	-111.514	-4106.63	-3166.51
model 4	ADD, Mpe, X-linked	-1156.361	-111.621	-4106.74	-3166.78
model 5	ADD, MG, (Cov (a,m) = 0)	-1155.993	-111.727	-4105.11	-3167.65
model 6	ADD, MG (Cov (a,m) = 0), X-linked	-1156.621	-111.851	-4105.86	-3167.75
model 7	ADD, MG, (Cov (a,m) ≠ 0)	-1156.623	-111.38	-4106.11	-3168.12
model 8	ADD, MG (Cov (a,m) ≠ 0), X-linked	-1157.623	-112.134	-4103.63	-3168.35
model 9	ADD, Mpe, MG, (Cov (a,m) = 0)	-1156.232	-112.478	-4106.8	-3167.57
model 10	ADD, Mpe, MG, (Cov (a,m) = 0), X-linked	-1157.233	-112.511	-4106.86	-3167.77
model 11	ADD, Mpe, MG, (Cov (a,m) ≠ 0)	-1156.904	-112.618	-4107.55	-3168.38
model 12	ADD, Mpe, MG, (Cov (a,m) ≠ 0), X-linked	**-1157.841**	**-112.815**	**-4107.75**	**-3168.85**

ADD: model including autosomal additive genetic effect (Model with no X-linked effect), X-linked: model including sex-linked additive genetic effect, Mpe: maternal permanent environmental effect, MG: maternal additive genetic, LMWLB: litter mean weight per lamb born, LMWLW: litter mean weight per lamb weaned, TLWB: total litter weight at birth, TLWW: total litter weight at weaning

براساس نتایج بهترین مدل، برآوردهای وراثت‌پذیری وابسته به جنس به ترتیب ۰/۰۱±۰/۰۵، ۰/۰۱±۰/۰۶، ۰/۰۱±۰/۰۵ و ۰/۰۱±۰/۰۵ برای TLWB، LMWLB، TLWW و LMWLW بودند. مطالعات بسیار محدودی در زمینه نقش اثرات کروموزوم X در واریانس فنوتیپی صفات مورد مطالعهٔ تحقیق حاضر صورت گرفته است که مقایسه نتایج را سخت می‌نماید. در گوسفند مغانی، برآورد وراثت‌پذیری وابسته به جنسی برای میانگین افزایش روزانه از شیرگیری تا شش ماهگی، ضریب کلیبر از شیرگیری تا شش ماهگی، راندمان رشد از شیرگیری تا شش ماهگی، میانگین افزایش روزانه از شش ماهگی تا سن یکسالگی، ضریب کلیبر از شش ماهگی به سن یکسالگی و راندمان رشد از شش ماهگی تا یکسالگی به ترتیب ۰/۰۴ ، ۰,۰۱، ۰/۰۱، ۰/۰۲، ۰/۰۲ و ۰/۰۳ بود (Jafaroghli و همکاران، ۲۰۲۱).

جدول ٤- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات تولید مثلی در گوسفند بلوچی تحت بهترین مدل حیوانی

Table 4. Estimates of variance components and genetic parameters for reproductive traits in Baluchi sheep under different univariate animal models (best model in bold)

Trait	مدل	σ_a^2	σ^2_s	σ_c^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2_a	h^2_s	m^2	c^2	r_{am}
TLWB	11	0.15		0.071	0.08	1.256	1.557	0.10±0.01		0.05±0.01	0.05±0.02	0.91
	12	0.13	0.08	0.06	0.07	1.4	1.74	0.07±0.01	0.05±0.01	0.04±0.01	0.03±0.01	0.85
LMWLB	11	0.06		0.02	0.02	0.359	0.459	0.13±0.02		0.04±0.01	0.04±0.02	0.93
	12	0.05	0.04	0.04	0.04	0.453	0.623	0.08±0.02	0.06±0.01	0.06±0.02	0.06±0.02	0.86
TLWW	11	6.17		0.92	1.41	40.76	49.26	0.13±0.03		0.03±0.01	0.02±0.01	0.92
	12	5.56	2.8	0.81	1.48	42.31	52.96	0.10±0.02	0.05±0.01	0.03±0.01	0.02±0.01	0.89
LMWLW	11	1.56		0.86	0.58	14.042	17.042	0.09±0.01		0.03±0.01	0.05±0.02	0.93
	12	1.41	0.98	0.76	0.54	14.23	17.92	0.08±0.03	0.05±0.01	0.03±0.01	0.04±0.02	0.88

LMWLB: litter mean weight per lamb born, LMWLW: litter mean weight per lamb weaned, TLWB: total litter weight at birth, TLWW: total litter weight at weaning, σ_a^2, σ^2_s, σ_m^2, σ_c^2, σ_e^2 and σ_p^2 are autosomal direct additive variance, sex-linked direct additive variance, maternal direct genetic variance, maternal permanent environmental variance, residual variance and phenotypic variance, respectively; h^2_a: autosomal direct heritability, h^2_s: Sex linked heritability, m^2: maternal heritability: σ_m^2/σ_p^2, c^2 is σ_c^2/σ_p^2

همچنین در گوسفند ماکوئی، اثرات غیرمعنی‌داری برای اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم X روی صفات رشد قبل از شیرگیری و صفات مرتبط با بازدهی گزارش شده است (Ghafouri-Kesbi و Abbasi، ۲۰۱۹). در گوسفند لری بختیاری، وراثت‌پذیری وابسته به جنس برای وزن بدن هنگام تولد، ۳، ٦، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب ۰/۰۱، ۰/۰۱، ۰/۱٤، ۰/۰۹ و ۰/۰۱ گزارش شده است (Maraveni و همکاران، ۲۰۱۸). وراثت پذیری وابسته به جنس را برای میانگین افزایش روزانه پس از شیرگیری، نسبت کلیبر و بازده رشد در گوسفند ماکویی به ترتیب ۰/۰٦، ۰/۰٤ و ۰/۰۷ گزارش کردند (Ghafouri-Kesbi و Abbasi، ۲۰۱۹). برای وزن هنگام تولد، وزن از شیرگیری، میانگین افزایش روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیبر در گوسفند ماکوئی، وراثت‌پذیری وابسته به جنس ۰/۰٤، ۰/۰٤٥، ۰/۰۳ و ۰/۰۵۷ بود (Latifi و همکاران، ۲۰۱۹).

برآوردهای وراثت‌پذیری وابسته به جنس تقریبا برابر با وراثت‌پذیری مادری و کمتر از وراثت‌های اتوزومی مربوطه بود. برای صفات زنده‌مانی در گوسفند لری‌بختیاری گزارش شده است که برآوردهای مرتبط با کروموزوم جنسی در بره‌ها برابر با وراثت‌های مادری و کمتر از وراثت‌های اتوزومی مربوطه بود و با افزایش سن بره کاهش یافت (Vatankhah، ۲۰۱۳). در گوسفند مغانی، و برای صفات پس از شیرگیری، برآوردهای وراثت‌پذیری کروموزوم جنسی کوچکتر از وراثت‌پذیری مستقیم بود، که نشان می‌دهد تنوع ژنتیکی اتوزومی بیشتر از تنوع ژنتیکی وابسته به جنس برای صفات پس از شیرگیری در گوسفند مغانی است (Jafaroghli و همکاران، ۲۰۲۱).

نسبت واریانس ناشی از اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برای صفات مورد مطالعه کمتر از وراثت پذیری مستقیم بود. در مطالعه ای روی گوسفند مغانی نسبت واریانس ناشی از اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی نیز کمتر از وراثت‌پذیری مستقیم بود (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱). برای تمام صفات مورد مطالعه، واریانس ژنتیکی مادری در مقایسه با واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم سهم کمتری از واریانس فنوتیپی داشت. بنابراین، وراثت پذیری مادری کمتر از وراثت‌پذیری مستقیم برای همه صفات و برابر با ۰/۰٤، ۰/۰٦، ۰/۰۳ و ۰/۰۳ به ترتیب برای TLWB، LMWLB، TLWW و LMWLW بود. کوواریانس‌های ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری برای همه مثبت بود و بین ۰/۸۵ تا ۰/۹۳ متغیر بود که نشان می‌دهد که هیچ رابطه آنتاگونیسمی بین صفات تولید مثلی ترکیبی به عنوان صفات میش و صفات مادری بره‌ها در آینده وجود ندارد. از نظر ژنتیکی، بره‌های ماده متولد شده با وزن بیشتر احتمالاً بره‌های سنگین‌تری را به عنوان مادران آینده تولید می‌نمایند.

نتیجه‌گیری کلی

این مطالعه نقش معنی‌دار اثرات ژنتیکی افزایشی غیراتوزومی و همچنین اثرات مادری را در شکل‌دهی صفات تولیدمثلی در گوسفند بلوچی نشان می‌دهد. یافته‌ها نشان می‌دهد که برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم برای صفات مورد مطالعه به طور کلی پایین بود که لزوم توجه به بهبود شرایط محیطی را مورد تأکید قرار می‌دهد. به طور کلی، این مطالعه بر ضرورت توجه به اثرات ژنتیکی کروموزوم X در برنامه‌های اصلاحی برای افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و بهبود عملکرد تولیدمثلی تاکید می‌کند. با در نظر گرفتن این عوامل، استراتژی‌های پرورش گوسفند را می توان برای دستیابی به نتایج بهتر در بهره وری تولید مثل و بهره‌وری کلی گله اصلاح کرد.

References

Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19(6), 716–723.

Amou Posht-e-Masari, H., Shadparvar, A. A., Ghavi Hossein-Zadeh, N., & Hadi Tavatori, M. H. (2013). Estimation of genetic parameters for reproductive traits in shall sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 45(5), 1259–1263.

Druet, T., & Legarra, A. (2020). Theoretical and empirical comparisons of expected and realized relationships for the X-chromosome. *Genetics Selection Evolution,* 52, 50.

Ehsaninia, J. (2024*).* A study on the genetic and phenotypic factors affecting specific ewe productivity traits in Sangsari sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 56(8), 309.

Fernando, R. L., & Grossman, M. (1990). Genetic evaluation with autosomal and X-chromosomal inheritance. *Theoretical and applied genetics*, 80, 75-80.

Ghafouri-Kesbi, F, Mokhtari, M., Gholizadeh, M., Amiri Roudbar, M., & Abbasi, M. A. (2022). Parental imprinting effects on growth traits and Kleiber ratio in sheep. *The Journal of Agricultural Science*, 160, 260–269.

Ghafouri-Kesbi, Farhad, & Abbasi, M. A. (2019). Autosomal and X-linked additive genetic effects on body weight, body measurements and efficiency-related traits in sheep. *Small Ruminant Research*, *180*, 21–26.

Jafaroghli, M., Shahrbabak, M. S., Ghafouri-Kesbi, F., & Mokhtari, M. (2021). Estimation of the autosomal and sex-linked genetic parameters for growth rate and efficiency-related traits in Moghani sheep. *Journal of Livestock Science & Technologies*, 9, 69-75

Latifi, M., & Mohammadi, A. (2019). Estimation of genetic parameters of autosomal and sex-linked pre-weaning traits in Makuie sheep using multivariate analysis. *Genetika*, 51(2), 365–375.

Maraveni, M., Vatankhah, M., & Eydivandi, S. (2018). Phenotypic and genetic analysis of Lori-Bakhtiari lamb's weight at different ages for autosomal and sex-linked genetic effects. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 8(1), 67–75.

Meyer, K. (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 31, 179–204.

Meyer, K. (2007). WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University. Science. B*, *8*(11), 815–821.

Mokhtari, M. S., Rashidi, A., & Esmailizadeh, A. K. (2010). Estimates of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 88(1), 27–31.

Notter, D. R., Ngere, L., Burke, J. M., Miller, J. E., & Morgan, J. L. M. (2018). Genetic parameters for ewe reproductive performance and peri-parturient fecal egg counts and their genetic relationships with lamb body weights and fecal egg counts in Katahdin sheep. *Journal of Animal Science*, 96(5), 1579–1589.

Pesántez-Pacheco, J. L., Heras-Molina, A., Torres-Rovira, L., Sanz-Fernández, M. V., García-Contreras, C., Vázquez-Gómez, M., Feyjoo, P., Cáceres, E., Frías-Mateo, M., & Hernández, F. (2019). Influence of maternal factors (weight, body condition, parity, and pregnancy rank) on plasma metabolites of dairy ewes and their lambs. *Animals*, *9*(4), 122.

Rashidi, A., Mokhtari, M. S., Esmailizadeh, A. K., & Fozi, M. A. (2011). Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 96(1), 11–15.

Roshanfekr, H., Berg, P., Mohammadi, K., & Mohamadi, M. E. (2015). Genetic parameters and genetic gains for reproductive traits of Arabi sheep. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 31(1), 23–36.

Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J. J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 13–18.

Vatankhah, M., Talebi, M. A., & Edriss, M. A. (2008). Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. *Small Ruminant Research*, 74, 216–220.

Vatankhah, M. (2013). Estimation of the genetic parameters for survival rate in Lori-Bakhtiari lambs using linear and Weibull proportional hazard models. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 15, 1133-1143.

Wang, R., Wang, X., Liu, B., Zhang, L., Li, J., Chen, D., Ma, Y., He, H., Liu, J., Liu, Y., & Zhang, Y. (2024). Estimation of Genetic Parameters of Early Growth Traits in Dumeng Sheep. *Animals*, 14(16), 2298.

Yadollahi, S., Gholizadeh, M., & Hafezian, H. (2019). Bayesian inference on genetic parameters for some reproductive traits in sheep using linear and threshold models. *Small Ruminant Research*, 170, 149–153.

Yavarifard, R., Ghavi Hossein-Zadeh, N., & Shadparvar, A. A. (2015). Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Mehraban sheep. *Czech J. Anim. Sci*, 60(6), 281–288.

در دست انتشار