

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

Fatemeh Tavasolian¹, Mohsen Gholizadeh^{2*} , Seyed Hasan Hafezian²

¹ Department of Animal Science, Faculty of Animal and Aquatic Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran

² Faculty member, 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: 4/11/2024
Revised: 15/12/2024
Accepted: 13/1/2025

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 ± 0.01 , 0.06 ± 0.01 , 0.05 ± 0.01 and 0.05 ± 0.01 , respectively. Maternal heritability (h_m^2) were lower

than direct heritability 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 heritability. 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), 107-120.



© The Author(s)



[10.22069/EJRR.2025.22946.1983](https://doi.org/10.22069/EJRR.2025.22946.1983)

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

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

فاطمه توسلیان^۱، محسن قلی‌زاده^{۲*} , سیدحسن حافظیان^۲

^۱ دانشکده علوم دامی و شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران

^۲ عضو هیات علمی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ساری، ایران، رایانامه: m.gholizadeh@sanru.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	سابقه و هدف: صفات تولیدمثلی در گوسفند نقش مهمی در بهبود بهره‌وری گله و بازده اقتصادی دارند و مستقیماً بر نرخ بهره‌زایی، باروری و بقای بچه اثر می‌گذارند. مطالعه و جداسازی اثرات مادری (ژنتیکی و محیطی دائمی)، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم اتوزومی و وابسته به جنس نقش بسزایی در برنامه‌های اصلاح نژادی و برآورد دقیق‌تر اجزای (کو)واریانس دارد. این پژوهش با هدف بررسی اثرات ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنسی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثلی میش، شامل میانگین وزن بچه‌های متولدشده (LMWLB)، میانگین وزن بچه‌های از شیر گرفته‌شده (LMWLW)، مجموع وزن بچه‌های متولدشده (TLWB) و مجموع وزن بچه‌های از شیر گرفته‌شده (TLWW) در گوسفند بلوچی انجام شد.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۸/۱۴ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۹/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۰/۲۴	مواد و روش‌ها: داده‌های فنوتیپ و شجره‌ای مورداستفاده در این مطالعه، مربوط به نوبت زایش اول، در ایستگاه اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد در طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ جمع‌آوری شده‌اند. شجره با استفاده از نرم‌افزار CFC موردبررسی قرار گرفت و خطاهای احتمالی شناسایی و رفع شدند. از رویه GLM در نرم‌افزار آماری SAS برای شناسایی اثر ثابت معنی‌دار که باید در مدل‌های حیوانی نهایی گنجانده شوند، استفاده شد. سال زایش و تعداد بچه در هر زایش به‌عنوان 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 نرم‌افزار WOMBAT و با رویه حداکثر درست‌نمایی محدودشده 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 مورداستفاده قرار گرفت.
واژه‌های کلیدی: اثرات ژنتیکی افزایشی جنسی صفات تولید مثلی گوسفند مولفه‌های (کو)واریانس	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 به‌عنوان بهترین مدل شناسایی شد. وراثت‌پذیری مستقیم (h_a^2) برآورده شده برای TLWB، LMWLB، LMWLW و TLWW برابر با 0.07 ± 0.01، 0.08 ± 0.02، 0.10 ± 0.02 و 0.10 ± 0.02 و

۰/۰۸±۰/۰۳ بود. برآوردهای وراثت‌پذیری اثرات ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس برای این صفات (h_s^2) به ترتیب ۰/۰۵±۰/۰۱، ۰/۰۶±۰/۰۱، ۰/۰۵±۰/۰۱ و ۰/۰۵±۰/۰۱ بودند. وراثت‌پذیری‌های مادری (h_m^2) کمتر از وراثت‌پذیری مستقیم برای صفات مذکور و برابر با ۰/۰۴±۰/۰۱، ۰/۰۶±۰/۰۲، ۰/۰۳±۰/۰۱ و ۰/۰۳±۰/۰۲ 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.

نتیجه‌گیری: 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 تولیدمثلی 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. (۱۴۰۴). آنالیز اثرات ژنتیکی افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس برای برخی صفات تولیدمثلی گوسفند بلوچی. *پژوهش در نشخوارکنندگان*، ۱۳(۳)، ۱۲۰-۱۰۷.



[10.22069/EJRR.2025.22946.1983](https://doi.org/10.22069/EJRR.2025.22946.1983)

© نویسندگان

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان



مقدمه

در پرورش گوسفند، بهینه‌سازی عملکرد تولیدمثلی برای افزایش بهره‌وری و بازده اقتصادی امری بسیار ضروری است. صفات تولیدمثلی از قبیل میانگین وزن بره‌های متولدشده در زمان زایش ($LMWL B^1$)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته‌شده ($LMWL W^2$)، مجموع وزن بره‌های متولدشده در زمان زایش ($TLWB^3$) و مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته‌شده ($TLWW^4$) شاخص‌های حیاتی بهره‌وری و سلامت کلی در گله هستند. این ویژگی‌ها به‌طور مستقیماً 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 تولیدمثلی در گوسفند توصیه شده‌اند (Ehsaninia و همکاران، ۲۰۲۴). 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 درعین حال اغلب ناشناخته است که می‌تواند بر صفات تولیدمثلی 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 می‌تواند به‌طور

معنی‌داری بر صفات تولیدمثلی و بر پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی مانند وزن هنگام تولد و وزن از شیر گرفتن تأثیر بگذارند، صفاتی که برای ارزیابی و بهبود بهره‌وری 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 ۱۶۵۸ ژن بر روی کروموزوم X در نسخه Ramb_v3.0 گزارش شده است (پایگاه داده ژنوم NCBI). همچنین در به‌روزرسانی آگوست ۲۰۲۴ در مجموع ۴۷۴۳ 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 می‌کند. در نتیجه، نرها، نسخه کروموزوم X را فقط از مادران به ارث می‌برند، درحالی‌که ماده‌ها یک نسخه از کروموزوم X را از مادر و نسخه دیگر را از پدر به ارث می‌برند؛ 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 می‌شود (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 ماتریس S

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

برای نرها همیشه ۰/۵ است و هیچ رابطه‌ای بین یک نر و پدرش وجود ندارد.

مکان‌های روی کروموزوم X می‌توانند سهم قابل توجهی در واریانس ژنتیکی افزایشی، به‌ویژه برای برخی از صفات مانند صفات مربوط به تولیدمثل 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. به‌طوری‌که اگر اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم جنسی وجود داشته باشد، نادیده گرفتن آن‌ها به‌ویژه اگر این اثرات بزرگ باشند، می‌تواند دقت ارزیابی ژنتیکی را کاهش دهد، زیرا این اثرات توسط اثرات ژنتیکی اتوزومی پوشانده می‌شوند (Ghafouri-Kesbi و همکاران، ۲۰۲۲). با این وجود، تاکنون، 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، درحالی‌که اثرات محیطی مادری تأثیر غیر ژنتیکی مادر را در چرخه‌های مختلف تولیدمثلی در

برمی‌گیرد (Meyer، ۱۹۹۲). این اثرات مادری می‌تواند به‌طور 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، ۲۰۲۴).

اگرچه مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات تولیدمثلی گوسفند بلوچی گزارش شده است (Yadollahi و همکاران، ۲۰۱۹)، مطالعه‌ای در مورد اثرات ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنسی بر عملکرد تولیدمثلی در این نژاد وجود ندارد. از این‌رو این مطالعه باهدف بررسی تأثیر این اثرات ژنتیکی مرتبط با کروموزوم جنسی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثل در گوسفند بلوچی شامل میانگین وزن بره‌های متولدشده در زمان زایش (LMWL)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW)، مجموع وزن بره‌های متولدشده 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 مورداستفاده در این مطالعه در ایستگاه اصلاح نژاد عباس‌آباد مشهد در طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۵ جمع‌آوری شده‌اند. شجره با استفاده از نرم‌افزار CFC (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰۶) بررسی و خطاهای احتمالی شناسایی شدند. خلاصه‌ای از ساختار شجره در جدول ۱ آمده است. صفات مورد مطالعه شامل میانگین وزن بره‌های متولدشده (LMWL)، میانگین وزن بره‌های از شیر گرفته شده (LMWLW)، مجموع وزن بره‌های متولدشده (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

$$y = Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) \neq 0, (12)$$

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

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

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

که در آن $\sigma_a^2, \sigma_s^2, \sigma_{pe}^2, \sigma_m^2, \sigma_e^2$ 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, ۱۹۷۴)

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

که در آن، $\log L$ 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 می‌دهد. شجره شامل ۲۶۰ پدر با ۱۰۵۱۲ فرزند و ۳۱۴۰ مادر با

آنالیز آماری

از رویه نرم‌افزار آماری SAS (۲۰۰۴) 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 نرم‌افزار WOMBAT (Meyer, ۲۰۰۷) انجام شد. برای برآورد اثرات ژنتیکی غیر اتوزومی، 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، به عنوان مدل‌های مرسوم عمل می‌کردند. تأثیر اضافه کردن ژنتیکی افزایشی مرتبط با کروموزوم جنس به این مدل‌ها بررسی شد. مدل‌های ارزیابی شده، معادلات خطی مختلط زیر بودند:

$$\begin{aligned} y &= Xb + Z_{1a} + e \quad (1) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + e \quad (2) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + e \quad (3) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + e \quad (4) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{3m} + e \quad (5) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) = 0, \quad (6) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) \neq 0, \quad (7) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) \neq 0, \quad (8) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) = 0, \quad (9) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{1s} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) = 0, \quad (10) \\ y &= Xb + Z_{1a} + Z_{2pe} + Z_{3m} + e \text{ Cov}(a, m) \neq 0, \quad (11) \end{aligned}$$

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، به‌عنوان 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 به‌صورت جداگانه بهبود بخشید، اما هیچ‌کدام از عملکرد مدل ۱۲ پیشی نگرفتند. جدول ۳ برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی را برای LMWLW، TLWB، LMWLB و TLWW تحت مدل حیوانی تک صفتی در نوبت زایش اول نشان می‌دهد.

۱۰۸۲۴ فرزند بود. میانگین ضرایب هم‌خونی برای کل جمعیت و برای افراد هم‌خون به ترتیب ۲/۱ درصد و ۴/۱ درصد بود. حداکثر و کمترین ضریب هم‌خونی به ترتیب ۳۰/۲ درصد و 6×10^{-5} 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 موردبررسی قرار گرفت. مدل ۱۱ که شامل اثرات ژنتیکی مستقیم افزایشی، اثرات مادری و کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری بود، به‌عنوان بهترین مدل شناسایی شد. در

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

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

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

به‌طور کلی، برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم (h^2_a) برای صفتات مورد مطالعه پایین بود. تحت مدل بهینه (مدل ۱۲) وراثت‌پذیری مستقیم (h^2_a) برآورده شده برای LMWLW، TLWB، LMWLB و TLWW متناسب با وراثت‌پذیری صفتات مورد مطالعه، توسط

برآورد وراثت‌پذیری برای TLWB بود. برآورد وراثت‌پذیری برای LMWLW، TLWB، LMWLB و TLWW متناسب با وراثت‌پذیری صفتات مورد مطالعه، توسط

محققین مختلف گزارش شده است. در گوسفند سنگسری برآورد مؤلفه‌های 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, ۲۰۲۴). برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم در گوسفند مهربان به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۱۶، ۰/۰۶ و ۰/۱۸ برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW بود (Yavarifard و همکاران، ۲۰۱۵).

جدول ۲- خلاصه آماره‌های توصیفی صفات تولیدمثلی در گوسفند بلوچی

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

صفت	تعداد	میانگین	انحراف استاندارد	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات
Trait	Number	Mean (Kg)	SD	Min (Kg)	Max (Kg)	CV%
LMWLB	1682	4.72	0.60	2.50	6.30	12.71
TLWB	1681	4.81	1.12	2.60	11.00	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

همکاران، ۲۰۲۲). تغییرات در برآوردهای وراثت‌پذیری گزارش شده 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 تک‌قلوایی منجر به بره‌های سنگین‌تر از چندقلوها می‌شود (Pesántez-Pacheco و همکاران، ۲۰۱۹). وراثت‌پذیری پایین صفات تولیدمثلی نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم بر اساس هر یک از این صفات به‌طور قابل‌توجهی کارایی تولیدمثلی را در این جمعیت بهبود نمی‌بخشد. 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

برآوردهای وراثت‌پذیری ۰/۱۳، ۰/۱۲، ۰/۰۴ و ۰/۰۶ برای LMWLB، LMWL، TLWB و TLWW در گوسفندان عربی گزارش شده است (Roshanfekar و همکاران، ۲۰۱۵). همچنین در گوسفند کرمانی، برآورد وراثت‌پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW ۰/۱۳، ۰/۲۲، ۰/۰۶ و ۰/۱۸ بود (Mokhtari و همکاران، ۲۰۱۰). در گوسفند شال، وراثت‌پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW به ترتیب ۰/۴۷، ۰/۴۰، ۰/۱۵ و ۰/۰۳ برآورد شده است (Amou Posht-e-Masari و همکاران، ۲۰۱۳). همچنین در گوسفند مغانی، برآورد وراثت‌پذیری مستقیم برای LMWLB، LMWLW، TLWB و TLWW به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۰۷، ۰/۰۷ و ۰/۰۶ 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 می‌تواند دقت ارزیابی ژنتیکی را کاهش دهد، زیرا این اثرات توسط اثرات ژنتیکی اتوزومال پوشانده می‌شود (Ghafouri-Kesbi و

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 تولیدمثلی است. صفت TLWW، ویژگی مهم اقتصادی برای میش است که بازتابی از توانایی تولیدمثلی و مادری میش برای بقا و رشد بره در طول دوره قبل از شیرگیری است

Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱). بر اساس نتایج بهترین مدل، وراثت‌پذیری TLWW بیشتر از سایر صفات بود که با گزارش‌های قبلی در گوسفند مهربان مطابقت دارد (Yavarifard و همکاران، ۲۰۱۵). این مسئله 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 وراثت‌پذیری بالاتر برای TLWW نسبت به TLWB نشان می‌دهد که انتخاب بر اساس TLWW مؤثرتر 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-linked افزایشی، 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

وابسته به جنسی برای میانگین افزایش روزانه از شیرگیری تا شش‌ماهگی، ضریب کلیبر از شیرگیری تا شش‌ماهگی، راندمان رشد از شیرگیری تا شش‌ماهگی، میانگین افزایش روزانه از شش‌ماهگی تا سن یک‌سالگی، ضریب کلیبر از شش‌ماهگی به سن یک‌سالگی و راندمان رشد از شش‌ماهگی تا یک‌سالگی به ترتیب ۰/۰۴، ۰/۰۱، ۰/۰۱، ۰/۰۲، ۰/۰۲ و ۰/۰۳ بود (Jafaroghlil و همکاران، ۲۰۲۱).

بر اساس نتایج بهترین مدل، برآوردهای وراثت‌پذیری وابسته به جنس به ترتیب ۰/۰۵±۰/۰۱، ۰/۰۶±۰/۰۱، ۰/۰۵±۰/۰۱ و ۰/۰۵±۰/۰۱ برای TLWB، LMWLB، TLWW و LMWLW بودند. مطالعات بسیار محدودی در زمینه نقش اثرات کروموزوم X در واریانس فنوتیپی صفات مورد مطالعه تحقیق حاضر صورت گرفته است که مقایسه نتایج را سخت می‌نماید. در گوسفند مغانی، برآورد وراثت‌پذیری

جدول ۴- 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_s^2	σ_c^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2_a	h^2_s	m^2	c^2	i_{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
LMWL _W	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_s^2 , σ_c^2 , σ_m^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_a^2 : autosomal direct heritability, h_s^2 : 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 غیرمعنی داری 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، وراثت پذیری وابسته به جنس برای وزن بدن هنگام تولد، ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب ۰/۰۱، ۰/۱۴، 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 کلیر و بازده رشد در گوسفند ماکوئی به ترتیب ۰/۰۶، ۰/۰۴ 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 کلیر در گوسفند ماکوئی، وراثت پذیری وابسته به جنس ۰/۰۴، ۰/۰۴۵، ۰/۰۳ و ۰/۰۵۷ بود (Latifi و همکاران، ۲۰۱۹).

برآوردهای وراثت پذیری وابسته به جنس تقریباً برابر با وراثت پذیری مادری و کمتر از وراثت های اتوزومی مربوطه بود. برای صفات زندهمانی در گوسفند لری بختیاری گزارش شده است که برآوردهای مرتبط با کروموزوم جنسی در بره ها برابر با وراثت های مادری و کمتر از وراثت های اتوزومی مربوطه بود و با افزایش سن بره کاهش یافت (Vatankhah، ۲۰۱۳). در گوسفند مغانی و برای صفات پس از شیرگیری، برآوردهای وراثت پذیری کروموزوم جنسی کوچک تر از وراثت پذیری مستقیم بود که نشان می دهد 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 وراثت پذیری 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 وراثت پذیری مستقیم برای همه صفات و برابر با ۰/۰۴، ۰/۰۶، ۰/۰۳ و ۰/۰۳ به ترتیب برای TLWW، LMWLB، TLWB و LMWLW بود. کوواریانس های ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری برای همه مثبت بود و بین ۰/۸۵ تا ۰/۹۳ متغیر بود که نشان می دهد که هیچ رابطه آنتاگونیسمی بین صفات تولیدمثلی ترکیبی به عنوان صفات میش و صفات مادری بره ها در آینده وجود ندارد. از نظر ژنتیکی، بره های ماده متولد شده با وزن بیشتر احتمالاً بره های سنگین تری را به عنوان مادران آینده تولید می نمایند.

نتیجه گیری کلی

این مطالعه نقش معنی دار اثرات ژنتیکی افزایشی غیراتوزومی و همچنین اثرات مادری را در شکل دهی صفات تولیدمثلی در گوسفند بلوچی نشان می دهد. یافته ها نشان می دهد که برآوردهای وراثت پذیری مستقیم برای صفات مورد مطالعه به طور کلی پایین بود که لزوم توجه به بهبود شرایط محیطی را مورد تأکید قرار می دهد. به طور کلی، این مطالعه بر ضرورت توجه به اثرات ژنتیکی کروموزوم X در برنامه های اصلاحی برای افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و بهبود عملکرد تولیدمثلی تأکید می کند. با در نظر گرفتن این عوامل، استراتژی های پرورش گوسفند را می توان برای دستیابی به نتایج بهتر در بهره وری تولیدمثل و بهره وری 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., & Fozzi, M. A. (2011). Genetic analysis of ewe productivity traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 96(1): 11–15.
- Roshanfekar, 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 Journal of Animal Science*, 60(6): 281–288.