

مقایسه شش نرم افزار آماری مورد استفاده در اصلاح نژاد دام

رستم عبدالهی آرپناهی^{۱*}، محمد مرادی شهر بابک^۲، محمد باقر زندی^۱ و محمد رزم کبیر^۱
۱، ۲، دانشجویان دکتری و استاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
(تاریخ دریافت: ۸۹/۱۰/۱۵ - تاریخ تصویب: ۹۰/۷/۶)

چکیده

هدف از این تحقیق مقایسه شش نرم افزار ASReml، WOMBAT، DFREML، MATVEC، DMU و Thrgibbsf90 از نظر برخی ویژگی ها مانند کاربر پسندی، تسهیلات محاسباتی، صحت و دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی می باشد. برای انجام این کار، از داده های شبیه سازی شده و واقعی (صفت وزن تولد و شیرگیری گوسفند بلوچی) در حالت یک و دو صفتی استفاده شد. در همه نرم افزارها به استثنای Thrgibbsf90 از روش REML و الگوریتم AIREML برای برآورد پارامترها استفاده شد. اما در نرم افزار Thrgibbsf90 از روش بیزی و الگوریتم مونت کارلو زنجیره مارکوف و تکنیک نمونه گیری گیبس استفاده شد. نتایج نشان داد، انتخاب نرم افزار به سلیقه کاربر و هدف تحقیق بستگی دارد اما در هنگام برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی با استفاده از نرم افزارهای بررسی شده برای صفات پیوسته با استفاده از مدل های خطی جای نگرانی وجود ندارد چرا که نتایج نرم افزارها در مقدار برآورد شده و خطای استاندارد مشابه بودند.

واژه های کلیدی: نرم افزارهای اصلاح نژاد، حداکثر درست نمایی محدود شده، آمار بیزی،

پارامترهای ژنتیکی

مقدمه

دانشجویان، اساتید و... در سراسر جهان، علاوه بر مزایای زیاد، دارای معایبی نیز می باشد. از یک طرف، نرم افزار به دقت مورد بررسی قرار می گیرد و ایرادات آن به آسانی شناخته می شوند؛ از طرفی دیگر، تهیه کنندگان مجبورند نرم افزارشان را برای کاربردهای وسیع تر و سیستم عامل های مختلف آماده کنند که اینچنین حمایتی بسیار زمان بر می باشد.

افزایش تعداد بسته های نرم افزاری با اهداف مشابه، انگیزه مقایسه آنها را ایجاد می کند. انتخاب بهترین نرم افزار برای همه اهداف اصلاح نژادی بسیار مشکل است. زیرا که هیچ نرم افزاری نمی تواند تمامی اهداف کاربران را پوشش دهد (Druet & Ducrocq, 2006). اولاً، اهداف محققین از پروژه های مختلف متفاوت است، ثانیاً، سرعت

نرم افزارهای متعددی به منظور استفاده در تحقیقات و پروژه های اصلاح دام در دسترس هستند. فراوانی این نرم افزارها به دلیل تقاضای زیاد و فراهم بودن شبکه های کامپیوتری می باشد. همچنین با فراهم شدن سیستم های ثبت رکورد منطقه ای، کشوری و بین المللی و پیچیده شدن مسائل آماری در اصلاح دام، مشکلات محاسباتی نیز افزایش یافته اند. به ندرت کسی قادر است نرم افزاری طراحی و تنظیم کند که تمامی مسائل و نیازها را پوشش دهد. بنابراین، هر نرم افزار نسبت به نرم افزار دیگر مزایا و معایبی دارد. از طرفی شبکه های اینترنتی نیز به خوبی می توانند نرم افزارها را در سراسر جهان در اختیار کاربران قرار دهند. اشتراک نرم افزار بین محققان،

مواد و روش‌ها

داده‌های شبیه‌سازی شده

یکی از بهترین راه‌ها برای مقایسه نرم‌افزارهای مختلف استفاده از شبیه‌سازی می‌باشد. زیرا که در این حالت مقادیر واقعی پارامترها و ارزش‌ها شناخته شده است. جمعیت پایه متشکل از ۸۰۰ فرد (۴۰۰ ماده و ۴۰۰ نر) با فرض تعداد نامحدود لوکوس برای هر صفت و برقرار بودن تعادل هاردی وینبرگ در جمعیت با شبیه‌سازی تصادفی و با استفاده از زبان برنامه نویسی ویژوال بیسیک ایجاد شد. اندازه جمعیت در هر سال ثابت نگه داشته شد (۴۰۰ ماده و ۴۰ نر). حداکثر سن برای حیوانات نر و ماده در گله به ترتیب ۳ و ۶ سال اعمال شد. شبیه‌سازی برای ۱۹ سال و ۳ تکرار انجام شد. وراثت پذیری صفت اول ۰/۳ و صفت دوم ۰/۱۰ در نظر گرفته شد. واریانس فنوتیپی هر دو صفت مساوی ۱۰۰، همبستگی ژنتیکی ۰/۵ و همبستگی محیطی صفر فرض شد. رکوردهای فنوتیپی برای جمعیت پایه و نتایج حاصل از آنها به ترتیب با استفاده از فرمول‌های ۱ و ۲ شبیه‌سازی شد (۱۴):

[۱]

$$\begin{bmatrix} y_{1i} \\ y_{2i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{bmatrix} + L_G \begin{bmatrix} Z(1) \\ Z(2) \end{bmatrix} + L_R \begin{bmatrix} Z(3) \\ Z(4) \end{bmatrix}$$

[۲]

$$\begin{bmatrix} y_{1i} \\ y_{2i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} PTA1 \\ PTA2 \end{bmatrix} + (d_{ii})^{0.5} L_G \begin{bmatrix} Z(1) \\ Z(2) \end{bmatrix} + L_R \begin{bmatrix} Z(3) \\ Z(4) \end{bmatrix}$$

در این فرمول‌ها، y_{1i} و y_{2i} به ترتیب ارزش‌های فنوتیپی صفت اول و دوم در فرد i ، μ_1 و μ_2 به ترتیب میانگین صفت اول (۵ واحد) و صفت دوم (۲۵ واحد)، $PTA1$ و $PTA2$ به ترتیب میانگین ارزش اصلاحی والدین فرد i برای صفت اول و دوم، $d_{ii} = (0.5 - 0.25(F_s - F_d))$ ، F_s و F_d به ترتیب ضریب همخونی پدر و مادر فرد i ، L_G و L_R ماتریس‌های پایین مثلثی حاصل از تجزیه چالسکی ماتریس‌های (کو)واریانس ژنتیکی و باقی مانده و Z متغیر تصادفی دارای توزیع نرمال استاندارد می‌باشند. با

اجراء کامپیوترها بسیار متفاوت است. اکثر نرم‌افزارها در حال توسعه هستند و ضعف‌های که برای نرم‌افزارها امروز نشان داده می‌شود ممکن است در آینده برطرف شوند. تحقیقات اندکی در ارتباط با مقایسه نرم‌افزارهای مختلف در اصلاح دام صورت گرفته است. Misztal (1998) شش نرم افزار DFREML، MTDFREML، PEST، JAA/MTC، ABTK و DMU را از نظر ویژگی‌هایی مانند کاربرد پسندی، قابلیت استفاده برای گونه‌های مختلف، تعداد صفحات راهنمای نرم افزار، قابلیت استفاده برای حجم نمونه کم و زیاد، انجام آزمون‌های فرض، برآورد پارامترها با استفاده از روش REML، قابلیت حل مدل‌های یک و چند متغیره و در نظر گرفتن اثرات تصادفی اضافی مانند ژنتیکی و محیطی دائمی مادری مورد بررسی قرار داد. Druet & Ducrocq (۲۰۰۶) نوآوری‌های ایجاد شده در نرم‌افزارهای مختلف از نظر استفاده از الگوریتم‌های کارآمدتر را مورد مطالعه قرار داد. Saheb Honar et al. (2009) پنج نرم افزار DFREML، ASReml، WOMBAT، MATVEC، DMU را از نظر برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده و واقعی در حالت یک صفت و با استفاده از الگوریتم AIREML مورد بررسی قرار دادند. این محققان دریافتند در حالت شبیه‌سازی نتایج حاصل از نرم‌افزار DMU متفاوت از مقدار مورد انتظار هستند.

هدف از این تحقیق مقایسه شش نرم‌افزار DFREML (Meyer, 1998)، WOMBAT (Meyer, 2007)، ASReml (Gilmour et al., 1999)، MATVEC (Wang et al., 2003)، DMU (Madsen & Jensen, 2007) و Thrgibbsf90 (از گروه نرم افزاری BLUPf90 تهیه شده توسط Misztal et al., 2002) از نظر برخی ویژگی‌ها مانند کاربرد پسندی، قابلیت استفاده در کارهای مولکولی، برآورد پارامترها برای مدل‌های غیرخطی مانند آستانه‌ای، الگوریتم‌های مورد استفاده در محاسبات و زمان محاسباتی است. همچنین مقایسه نرم‌افزارها بر اساس صحت و دقت برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و محیطی با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده و واقعی (وزن تولد و شیرگیری بره‌های بلوچی) می‌باشد.

آمیزش آنها به صورت تصادفی انجام شد. همخوانی افراد با روش جدول روابط خویشاوندی محاسبه گردید. آماره های توصیفی داده‌های شبیه‌سازی شده و ساختار شجره در جدول ۱ نمایش داده شده است.

استفاده از توزیع یکنواخت و تابع تصادفی Rnd جنس حیوانات تعیین شد. تعداد مادر به ازای هر پدر برابر با ۱۰ بود. انتخاب والدین سال‌های بعد بر اساس شاخص انتخاب دو صفتی با ضرایب اقتصادی مساوی یک و

جدول ۱- آماره‌های توصیفی داده‌های شبیه‌سازی شده و واقعی

واقعی ^۲		شبیه سازی شده ^۱		صفات
AWW	BW	صفت دوم	صفت اول	
۱۹۷۰	۲۰۱۱	۸۰۰	۸۰۰	تعداد حیوان جامعه مینا
۱۳۹۰۰	۱۵۵۶۸	۸۴۰۰	۸۴۰۰	تعداد حیوان با رکورد
۸۶	۹۱	۸۰۰	۸۰۰	تعداد حیوان با پدر نامعلوم
۳۴۳	۳۰۸	۸۰۰	۸۰۰	تعداد حیوان با مادر نامعلوم
۳۲۰	۳۲۶	۳۶۰	۳۶۰	تعداد پدر با رکورد نتاج
۴۴۹۰	۴۷۳۷	۲۳۱۱	۲۳۱۱	تعداد مادر با رکورد نتاج
۲۲/۲۴	۴/۲۷	۲۷/۴۵	۱۹/۲۵	میانگین
۳/۵۱	۰/۵۸	۹/۵۹	۱۳/۱۵	انحراف معیار
۱۵/۷۸	۱۳/۵۸	۳۴/۹۳	۶۸/۳۵	ضریب تغییرات(%)

۱ صفت اول با وراثت‌پذیری ۰/۳ و صفت دوم با وراثت‌پذیری ۰/۱ همبستگی ژنتیکی بین دو صفت ۰/۵ و همبستگی فنوتیپی صفر فرض شد. ۲، وزن تولد (BW)، وزن شیرگیری (AWW^۱)

داده‌های واقعی

یکی از عیوب اساسی داده‌های شبیه‌سازی شده توزیع یکنواخت مشاهدات در زیرکلاس‌ها است. به دلیل دامنه وسیع پارامترهای ژنتیکی و محیطی مانند وراثت‌پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی، شبیه‌سازی تمامی حالات کاری بسیار طاقت فرسا و زمان بر است. همچنین به دلیل وجود یکسری عوامل ناشناخته که ماهیت داده‌های واقعی را تحت تاثیر قرار می‌دهند و کاربر به دلیل عدم شناخت در شبیه‌سازی آنها ناتوان است، از داده‌های واقعی استفاده گردید. بنابراین، در این تحقیق از داده‌های واقعی صفات رشد گوسفند بلوچی که طی سال‌های ۱۳۵۲ الی ۱۳۸۵ از گله شماره ۱ و ۲ مرکز اصلاح نژاد و پرورش وگوسفند شمال شرق کشور واقع در ایستگاه عباس آباد مشهد، استفاده شد. آماره‌های توصیفی ساختار شجره و داده‌ها در جدول ۱ نشان داده شده است.

تجزیه و تحلیل داده‌ها

به منظور برآورد اجزای (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی داده‌های شبیه‌سازی شده از یک مدل خطی دو متغیره که در برگرنده اثر ثابت جنس و اثر

تصادفی حیوان بود، استفاده گردید. برای داده‌های واقعی مدل خطی مورد استفاده شامل اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم فرد، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مادری و کواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود که مدل آماری آن به صورت زیر است:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2pe + Z_3m + e \quad Cov(a,m) = A\sigma_{am}$$

در مدل بالا، y بردار مشاهدات فنوتیپی برای همه افراد، b بردار اثرات ثابت برازش داده شده با ماتریس طرح X ، Z_1 ، Z_2 و Z_3 به ترتیب ماتریس‌های طرح برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری و ژنتیکی افزایشی مادری هستند. ساختار (کو)واریانس برای اثرات تصادفی به صورت:

$$V(a) = A\sigma_a^2 \quad V(m) = A\sigma_m^2 \quad V(c) = I_{nd}\sigma_{pe}^2 \quad V(e) = I_n\sigma_e^2$$

ماتریس‌های واحدی هستند که رتبه آنها به I_{nd} و I_n است. σ_a^2 ، σ_m^2 ، σ_{pe}^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم،

که می‌توان گفت برای مدل‌های دو صفتی، زمان محاسباتی حدود دو برابر مدل تک صفتی با اثرات مستقل مشابه بود.

یکی از مهمترین معیارها برای مقایسه نرم‌افزارها کاربرپسندی آنها می‌باشد. کاربرپسندی خود شامل سادگی یادگیری و سادگی به کارگرفتن آموخته‌های کاربر است. با توجه به نظر نویسندگان این تحقیق نرم-افزار Wombat بسیار کاربرپسند است و نتایجی که در فایل‌های خروجی چاپ می‌شوند نیز به راحتی قابل درک هستند. دو نرم‌افزار ASReml و Thrgibbsf90 به دو مرحله اجرا نیاز دارند تا مقادیر پارامترهای ژنتیکی و خطای معیار آنها را در خروجی چاپ کنند. برای نرم‌افزار Thrgibbsf90 تجزیه‌های پس‌گیس با نرم‌افزار Postgibbsf90 انجام می‌شود. عیب اساسی این نرم‌افزار محاسبه نکردن پارامترهای ژنتیکی و خطای استاندارد آنها است. بنابراین، مناسب‌ترین راه این است که از نرم-افزارهای آماری دیگری مانند SAS، R یا SPSS برای تجزیه‌های PostGibbs استفاده شود. پس کاربر بایستی علاوه بر مهارت در آماده سازی فایل‌ها برای نرم‌افزار Thrgibbsf90 با نرم‌افزارهای آماری و محاسباتی نیز آشنایی کافی داشته باشد. با وجودی که این نرم‌افزار به دو مرحله تجزیه و تحلیل داده‌ها نیاز دارد تا میانگین توزیع پسین بدست آید اما آماده سازی فایل داده، پارامتر و شجره آن بسیار ساده است.

از آنجایی که در ASReml رمزهای فایل پارامتر بسیار است و کاربر هنگام آماده سازی فایل پارامتر به مشکلات متعددی برمی‌خورد، نرم‌افزار Wombat در این مورد بهترین بود. فایل راهنمای استفاده و اصول کار با شش نرم‌افزار در سایت مربوط هر نرم‌افزار وجود داشت. ساده‌ترین و قابل درک‌ترین راهنما مربوط به نرم‌افزار Thrgibbsf90 و مشکل‌ترین آنها مربوط به ASReml بود. البته دلیل این امر نیز کلی بودن و دامنه وسیع استفاده کنندگان نرم‌افزار ASReml نسبت به سه نرم-افزار دیگر است.

در سایت برنامه‌های WOMBAT، ASReml، DMU و Thrgibbsf90 برای مدل‌های مختلف مثال‌هایی موجود است که کاربر می‌تواند قبل از انجام تجزیه‌های خود این مثال‌ها را اجرا کرده و ساختار مدل، تعداد فایل مورد نیاز

واریانس ژنتیکی افزایشی مادری، واریانس محیطی دائمی مادری و واریانس باقی‌مانده (محیطی موقت) هستند.

بردارهای \mathbf{a} ، \mathbf{m} و \mathbf{pe} به ترتیب شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مادری برای هر فرد می‌باشند. \mathbf{A} ماتریس روابط خویشاوندی به دست آمده از ساختار شجره است. $\mathbf{I}_{2,m}$ ، نشاندهنده کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری است. تجزیه و تحلیل‌های آماری با شش نرم‌افزار DFREML، WOMBAT، ASReml، MATVEC، DMU و Thrgibbsf90 (نرم‌افزاری از گروه نرم‌افزاری BLUPf90) انجام شد. در پنج نرم‌افزار اول از روش REML و الگوریتم AI-REML برای برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی استفاده شد. اما در نرم‌افزار Thrgibbs از روش بیزی از طریق الگوریتم مونت کارلو زنجیره مارکوف و تکنیک نمونه‌گیری گیس برای برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی و محیطی استفاده شد. مقایسه صحت برآوردها با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده (مشابه بودن مقدار واقعی پارامتر با برآورد شده) انجام گرفت. مقایسه دقت برآوردها با مقایسه میزان خطای استاندارد برآوردها در نرم‌افزارهای مختلف صورت گرفت. از آزمون t -استودنت برای مقایسه معنی‌داری بین برآوردهای حاصل از نرم‌افزارهای مختلف استفاده شد.

نتایج و بحث

ویژگی‌های نرم‌افزارها

برخی ویژگی‌های نرم‌افزارهای مختلف در جدول ۲ ارائه شده است. از نظر زمان محاسباتی، تفاوت مشهودی بین نرم‌افزارهای DFREML، Wombat، ASReml، MATVEC و DMU مشاهده نشد. اما برنامه Thrgibbsf90 به علت اینکه از تکنیک نمونه‌گیری گیس برای برآورد پارامتر مجهول استفاده می‌کرد، بسته به تعداد نمونه‌گیری زمان محاسباتی از ۵ تا ۲۰ ساعت به طول انجامید. با پیچیده شدن مدل مانند بیشتر شدن تعداد اثرات تصادفی در مدل و دومتغیره شدن مدل‌ها، زمان محاسباتی نرم‌افزارها افزایش یافت

فقط یک مثال در سایت این نرم‌افزار وجود دارد.

و نحوه آماده‌سازی فایل داده، شجره و پارامتر را یاد بگیرد. اما تهیه‌کنندگان نرم‌افزار MATVEC، از این نظر چندان کاربر را حمایت نکرده و

جدول ۲- برخی ویژگی‌های شش نرم‌افزار مختلف

ویژگی	DFREML	WOMBAT	ASReml	MATVEC	DMU	ThrGibbsf90
سال انتشار	۱۹۸۸	۲۰۰۵	۲۰۰۶		۱۹۹۳	۲۰۰۲
سیستم عامل قابل اجرا	ویندوز	ویندوز و لینوکس	ویندوز و لینوکس	ویندوز و لینوکس	ویندوز و لینوکس	ویندوز و لینوکس
تعداد صفحات راهنما	۱۰۰	۹۲	۳۹۸	۱۲۵	۳۳	۲۵
سرعت محاسباتی ^۱	++	+++	+++	++	+++ ^۲	+
آزمون‌های فرض			√	√	√	√
تجزیه مدل‌های آستانه‌ای			√	√		√
نیاز به شماره دهی مجدد اثرات ثابت و تصادفی ^۲						√
تجزیه رگرسیون تصادفی	√	√	√	√	√	√
نقشه‌یابی جایگاه‌های ژنی			√	√	√	√
تجزیه به روش بیزی					√	√

۱؛ ++ سرعت محاسباتی بسیار کند به علت استفاده از آمار بیزی؛ ++، سرعت محاسباتی متوسط؛ +++، سرعت محاسباتی بسیار بالا

۲؛ در صورتی که در این نرم‌افزار از روش بیزی استفاده شود زمان محاسباتی بسیار کند خواهد بود

۳؛ شماره دهی به صورت زنجیره‌ای به صورتی که کوچکترین عدد شماره یک و شماره‌های بعدی به ترتیب شماره ۲ تا آخر را به خود بگیرند

برآورد پارامتر مجهول استفاده می‌کنند. تنها تفاوت این نرم‌افزارها در الگوریتم‌های حل معادلات مختلط برای رسیدن به همگرایی می‌باشد که کاربر می‌تواند با انتخاب نوع الگوریتم از انجام الگوریتم پیش‌فرض که نوع AI-REML است، اجتناب کند. اما در این تحقیق الگوریتم پیش‌فرض برای پنج نرم‌افزار اول AI-REML بود. نرم‌افزار ThrGibbsf90 از روش بیزی و الگوریتم مونت کارلو از طریق نمونه‌گیری گیبس از توزیع پسین، پارامتر(های) مجهول را برآورد می‌کند. در نرم‌افزار DMU کاربر می‌تواند از روش بیزی نیز برای برآورد پارامترها و ارزش‌ها استفاده کند. از میان این نرم‌افزارها، نرم‌افزار ASReml، MATVEC و ThrGibbsf90 قابلیت تجزیه مدل‌های آستانه‌ای را دارند.

یکی از مزایای نرم‌افزار MATVEC نسبت به پنج نرم‌افزار دیگر این است که کاربر چنانچه از توزیع داده‌ها اطلاع کافی داشته باشد می‌تواند نوع توزیع داده‌ها را (پویسون، باینومیل، نرمال، گاما، بتا، نمایی و ...) را قبل از تجزیه برای نرم‌افزار تعریف کند و تجزیه و تحلیل را مبتنی بر توزیع صحیح داده‌ها انجام دهد، در صورتی که نرم‌افزارهای دیگر از توزیعی که نویسنده به صورت پیش

قبل از انجام تجزیه و تحلیل با نرم‌افزار ThrGibbsf90 بایستی فایل شجره مجدداً شماره‌دهی شود به طوری که کوچکترین حیوان شماره یک و به ترتیب شماره‌های بعدی به حیوانات بعدی اختصاص داده شوند. نرم‌افزار Wombat حیواناتی را که در تولید نتایج و داده‌ها نقشی ندارند را از شجره حذف می‌کند و اما کاربر بایستی قبل از کار با ASReml و ThrGibbsf90 خود این کار را انجام دهد. یک مرحله اساسی در هنگام اجرای برنامه‌های ThrGibbsf90 این است که بایستی تمام سطوح اثرات ثابت و تصادفی نیز از یک تا آخرین سطح شماره دهی شوند وگرنه برنامه اجرا نخواهد شد. از این نظر نیز برنامه WOMBAT کاربرپسندتر بود. همه نرم‌افزارها چنانچه در هنگام اجرا به خطایی یا مشکلی در فایل داده، شجره یا پارامتر برخورد کنند آن را گزارش می‌دهند و کاربرد بایستی بسته به نوع خطای گزارش شده برای رفع خطای فایل پارامتر، شجره یا داده خود را بازبینی کند. معمولاً بیشتر خطاهای مربوط به فایل پارامتر هستند. نرم‌افزارهای DFREML، WOMBAT، ASReml، MATVEC و DMU از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای

نمایی است. Harville & Mee (1984) و Korsgaard et al. (2003) گزارش کردند که برآوردهای REML برآوردهای مد توزیع پسین حاشیه‌ای ماتریس‌های (کو) واریانس حاصل از روش بیزی هستند. اگر توزیع پسین حاشیه‌ای ماتریس‌های (کو) واریانس متقارن باشد آنگاه برآوردهای مد و میانگین پسین حاشیه‌ای می‌توانند برابر باشند. Janss & de Jong (1999) یک مدل مختلط با حدود ۱/۴ میلیون اثر تصادفی که شامل ۷۰۰۰۰۰ ارزش ژنتیکی افزایشی (همراه با وارد کردن ماتریس خویشاوندی A) برای تولید شیر گاوهای هلند^۱ با استفاده از نمونه‌گیری گیبس را برازش دادند. روش REML برای تجزیه این داده‌ها نامناسب بود اما روش زنجیره مارکوف مونت کارلو توانست مدل مورد نظر را برازش دهد.

بنابراین اگرچه در اینجا تفاوت معنی داری بین نرم افزارهای مختلف دیده نشد اما انتظار می‌رود با انجام تجزیه‌های دیگر با داده‌های با حجم بیشتر، استفاده از توزیع‌های پیشین متفاوت و مدل‌های دیگر مانند غیرخطی تفاوت بین نرم‌افزارها به خصوص نرم افزار Thrgibbsf90 با نرم افزارهای دیگر بهتر آشکار شود.

با مقایسه پارامترهای واقعی (استفاده شده در شبیه سازی) با مقدار برآورد شده آن در جدول ۳ این نتیجه حاصل می‌شود که صحت برآوردها در شش نرم‌افزار کاملاً مشابه اما نسبت به مقدار واقعی اریب رو به پایین دارد. البته این اریب را نمی‌توان با قاطعیت کامل به نرم‌افزارها نسبت داد. زیرا این داده‌ها نتایج حاصل از سه تکرار شبیه‌سازی تصادفی هستند و شاید با زیاد کردن تعداد تکرار شبیه‌سازی این نوسانات در پارامترهای برآورد شده جبران شود.

1. Flat
2. Dutch Cattle

فرض برای داده‌ها تعریف کرده است استفاده می‌کنند (معمولاً این توزیع پیش فرض نیز در اکثر اوقات توزیع نرمال است). از طرفی نرم‌افزار ASReml می‌تواند برای انواع طرح‌های آزمایشی، مقایسات میانگین، انواع تبدیل داده و ویرایش داده‌ها مانند پیدا کردن داده‌های پرت و تعیین توزیع داده‌ها استفاده گردد.

در این تحقیق همه نرم‌افزارها در محیط ویندوز XP و ویندوز 7 اجرا شدند. گرچه نسخه اولیه برنامه WOMBAT فقط در محیط لینوکس کاربرد داشت، اما با اصلاحات صورت گرفته، نسخه‌های اخیر آن در محیط ویندوز قابل اجرا هستند. نویسنده این برنامه (Meyer) گزارش کرده چنانچه حجم داده‌ها زیاد باشد، سرعت اجرای برنامه در محیط لینوکس بسیار سریعتر می‌باشد. البته نسخه‌های دیگر نرم‌افزارهای Thrgibbsf90 و ASReml نیز تحت سیستم عامل لینوکس قابل اجرا هستند.

دقت و صحت برآورد پارامترها

داده‌های شبیه‌سازی شده

نتایج حاصل (جدول ۳) نشان می‌دهد نرم‌افزارها تفاوت معنی‌داری از نظر دقت برآورد پارامترها ندارند. با وجودی که انتظار می‌رفت نتایج پنج نرم‌افزاری که از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای برآورد پارامترها استفاده می‌کردند، مشابه باشند اما یکسان بودن نتایج نرم‌افزار Thrgibbsf90 با این نرم‌افزارها جالب توجه بود. زیرا که این نرم‌افزار برخلاف سه نرم‌افزار قبلی، از روش بیزی و الگوریتم زنجیره مارکوف مونت کارلو از طریق نمونه‌گیری گیبس از توزیع پسین، برآورد پارامترها را انجام می‌دهد. دلیل این امر این بود توزیع پیشین برای اثرات تصادفی در این نرم‌افزار یکنواخت^۱ بود لذا در این حالت سهم داده‌ها در برآوردهای پایانی حداکثر بوده و جواب‌ها مانند روش حداکثر درست

جدول ۳- مؤلفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی برآورد شده از داده‌های شبیه‌سازی شده با استفاده از نرم‌افزارهای مختلف برای حالت دو صفتی

پارامتر واقعی ^۰	DFREML	WOMBAT	ASReml	MATVEC	DMU	Thrgibbsf90
σ_{a1}^2	۲۵/۵۲±۱/۴۹	۲۵/۵۲±۱/۴۹	۲۵/۵۲±۱/۴۹	۲۵/۵۱±۱/۴۹	۲۵/۱۹±۱/۴۷	۲۵/۲۶±۱/۲۴
σ_{a2}^2	۵/۵۶±۱/۱۳	۵/۵۶±۱/۱۳	۵/۵۶±۱/۱۳	۵/۵۶±۱/۱۳	۵/۵۳±۱/۱۳	۵/۹۳±۱/۱۹

ادامه جدول ۳- مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی برآورد شده از داده‌های شبیه‌سازی شده با استفاده از نرم‌افزارهای

مختلف برای حالت دو صفتی

۵۹/۸۶±۱/۱۹	۵۹/۸۴±۱/۳۱	۵۹/۸۶±۱/۳۱	۵۹/۸۶±۱/۳۱	۵۹/۸۶±۱/۳۱	۵۹/۸۶±۱/۳۰	۷۰	σ^2_{e1}
۸۵/۱۰±۱/۶۳	۸۵/۲۹±۱/۶۱	۸۵/۳۳±۱/۶۱	۸۵/۳۳±۱/۶۱	۸۵/۳۳±۱/۶۱	۸۵/۳۳±۱/۶۱	۹۰	σ^2_{e2}
۰/۲۹۷±۰/۰۱	۰/۳۰±۰/۰۲	۰/۳۰±۰/۰۲	۰/۳۰±۰/۰۲	۰/۳۰±۰/۰۱	۰/۳۰±۰/۰۱	۰/۳۰	h^2_{a1}
۰/۰۷±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۱۰	h^2_{a2}
۰/۰۸±۰/۰۶	۰/۰۹±۰/۰۷	۰/۱۰±۰/۰۷	۰/۱۰±۰/۰۷	۰/۰۹±۰/۰۷	۰/۰۹±۰/۰۷	۰/۵۰	$r_{a1,2}$
-۰/۰۱±۰/۰۱	-۰/۰۲±۰/۰۱	-۰/۰۲±۰/۰۱	-۰/۰۲±۰/۰۱	-۰/۰۲±۰/۰۱	-۰/۰۲±۰/۰۱	۰/۰۰	$r_{e1,2}$

* مقادیر مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی استفاده شده برای شبیه‌سازی

داده های واقعی

است. همانند نتایج حاصل از داده‌های شبیه‌سازی شده، دقت و صحت برآورد پارامترها تفاوت چندانی با هم نداشت. اکثریت تفاوت‌ها در تمامی مدل‌ها حدود ۰/۰۰۱ تا ۰/۰۱ بود که نشان می‌دهد تفاوت معنی داری بین نرم‌افزارها وجود ندارد. گرچه انتظار می‌رفت با پیچیده شدن مدل‌ها، تفاوت بین نرم‌افزارها بهتر نمایان شود اما این نتیجه حاصل نشد و هر شش نرم‌افزار در تجزیه داده‌ها توانمند عمل کردند. شاید بتوان تفاوت‌های ناچیز بین برآوردها را به خطاهای گرد کردن اعداد و استفاده از معیارهای متفاوت برای تعیین رسیدن به همگرایی نسبت داد.

علاوه بر داده‌های شبیه‌سازی شده، به منظور مقایسه نرم‌افزارهای مختلف از داده‌های واقعی نیز استفاده شد. زیرا که داده‌های واقعی یکسری ساختارهایی مانند عدم همگنی واریانس در زیرگروه‌ها، نامتعادل بودن تعداد مشاهدات در زیر کلاس‌ها را دارند. همچنین برای مقایسه نرم‌افزارها از نظر قابلیت آنها در تجزیه و تحلیل مدل‌های مختلف برای حالت تک صفتی شش مدل برآزش شد (فقط نتایج حاصل از تجزیه مدل کامل نشان داده شده است). نتایج حاصل برای صفت وزن تولد و شیرگیری در جدول ۴ و ۵ نشان داده شده

جدول ۴- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با ۶ نرم افزار مختلف برای صفت وزن تولد با مدل کامل*

Thrgibbsf90	DMU	MATVEC	ASReml	WOMBAT	DFREML	پارامتر
۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	σ_a^2
۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	σ_{pe}^2
۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	σ_m^2
۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۰±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	σ_e^2
۰/۱۳±۰/۰۲	۰/۱۳ ^{oo}	۰/۱۲±۰/۰۱	۰/۱۲±۰/۰۱	۰/۱۲±۰/۰۱	۰/۱۲±۰/۰۲	h^2_{a***}
۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۰	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	pe^2
۰/۱۰±۰/۰۲	۰/۰۹	۰/۰۹±۰/۰۱	۰/۰۹±۰/۰۱	۰/۰۹±۰/۰۱	۰/۰۹±۰/۰۲	h^2_m
۰/۴۰±۰/۱۱	۰/۴۵±۰/۱۲	۰/۴۲±۰/۱۲	۰/۴۲±۰/۱۲	۰/۴۲±۰/۱۱	۰/۴۲±۰/۱۱	r_{am}

* مدل با اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و باقی‌مانده و کواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری

** نرم افزار DMU مقدار پارامتر± خطای استاندارد را در مدل‌های با اثر تصادفی مازاد بر اثر افزایشی مستقیم حیوان در خروجی نشان نداد.

*** h^2_a ، وراثت پذیری مستقیم؛ pe^2 ، نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی؛ h^2_m ، نسبت واریانس ژنتیکی مادری به واریانس فنوتیپی؛

r_{am} ، همبستگی بین اثر افزایشی مستقیم حیوان و اثر افزایشی مادری

جدول ۵- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با ۴ نرم افزار مختلف برای صفت وزن شیرگیری با مدل کامل*

Thrgibbsf90	DMU	MATVEC	ASReml	WOMBAT	DFREML	پارامتر
۱/۱۶±۰/۱۷	۱/۰۶±۰/۱۹	۱/۱۱±۰/۱۹	۱/۱۱±۰/۱۹	۱/۱۱±۰/۱۹	۱/۱۲±۰/۱۹	σ_a^2
۰/۹۶±۰/۱۶	۱/۰۱±۰/۱۶	۱/۰۰±۰/۱۶	۱/۰۰±۰/۱۶	۱/۰۰±۰/۱۶	۰/۹۹±۰/۱۶	σ_{pe}^2
۰/۵۰±۰/۱۲	۰/۴۲±۰/۱۶	۰/۴۳±۰/۱۶	۰/۴۳±۰/۱۶	۰/۴۳±۰/۱۶	۰/۴۴±۰/۱۶	σ_m^2
۹/۱۷±۰/۱۷	۹/۲۱±۰/۱۷	۹/۱۲±۰/۱۷	۱۱/۷۸±۰/۱۵	۹/۱۲±۰/۱۷	۹/۱۲±۰/۱۷	σ_e^2
۰/۱۰±۰/۰۲	۰/۰۹**	۰/۰۹±۰/۰۷	۰/۰۹±۰/۰۲	۰/۰۹±۰/۰۲	۰/۱۰±۰/۰۳	h_a^{2***}
۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۰۸	۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۰۸±۰/۰۲	pe^2
۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۲	h_m^2
۰/۲۰±۰/۱۵	۰/۲۰±۰/۱۹	۰/۱۹±۰/۱۹	۰/۱۹±۰/۱۹	۰/۱۹±۰/۱۹	۰/۱۸±۰/۱۹	Γ_{am}

*، ** و *** مشابه جدول ۴ است.

جدول ۶- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی حاصل از تجزیه و تحلیل دوصفتی (وزن تولد و شیرگیری) با نرم افزارهای مختلف

Thrgibbsf90	DMU	MATVEC	ASReml	DFREML	DFREML	پارامتر
۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۰	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۴±۰/۰۰	۰/۰۴±۰/۰۰	σ_{a1}^2
۱/۱۱±۰/۱۹	۱/۰۶±۰/۱۸	۱/۱۱±۰/۱۸	۱/۱۱±۰/۱۹	۱/۱۱±۰/۱۸	۱/۱۱±۰/۱۸	σ_{a2}^2
۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۰	۰/۰۶±۰/۰۰	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۰	۰/۰۶±۰/۰۰	σ_{m1}^2
۱/۳۱±۰/۱۹	۱/۲۵±۰/۱۷	۱/۲۴±۰/۱۳	۱/۲۴±۰/۱۷	۱/۲۴±۰/۱۶	۱/۲۴±۰/۱۶	σ_{m2}^2
۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۱±۰/۰۰	۰/۲۲±۰/۰۰	۰/۲۲±۰/۰۰	σ_{e1}^2
۹/۴۰±۰/۱۷	۹/۴۲±۰/۱۷	۹/۳۴±۰/۱۷	۹/۳۵±۰/۱۷	۹/۴۲±۰/۱۷	۹/۴۲±۰/۱۷	σ_{e2}^2
۰/۱۱±۰/۰۲	۰/۱۱*	۰/۱۱±۰/۰۷	۰/۱۱±۰/۰۲	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	h_{a1}^2
۰/۱۰±۰/۰۲	۰/۱۰	۰/۱۰±۰/۰۷	۰/۱۰±۰/۰۲	۰/۰۹±۰/۰۲	۰/۰۹±۰/۰۲	h_{a2}^2
۰/۱۹±۰/۰۲	۰/۱۹	۰/۱۹±۰/۰۲	۰/۱۹±۰/۰۱	۰/۱۸±۰/۰۱	۰/۱۵±۰/۰۱	h_{m1}^2
۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۱۱	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۱±۰/۰۱	h_{m2}^2
۰/۶۹±۰/۰۸	۰/۶۹±۰/۰۷	۰/۶۹±۰/۰۸	۰/۶۹±۰/۰۷	۰/۶۷±۰/۰۷	۰/۶۷±۰/۰۷	$\Gamma_{a1,2}$
۰/۴۱±۰/۱۰	۰/۴۱±۰/۱۰	۰/۴۱±۰/۱۰	۰/۴۲±۰/۱۰	۰/۳۹±۰/۰۹	۰/۳۹±۰/۰۹	$\Gamma_{a,m1,1}$
۰/۲۲±۰/۱۱	۰/۲۴±۰/۱۱	۰/۲۲±۰/۱۱	۰/۲۳±۰/۱۱	۰/۲۲±۰/۱۱	۰/۲۲±۰/۱۱	$\Gamma_{a1,m2}$
۰/۳۳±۰/۱۰	۰/۳۳±۰/۱۰	۰/۳۳±۰/۱۰	۰/۳۳±۰/۱۰	۰/۳۱±۰/۱۰	۰/۳۱±۰/۱۰	$\Gamma_{a2,m1}$
۰/۲۲±۰/۱۳	۰/۲۲±۰/۱۳	۰/۲۲±۰/۱۳	۰/۲۲±۰/۱۳	۰/۲۲±۰/۱۳	۰/۲۲±۰/۱۳	$\Gamma_{a2,m2}$
۰/۵۹±۰/۰۶	۰/۵۹±۰/۰۶	۰/۵۹±۰/۰۶	۰/۵۹±۰/۰۶	۰/۵۹±۰/۰۶	۰/۵۹±۰/۰۶	$\Gamma_{m1,2}$
۰/۲۸±۰/۰۱	۰/۲۸±۰/۰۱	۰/۲۸±۰/۰۱	۰/۲۹±۰/۰۱	۰/۲۹±۰/۰۱	۰/۲۹±۰/۰۱	$\Gamma_{e1,2}$

* مشابه جدول ۴ است.

گردید (جدول ۴ و ۵). نتایج حاصل نشان داد که در این حالت نیز هیچگونه تفاوت معنی داری بین نرم افزارها وجود ندارد.

تجزیه و تحلیل دوصفتی با استفاده از داده‌های واقعی نیز انجام گرفت که نتایج آن در جدول ۶ ارائه شده است. در این حالت نیز همانند حالت تک صفتی هیچگونه تفاوت معنی داری بین نرم افزارها مشاهده نشد، فقط زمان محاسباتی افزایش یافت. به طوری که تجزیه با نرم افزار ThrGibbsf90 حدود ۲۰ ساعت طول کشید. اگرچه طرفداران آمار بیزی (بیزی‌ها) منتقدان جدی میزان فاصله اطمینان در روش‌های فراوانی‌گرا هستند (Blasco, 2001; Gianola & Fernando, 1986)

برخی از تحقیقات گزارش کرده‌اند برتری روش بیزی نسبت به روش‌های فراوانی‌گرا^۱ موقعی به خوبی آشکار می‌گردد که تعداد مشاهدات کم باشد و اطلاعات پیشین واجد آگاهی در ارتباط با پارامترهای مجهول وجود داشته باشد. زیرا هنگامی که تعداد داده زیاد است، روش‌های فراوانی‌گرا نیز به خوبی می‌توانند برآورد پارامتر مجهول را انجام دهند. در این تحقیق تفاوت نرم افزارها هنگامی که تعداد داده‌ها کم باشد نیز مورد مطالعه قرار گرفت و برای این منظور از صفت وزن تولد و شیرگیری که تعداد داده‌های آن کم بود، استفاده

1. Frequentists

برای تجزیه و تحلیل استفاده شود، جواب‌هایی نهایی صحیح نخواهند بود.

این تحقیق شش نرم‌افزار را بر اساس برخی ویژگی‌ها (کاربر پسندی، زمان محاسباتی، زبان برنامه، مخاطبین و مدل‌ها)، روش محاسباتی (بیزی یا فراوانی-گرا)، صحت و دقت برآورد اجزای (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و محیطی با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده و واقعی مقایسه کرده است. امید است که تحقیق دیگری با بررسی میزان صحت، دقت و همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده از نرم‌افزارهای مختلف با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده و واقعی بتواند کاستی‌های این تحقیق را جبران کند.

-
1. Bayesians
 2. Credible set
 3. Credibility Intervals

اما میزان فاصله اطمینان حاصل در این تجزیه برای هر دو روش فراوانی‌گرا (در نرم افزارهای DFREML, ASReml, MATVEC و DMU) و بیزی (90% Gibbs-Thr حدود) مشابه بود.

حتی بیزی‌ها^۱ به جای واژه فاصله اطمینان، واژه مجموعه اعتبار^۲ یا فاصله اعتبار^۳ را به کار می‌برند (Alijani, 2009).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق نشان داد انتخاب نرم‌افزار به سلیقه کاربر و هدف تحقیق بستگی دارد. از آنجا که نتایج نرم افزارها حتی در مقدار خطای استاندارد مشابه بوده است، در هنگام برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی برای صفات پیوسته با استفاده از مدل‌های خطی با نرم افزارهای مختلف جای نگرانی وجود ندارد. پس باید در کشورما توجه اساسی به ثبت دقیق رکوردها شود چرا که اگر رکوردبرداری‌ها صحیح نباشد هر چند که مدل درست تعریف شده باشد و از روش و نرم افزار مناسب

REFERENCES

1. Alijani S. (2009). Candidate gene mapping in farm animals using Bayesian method and molecular markers. *Ph.D. dissertation. Agriculture Faculty, University of Tehran.* (In Farsi).
2. Blasco A. (2001). The Bayesian controversy in animal breeding. *Journal of Animal Science*, 79, 2023-2046.
3. Druet T., Ducrocq V. (2006). Innovations in software packages in quantitative genetics. *In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, 13-18.
4. Gianola D. & Fernando R. L. (1986). Bayesian methods in animal breeding and theory. *Journal of Animal Science*, 63, 217-244
5. Gilmour A.R., Cullis B.R., Welham S.J. & Thompson R. (1999). *ASReml Reference manual*. NSW, Agriculture Biometric No.3 NSW Department of Agriculture, Orange. 210 pp.
6. Harville D. A. & Mee R. W. (1984). A mixed-model procedure for analysed ordered categorical data. *Biometrics*, 40, 393-408
7. Henderson C.R. (1984). *Application of linear models in animal breeding*. Guelph, Ontario, University of Guelph.
8. Janss L. & de Jong G. (1999). MCMC based estimation of variance components in a very large dairy cattle data set. *Interbull Bull*, 20, 62-67.
9. Korsgaard I. R., Lund M., Sorensen D., Gianola D., Madsen P., & Jensen J. (2003). Multivariate Bayesian analysis of Gaussian, right censored Gaussian, ordered categorical and binary traits using Gibbs sampling. *Genetic Selection Evolution*, 35, 159-183
10. Madsen P. & Jensen J. (2007). *A user's guide to DMU*. University of Aarhus, DJF, Research Centre Foulum, Denmark.
11. Meyer K. (1998). *DFREML: Program to estimate variance components by restricted maximum likelihood, using a derivative free algorithm*, user notes. Ver: 3.0. 29 pp.
12. Meyer K. (2007). WOMBAT: a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood: user notes. *Armidale: Animal Genetics and Breeding Unit*. 55 p. Available in <http://agbu.une.edu.au/~kmeyer/wombat.html>
13. Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T. & Lee D. H. (2002). BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of 7th World Congress Genetics Applied Livestock Production*, Montpellier, France Communication, No 28-07
14. Misztal I. (1998). comparison of software packages in animal breeding. *Proceedings of the 6st world*

- congress on genetics applied to livestock production*, 23, 3-10.
15. Saheb Honar M., Moradi Shahrababak M., Miraei Ashteyani S.R. & Sayad Nejad M.B. (2009). The study of some statistical softwares and algorithm using in animal breeding, In: *Proceedings of 3st Animal science Congress*. Faculty of agriculture, University of Mashhad. (In Farsi).
 16. Wang T., Fernando R. L. & Kachman S. D. (2003). Matvec User's Guide Version 1.03. <http://statistics.unl.edu/faculty/steve/software/matvec/main.pdf> Accessed Oct. 15.