

راهنمای فارسی نرم افزار

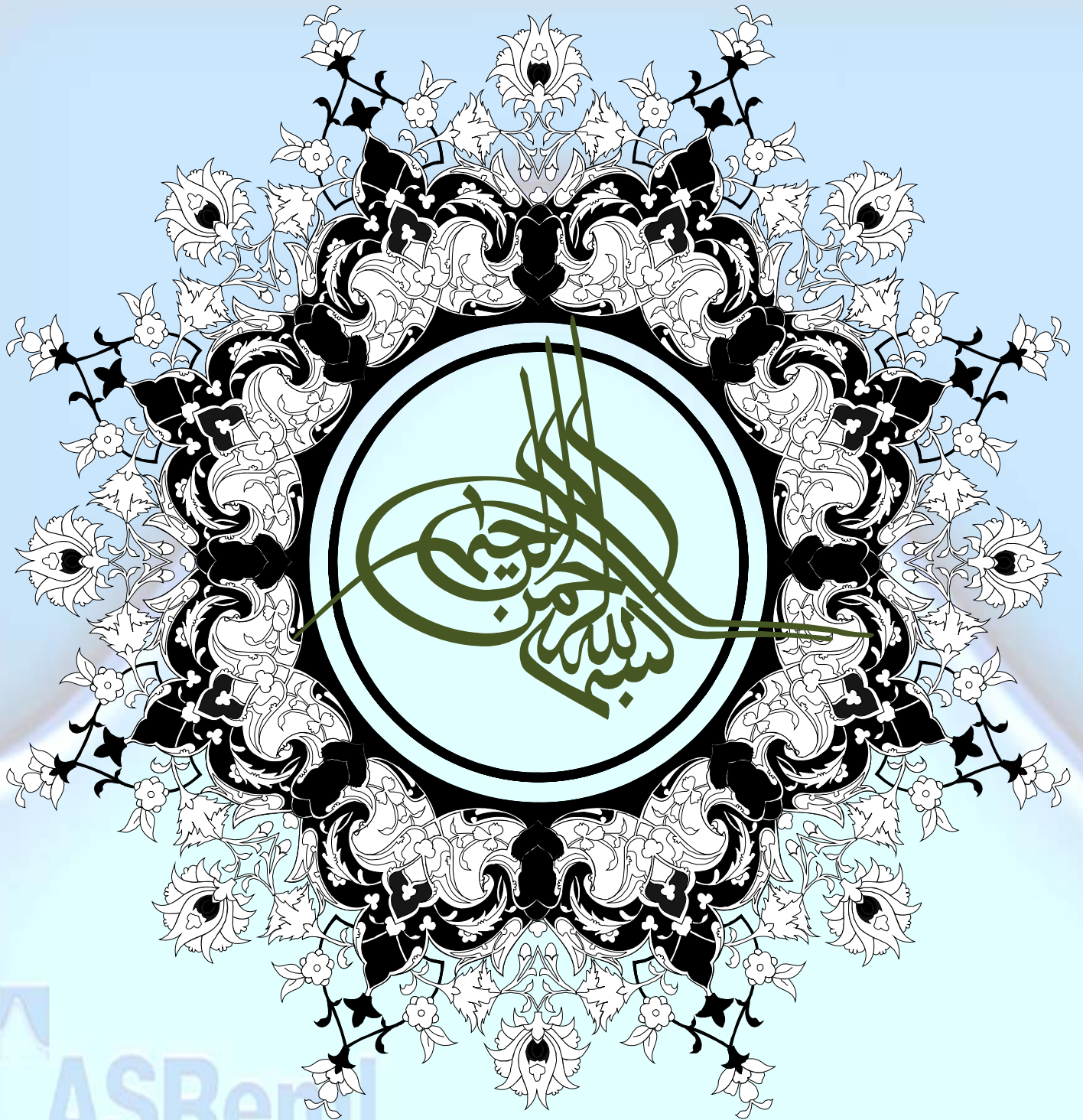
ASReml

تهیه و تدوین : محمد باقر زندی

اسفند ۱۳۸۹



ASReml



ASReml

تقدیر و تشکر:

حمد و سپاس بی کران خداوندی را که یاریم گردانید تا با بهره از گستره بی انتهای لطفش بتوانم در این چند صباح در راه کسب علم و آموزش گام بردارم و حمد و سپاس خداوندی را که بر هر نعمت حق سپاسی برای بندگان مقرر فرموده است.

لذا اینجانب بر خود لازم می دانم از اساتید و دوستانی که در یادگیری این نرم افزار به اینجانب کمک کرده اند تقدیر و تشکر نمایم. از راهنمایی و تشویق جناب آقای دکتر عباس پاکدل در جهت یادگیری نرم افزار ASReml کمال تشکر و سپاسگزاری را درام و همچنین از دوستان گرامی جناب آقای بختیاری زاده و سرکار خانم صفدری بخاطر کمک به یادگیری نرم افزار تشکر می کنم و در نهایت گرچه بار گرانی است زندگی، اما همانی است که همه می ائیم و می رویم. خوشا بحال آنکه دانست و رفت.

در آخر این راهنمای فارسی را تقدیم می کنم به جناب آقای دکتر گیل مور

(Arthur Gilmour)

استاد بخش تحقیقاتی VSNi استرالیا

با توجه به اینکه اولین بار است که کارگاه آموزشی در ارتباط با کاربرد نرم افزارهای ژنتیکی در علوم دامی برگزار می شود. انجمن علوم دامی ایران به همین خاطر در جهت برگزاری هر چه بهتر این کارگاه تلاشهای مضاعفی را داشته که جای تقدیر و تشکر را دارد.

اینجانب فرصت را غنیمت شمردم و در مدت زمان کوتاهی که داشتم سعی کردم راهنمای فارسی نرم افزار ASReml را به صورتیکه تدوین شده، در اختیار شما عزیزان قرارگیرد. امیدوارم که این راهنما بتواند نیاز کاربران محترم نرم افزار ASReml را تامین نماید تا بتوانند هر چه بهتر در زمان کوتاهی اطلاعات داده ای خود را تجزیه و تحلیل نمایند.

این راهنما عاری از نقص نمی باشد و امیدوارم بتوانم آنرا کاملتر نمایم و چنانچه کاربران محترم که هر گونه نقد و تذکری را دارند صمیمانه می پذیرم و باعث دلگرمی اینجانب خواهد شد.

محمد باقر زندی باغچه مریم

m.b.zandi.b.m@gmail.com

ASReml

۱	مقدمه:	۱
۱	معادلات مختلط و روشهای BLUP در برآورد ارزش های اصلاحی	۱
۲	روش REML در برآورد مؤلفه های واریانس	۲
۳	نرم افزار ASReml	۳
۵	محیط کار نرم افزار ASReml:	۵
۵	اجرای برنامه ASReml:	۵
۸	بخش های اصلی فایل دستور:	۸
۱۰	آنالیز یک صفتی:	۱۰
۱۱	برآورد اثرات ژنتیکی افزایشی:	۱۱
۱۱	مشخصات ساختار واریانس-کوواریانس:	۱۱
۱۲	مدل تکرارپذیری	۱۲
۱۳	مدل اثر ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری	۱۳
۱۴	تعریف ساختار ماتریس (کو) واریانس	۱۴
۱۵	مدل اثر ژنتیک افزایشی مستقیم مادری با کوواریانس	۱۵
۱۶	فایل های خروجی نرم افزار ASReml:	۱۶
۱۷	نتایج آنالیز یک صفتی	۱۷
۱۷	آنالیز یک صفتی با داشتن تنها اثر ژنتیک افزایشی در مدل	۱۷
۱۸	نحوه ایجاد pin فایل:	۱۸
۱۸	آنالیز یک صفتی با چندین متغیر	۱۸
۲۰	آنالیز چند صفتی	۲۰
۲۰	اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم	۲۰
۲۰	اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیک افزایشی مادری	۲۰
۲۲	نوشتن مدل آنالیز چند صفتی:	۲۲
۲۲	ساختار (کو) واریانس آنالیز دو صفتی:	۲۲
۲۴	نحوه ایجاد pin فایل آنالیز چند صفتی:	۲۴
۲۵	آنالیز صفات آستانه ای (Threshold Traits):	۲۵
۲۵	تعریف job.as آنالیز صفت آستانه ای	۲۵
۲۶	آنالیز تک صفتی صفات آستانه ای:	۲۶
۲۶	آنالیز صفات آستانه ای همراه با صفات با توزیع نرمال:	۲۶
۲۶	تعریف job.as آنالیز صفت آستانه ای همراه با صفات با توزیع نرمال	۲۶
۲۷	لینکس:	۲۷
۳۰	منابع:	۳۰

مقدمه:

پیشرفت های حاصل در زمینه ژنتیک کمی و بهبود ژنتیکی دام ها تا حد زیادی مدیون توسعه روش های مناسب در برآورد پارامترها و آنالیز آماری صفات کمی است. این روش ها را می توان به دو دسته کلی روش های فراوانی گرا (کلاسیک) و بیزین تقسیم کرد که هر چند ممکن است در بعضی موارد نتایج حاصل از دو روش با هم مشابه باشند، ولی به هر حال، این روش ها از دو دیدگاه فلسفی متفاوت پیروی می کنند که به همین خاطر این روش ها، تحت عنوان دو مکتب کلاسیک و بیزین تقسیم بندی می شوند. روش هایی که بیشتر ما در برآورد ارزش های اصلاحی یا مؤلفه های واریانس با آنها آشنا هستیم عمدتاً از مکتب کلاسیک کمی باشد. به طور بسیار خلاصه در مکتب کلاسیک فرض بر این است که هر صفت تحت تأثیر دو سری عوامل ثابت و تصادفی قرار می گیرند، یکسری داده جمع آوری می شوند و با استفاده از آنها پارامترهای نامعلوم برآورد می شوند.

در چند سال اخیر نرم افزارهای آماری و ژنتیکی بسیاری برای این مقاصد تدوین شده و در اختیار کاربران مربوطه قرار داده شده اما در علوم دامی تعداد نرم افزارهای تخصصی برای مقاصد آماری و برآورد پارامترهای ژنتیکی نیز کم نبوده که می توان از بین آنها به نرم افزارهای آموزشی (GENUP، SIP و Gregor) نرم افزارهای برآورد پارامترهای ژنتیکی و اجزای واریانس-کوواریانس (Quercus، MTDFREML، MIXED procedure، DFREML، WOMBAT، Matvec، DMU، Thrgibbsf90 و ASREML)، نرم افزارهای ژنتیک جمعیت (GENEPOP، BOTTLENECK و GSED) و نرم افزارهای آنالیز لینکاژی و تشخیص و نقشه یابی QTL (POPGENE، DnaSP، MQTL و Multimapper) اشاره کرد (ر. ضمیمه یک).

انتخاب نرم افزار به سلیقه، هدف کاربر و هزینه ای که برای این بخش پرداخت می کند، بستگی تحقیق دارد.

معادلات مختلط و روش های BLUP در برآورد ارزش های ارثی

در دیدگاه کلاسیک هر صفت تحت تأثیر دو سری عوامل قرار می گیرد: ۱- عوامل ثابت که در تمام تکرارها ثابت می باشند ۲- عوامل تصادفی که در طی هر تکرار تغییر می کنند. ارزش های ارثی جزء اثرات تصادفی هستند. استفاده از روش هایی که بتوانند این ارزش را با کمترین واریانس خطا و به صورت نآریب^۱ برآورد کنند از گذشته مورد توجه بود تا اینکه هندرسون^۲ در سال ۱۹۶۳ راه حلی برای آن به صورت

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{pmatrix}$$

زیر ارائه داد:

که y برای مشاهدات، b بردار در برگیرنده اثرات ثابت، u بردار در برگیرنده اثرات تصادفی، X و Z ماتریس ضرایب، R^{-1} معکوس ماتریس واریانس-کوواریانس اثرات باقیمانده و G^{-1} معکوس ماتریس واریانس کوواریانس اثرات تصادفی است. حال اگر $R = I\sigma_e^2$ و $G = I\sigma_a^2$ باشد می توان معادلات بالا را به صورت زیر ساده کرد.

1 - Un biased

2 - Henderson

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I\alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{pmatrix}$$

این معادلات تحت عنوان معادلات مختلط هندرسون معروف هستند که اثرات ثابت و تصادفی را همراه با یکدیگر و بطور همزمان به ترتیب برآورد و پیش بینی می کنند. به عبارتی چنانچه داده ها با استفاده از این معادلات مختلط حل شوند جواب های بدست آمده برای اثرات تصادفی بهترین پیش بینی کننده ناریب خطی (BLUP) و برای اثرات ثابت بهترین برآورد کننده ناریب خطی (BLUE) خواهد شد. با توجه به ویژگی های مطلوب آماری روش BLUP، امروزه در ارزیابی ژنتیکی حیوانات بطور گسترده ای مورد استفاده قرار می گیرد.

به طور کلی در مکتب فراوانیگرا به دنبال روش هایی در برآورد پارامترها هستیم که ناریب باشند. حال اگر برای برآورد یک پارامتر چندین روش ناریب وجود داشته باشد، ارجحیت با روشی است که دارای کمترین واریانس خطای پیش بینی (Best) باشد. در این حالت تعریفی تحت عنوان ریسک مطرح می شود.

$$Risk(\hat{\theta}) = E[\theta - \hat{\theta}]^2 = [\theta - E(\hat{\theta})]^2 + [\hat{\theta} - E(\hat{\theta})]^2 = (Bias)^2 + Var(\hat{\theta})^2$$

بنابراین در این مکتب در واقع باید به دنبال روش هایی در برآورد θ باشیم که دارای حداقل ریسک باشند (۱). به همین خاطر گاهی مواقع ممکن است برآوردگر آریبی را نسبت به برآوردگر ناریب ترجیح دهیم.

- روش REML دربرآورد مؤلفه های واریانس

روش های مختلفی برای برآورد مؤلفه های واریانس وجود دارد که دو مورد از مهمترین آنها ML و REML می باشند که در این قسمت به طور خلاصه آنها را مورد بررسی قرار می دهیم. روش ML در سال ۱۹۶۷ توسط هارتلی^۴ و راتو^۵ معرفی شد. در این روش از تابع Log Likelihood بردار y استفاده می شود و فرض بر این است که y دارای توزیع نرمال چند متغیره می باشد.

$$L(y) = -0.5 \log |V| - 0.5 (y - Xb)' V^{-1} (y - Xb)$$

برای ماکزیم کردن درستی از $L(y)$ نسبت به عوامل ناشناخته مشتق گرفته و مساوی صفر قرار می دهیم به این ترتیب برآورد های ML از مؤلفه های واریانس به صورت زیر می باشد.

$$\hat{\sigma}_i^2 = (\hat{u}_i' \hat{u}_i + tr T_{ii}) / q_i$$

$$\hat{\sigma}_0^2 = (y'y - \hat{b}'X'y - \hat{u}'Z'y) / N$$

این روش آریب می باشد و بخصوص در برآورد واریانس خطا به دلیل در نظر نگرفتن $r(x)$ در مخرج دارای آریب بیشتری می باشد (۳ و ۴).

یکی از مشکلات روش ML این است که در تخمین مؤلفه های واریانس کاهش درجه آزادی ناشی از تخمین اثرات ثابت را در نظر نمی گیرد که این می تواند زمانیکه مدل دارای اثرات ثابت با چندین سطوح باشد نگران کننده باشد (۱). روش REML یا حداکثر درستی محدود شده

3 - Best Linear Unbiased Estimation

4 - Hartly

5 - Rao

در سال ۱۹۷۱ توسط پترسون^۶ و تامپسون^۷ توسعه پیدا کرد که در محاسبه واریانس خطا، کاهش درجه آزادی ناشی از اثرات ثابت در نظر گرفته می شود. در این روش بر خلاف ML از تابع Log Likelihood مربوط به $K'y$ استفاده می شود.

$$L(k'y) = (2\pi)^{-0.5(N-r(X))} |k'Vk|^{-0.5} \exp(-0.5(k'y)'(k'Vk)^{-1}(k'y))$$

سپس از Log تابع درستنمایی $k'y$ نسبت به عوامل ناشناخته موجود در مدل مشتق گرفته و مساوی صفر قرار می دهیم که برآوردهای REML مولفه های واریانس به شکل زیر خواهد بود.

$$\hat{\sigma}_i^2 = (\hat{u}_i' \hat{u}_i + \text{tr} C_{ii} \sigma_0^2) / q_i$$

$$\hat{\sigma}_0^2 = (y'y - \hat{b}'X'y - \hat{u}'Z'y) / N - r(X)$$

روش REML باعث محدود کردن پارامترها در فضای پارامتری قابل قبول می شود به همین خاطر این روش نیز اریب می باشد (۳ و ۴).

نکته قابل توجه این است که روش REML یک روش Iterative است و رسیدن به نقطه همگرایی تضمین شده نیست. به هر حال انتظار می رود که با تعداد زیاد نمونه به همگرایی برسیم و مشکل جایی پیش می آید که تعداد نمونه کم باشد (۳).

- نرم افزار ASReml

نرم افزارهای آماری بسیاری برای استفاده در اصلاح نژاد 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 نژاد، مشکلات محاسباتی نیز افزایش یافته اند.

نرم افزار ASReml که با "آ اس ریمل" تلفظ می شود. یک بسته نرم افزاری است که مدل های مختلط خطی را با استفاده از روش حداکثر درستنمایی حل می کند. این بسته نرم افزاری از سال ۱۹۹۳ با پروژه مشترک بین زیست شناسان بخش صنایع اولیه NSW استرالیا و بخش تحقیقات ریاضیات زیستئو بیوانفورماتیک روتامستد بریتانیا می باشد. نسخه ۱.۱ در سال ۲۰۰۱ تهیه گردید و به طور عمومی در اختیار کاربران قرار گرفت. آماردانان بریتانیایی و استرالیایی در جهت بهبود و گسترش این نرم افزار یک تیم کاری مشترکی را تشکیل دادند. نسخه ۲ ASReml در سال ۲۰۰۶ منتشر شد، نسخه ۳ اول بار در سال ۲۰۰۸ منتشر شد.

مدل های مختلط خطی یک ابزار انعطاف پذیر و کارآمد را برای آنالیز مجموع داده های با حجم زیاد که عموماً در علوم کشاورزی، بیولوژیکی، پزشکی و محیطی وجود دارد را فراهم می کند.

6 - Paterson

7 - Tompson

کاربرد معمول آن در آنالیز داده‌ای (نا)متعادل تکرار شده در طول زمان، آنالیز طرح‌های آزمایشی (نا)متعادل، آنالیز آزمایشات محیطی، آنالیز مدل‌هاییک و چند متغیره در ژنتیک و اصلاح نژاد دام می‌باشد. ASREML از الگوریتم میانگین اطلاعات^۸ (AI) و روش ماتریس اسپارس^۹ برای برآزش مدل‌های مختلط خطی استفاده می‌کند. این را قادر می‌سازد تا داده‌های بزرگ و مجموعه پیچیده داده را به کاملاً کارآمد تجزیه و تحلیل نماید.

یکی از نقاط قوت ASReml دامنه وسیع ساختارهای واریانس برای اثرات تصادفی در مدل مختلط خطی است که در دسترس می‌باشند. اینست که یک پتانسیل مناسب برای وسعتانتخاب وجود دارد. کاربران باید نسبت به خطر برآورد کم یا زیاد و یا تلاش برای متناسب کردن واریانس نامناسب مدل‌ها با داده‌های کم یا زیاد نامتعادل آگاه باشند. در راهنمای کامل نرم افزار ASReml بر اهمیت استفاده از تشخیص‌های حاصل از داده تاکید شده و کاربر را تشویق می‌کند تا فصل مثال‌ها را بخواند که در آن تلاش شده تا نه تنها دستور ASReml را در زمینه تحلیل‌های واقعی اراده کند بلکه سعی شده تا بعضی از روش‌های برآزش و الگوسازی مدل که مفید بوده، ارائه شود.

چندین نسخه مشترک برای ASReml وجود دارند و نام برنامه ASReml مربوط به برنامه اولیه است. ASReml-W مربوط به برنامه گسترش یافته توسط VSN و توزیع شده با ASReml اشاره می‌کند. ASReml-R به سطح مشترک زبان S تا DLL مسیرهای اصلی ASReml اشاره می‌کند. ژن استات Genstat همان هسته اصلی را برای دستورالعمل REML را استفاده می‌کند. هر دوی این‌ها کاربردهای خوب داده و اکاویو تسهیلات گرافیکی خوبی دارند.

به طور خلاصه نرم افزار ASReml در سال ۱۹۹۶ توسط Arthur Gilmour با تجربه کاری حدود ۳۰ سال و بر نامه نویسی و تئوری آن توسط Robin Thompson و Brian Cullis طراحی شده است. همانطور که اشاره شد ۱ سال ۱۹۹۷ تا بحال گسترش یافته و نسخه تجاری این نرم افزار در سال ۲۰۰۲ عرضه گردید. نسخه های ۲ و ۳ آن نیز به ترتیب در سالهای ۲۰۰۷ و ۲۰۰۹ تهیه و تدوین شد.

^۸ Average Information

^۹Spars

محیط کار نرم افزار ASReml:

جهت استفاده و کار با این نرم افزار، کاربر نیازمند به داشتن یک فولدر جهت تسریع و دسترسی به انجام هر گونه آنالیز آماری و ژنتیکی می باشد. این فولدر بایستی حاوی چندین فایل به صورت زیر باشد:

۱- فایل اجرایی نسخه ۱.۱ نرم افزار ASReml.exe که تحت سیستم عامل dos می باشد. در اینجا با توجه به محدودیت های که در اجرای نسخه های آزمایشی ۲ و ۳ وجود دارد و امکان استفاده از تمامی امکانات آنها در صورتی وجود دارد که کاربر رمز فعال آن را در اختیار داشته باشد. امکان تهیه آن در سایت این نرم افزار وجود دارد.

۲- فایل دستور (Job File) که شاید در نرم افزارهای دیگر نیز با عنوان فایل کاری (Command File) با آن آشنا باشید. این فایل با پسوند Job.as می باشد و کاربر با استفاده از ASCII File edito, Notepad, ConText, ASReml-W, vi, emacs فایل دستور را تهیه و یا با داشتن این فایل می توان آنرا تغییر داد.

۳- فایل داده و یا فایل اطلاعات

۴- چنانچه هدف استفاده از اطلاعات شجره در برآوردها باشد کاربر بایستی فایل شجره آماده شده توسط نرم افزار های رایج را نیز در این پوشه در اختیار داشته باشد.

۵- یک فایل مخصوص استخراج پارامترهای نهایی از فایل های ایجاد شده بعد از اجرای نرم افزار بوده، به صورتی که کاربر خودش می تواند آنرا به هر صورتی تعریف نماید. این فایل به نام Job.pin یا پین فایل می باشد.

اجرای برنامه ASReml:

چنانچه اسم فایل دستور job.as باشد و بخواهیم نسخه تحت dos را برای انجام آنالیز در اختیار داشته باشیم بهتر است به صورت زیر عمل کنیم: Command prompt را باز می کنیم مسیر پوشه ای که فایل مورد نظر در آنجا وجود دارد، را وارد می کنیم. به عنوان مثال در درایو d پوشه workshop مورد نظر باشد.

```
Microsoft Windows [Version 6.1.7600]
Copyright (c) 2009 Microsoft Corporation. All rights reserved.

C:\Users\zandi>d:
D:\>
```

```
Microsoft Windows [Version 6.1.7600]
Copyright (c) 2009 Microsoft Corporation. All rights reserved.

C:\Users\zandi>d:
D:\>cd workshop
D:\workshop>
```

job.as - WordPad

Clipboard: Paste, Cut, Copy

Font: Courier New, 11

Paragraph: [Formatting icons]

Insert: Picture, Paint drawing, Date and time, Insert object

Editing: Find, Replace, Select all

```
data workshop
  animal !P sire 9 dam line 3
  DamAge ADG Age WT
  harvey.dat # Pedigree
  harvey.dat # Data
  ADG ~ mu line Age !r animal
```

```
Microsoft Windows [Version 6.1.7600]
Copyright (c) 2009 Microsoft Corporation. All rights reserved.

C:\Users\zandi>d:
D:\>cd workshop
D:\workshop>asren1 -s8 job.as_
```

```

C:\Users\zandi>d:
D:\>cd workshop
D:\workshop>asreml -s8 job.as
No license file C:\ASREML\LICENSE.DAT or C:\FLEXLM\LICENSE.DAT
Use Environment variable ASR_LICENSE_FILE if license is elsewhere
Unable to ALLOCATE 2048.00000 Mbyte
08 Mar 2011 22:52:10.8871638.40 Mbyte MSWIN job
a-inverse retrieved from ainverse.bin
PEDIGREE [harvey.dat ] has      74 identities,      139 Non zero elements
Univariate analysis of ADG
Forming 79 equations: 5 dense
 1 -188.88 118.      61
>>>> >>>> >>>> >>>> Iteration complete 22:52:11.08
LogL=-188.882      S2= 117.62      61 df
 2 -188.39 103.      61
>>>> >>>> >>>> >>>> Iteration complete 22:52:11.08
LogL=-188.387      S2= 102.80      61 df
 3 -187.94 81.8      61
LogL=-187.938      S2= 81.845      61 df
 4 -187.68 56.2      61
LogL=-187.676      S2= 56.201      61 df
 5 -187.62 40.3      61
LogL=-187.619      S2= 40.260      61 df
 6 -187.61 32.6      61
LogL=-187.610      S2= 32.570      61 df
 7 -187.61 30.4      61
LogL=-187.610      S2= 30.425      61 df
C:\ASREML\ASREML.HLP

animal          74      74      3.58363      109.031      1.12      0 P
 4 line          2          6.87
 7 Age           1          11.83
* ASREML 2001 *****
* Jan Scale of spline and pol design matrices has changed.*
* This will change the components but not the fit.*
* Feb predict syntax has changed.*
***** ARG *****
Finished: 08 Mar 2011 22:52:13.713 LogL Converged

Finished:          job
ASREML DONE

D:\workshop>_

```



نرم افزار ASReml خصوصياتي دارد که مي تواند به کاربر کمک نمايد تا فايل داده(فايل اطلاعات) کمتر نياز به ويرايش داشته باشد و از اين لحاظ کاربر زمان کم تري را به ويرايش اطلاعات اختصاص دهد.

جهت تهيه فايل داده مي توان از نرم افزارهاي مانند ASCII, Foxpro, Excel استفاده کرد و انتخاب آنها بستگي به تخصص کاربر دارد. اما تنها چيزي که باستي به آن توجه کرد فرمت فايل هاي خروجي هريک از اين نرم افزارهاست که نرم افزار ASReml بتواند آنرا پشتيباني کند. فرمت هاي که اين نرم افزار مي تواند آنرا پشتيباني نمايد عبارتند از txt, csv, asd, sdf, prn, dat و مي باشند.

بخش های اصلي فايل دستور:

فايل کار يا دستور سه بخش اصلي دارد:

- ۱- مشخصات داده هاي ورودی و در صورت نياز تبديل داده.
- ۲- مشخصات و تعريف مدل
- ۳- مشخصات ساختار واريانس-کواريانس.

در اين بخش به صورت خلاصه به بررسي تعريف و تهيه فايل دستور براي بخش ژنتيک و اصلاح نژاد دام مي پردازيم. لازم به ذکر است که نرم افزار ASReml تنها مختص به اين زمينه نيست و دامنه وسيعي از کاربران از جمله زراعت، جنگل، و ديگر علوم زيستي را در بر مي گيرد و بنا به نياز کاربر اين نرم افزار مي تواند براي آناليز هاي آماري و ژنتيکي استفاده شود و با توجه به نوع هدف تعريف فايل دستور در قالب سه بخش اصلي ۱، ۲ و ۳ مذکور مي تواند متفاوت باشد.



نمونه فایل دستور:

```
Title      #<===== عنوان
var      # <===== مشخصات داده های ورودی و در صورت نیاز تبدیل داده.
.
.

data.txt# <===== معرفی فایل
.
.
y ~ <fixed dense> !r <random sparse> #<====Univariate مدل تعریف
s d g#<===== مشخصات ساختار واریانس
<random >1
<n l M <initial values
```

مثال ۱:

```
Markhoz Goat Breed #<=====عنوان آنالیز
ls!I# <=====اثر کلاس
sex!I# <=====اثر کلاس
animal!P # <=====اثر تصادفی
cw !I# <=====اثر کلاس
yb!I# <=====اثر کلاس
sb !I# <=====اثر کلاس
dw# <=====اثر کواریت
bw !m-99# <=====اثر متغیر وابسته
ped.txt# <===== معرفی فایل شجره
w0.txt# <===== معرفی فایل داده
bw ~ mu ls sex yb !r animal #<===== تعریف مدل
0 0 1#<===== مشخصات ساختار واریانس
animal1
0 0 AINV1
```

آنالیز یک صفتی:

فایل اطلاعات داده:

Ls	sex	animal	cw	yb	sb	dw	bw
1	2	1297	0	77	12	4	3
2	2	1436	0	73	12	8	2.8
2	1	1437	0	73	12	10	2.5
2	2	1439	0	73	12	11	2.9
2	2	1440	0	73	12	11	2.9
2	1	1442	0	73	12	12	2.5
2	2	1443	0	73	12	12	2.4
2	2	1444	0	73	12	12	2.4

و یا :

animal	Ls	sex	cw	yb	sb	dw	bw
1297	1	2	0	77	12	4	3
1436	2	2	0	73	12	8	2.8
1437	2	1	0	73	12	10	2.5
1439	2	2	0	73	12	11	2.9
1440	2	2	0	73	12	11	2.9
1442	2	1	0	73	12	12	2.5
1443	2	2	0	73	12	12	2.4
1444	2	2	0	73	12	12	2.4

فایل شجره:

Animal	Sire	Dam
876	689	508
877	689	529
878	689	154
879	689	154
880	469	157
881	469	184
882	543	191
883	543	191

ASReml

برآورد اثرات ژنتیکی افزایشی:

مشخصات ساختار واریانس- کوواریانس:

مثال ۱ اثر ژنتیک افزایشی مستقیم:

```

Markhoz Goat Breed #<=====عنوان آنالیز
animal !P # <=====اثر تصادفی
ls !I# <=====اثر کلاس
sex !I# <=====اثر کلاس
cw !I# <=====اثر کلاس
yb !I# <=====اثر کلاس
sb !I# <=====اثر کلاس
dw# <=====اثر کوواریت
bw !m-99# <=====اثر متغیر وابسته
ped.txt# <===== معرفي فایل شجره
w0.txt# <===== معرفي فایل داده
bw ~ mu ls sex yb !r animal #<===== تعريف مدل
0 0 1#<===== مشخصات ساختار واریانس
animal1
0 0 AINV1
    
```

مشخصات ساختار واریانس $s d g \# <=====$

<random > 1

<n l M <initial values

0 0 1 or s d g

• s تعداد ساختار ناهمگن عوامل خطا (معمولا یک)

در این مثال عدد صفر یعنی خطا دارای توزیع نرمال با مینگین صفر و واریانس $I\sigma^2$

• d تعداد اثرات اصلی (معمولا عدد ۱ و ۲)

• g تعداد اثرات تصادفی

n l M <initial values>

n=0

- l=0

- M=AINV (AINV مطالعه) در این مطالعه ساختار کوواریانس (کو) واریانس آن آگاهی داشته باشیم

همانطور که در مثالهای بالا مشاهده می شود جهت تعریف هر نوع مدلی باید فایل دستور را برای هدف مورد نظر تعریف کنیم. در مثال یک تنها اثر تصادفی همراه با اثرات ثابت در مدل، اثر ژنتیک افزایشی بوده و چنانچه تا حدودی از ساختار (کو) واریانس آن آگاهی داشته باشیم جهت تسریع در زمان نقطه همگرایی لازم است انرا به عنوان پرایور به نرم افزار بدهیم و در غیر اینصورت نیازی به تعریف پرایور نیست و نرم افزار ASReml توانایی انجام هر نوع آنالیزی بدون پرایور را دارد.

مدل تکرار پذیری:

مثال ۲ اثر تکرار پذیری:

```
Markhoz Goat Breed #<===== عنوان آنالیز  
animal!P  
sire !P  
dam !P  
ls !I  
. . .  
dw  
bw !m-99  
ped.txt !make #!skip 1  
w0.txt !continue !maxit20 # !skip 1  
bw ~ mu ls sex yb !r animal ide(animal)
```

ASReml

مثال ۳ اثر ژنتیکافزایشی مادری بدون کوواریانس:

```
Markhoz Goat Breed #<=====آنالیز عنوان
animal !P
sire !P
dam !P
ls !I
.
.
.
bw !m-99
ped.txt !make #!skip 1
w0.txt !continue !maxit20 # !skip 1
bw ~ mu ls sex yb !r animal dam
```

مثال ۴ اثر محیط دائمی مادر:

```
Markhoz Goat Breed #<=====آنالیز عنوان
animal !P
sire !P
dam !P
ls !I
.
.
.
dw
bw !m-99
ped.txt !make #!skip 1
w0.txt !continue !maxit20 # !skip 1
bw ~ mu ls sex yb !r animal ide(dam )
```

تعريف ساختار ماتريس (كو) واريانس:

در مثال شماره ۳ اثر ژنتيك افزايشي مادريبه مدل افزوده شده چنانچه يك اثر تصادفي ديگري بخواهيم به مدل اضافه كنيم نياز به آزمون LRT مي باشد. اين مدل فرض شده كه كواريانس بين اثر ژنتيك افزايشيمستقيم و مادري وجود ندارد. در مثال شماره ۵ اين كواريانس اضافه شده و در مثال شماره ۴ اثر محيط مشترك مادري را همرا با اثر ژنتيك افزايشيمستقيم در مدل وارد كرديم.

با توجه به اينكه چنانچه بخواهيم در يك اناليز يك صفتي اثرات تصادفي را براي مدل تعريف كنيم نياز به رعايت چندين نکته مي باشد.

۱- گذاشتن اثرات مورد نظر در داخل گروه به صورت `! animal dam ! r`

مشخصات ساختار واريانس `===== # 0 0 1`

==۱<= يك اثر تصادفي داريم و ساختار (كو) واريانس ژنتيك افزايشي را براي اين اثرات تصادفي مستقيم و مادري تعريف مي كنيم

```
animal 2
2 0 US !GP
.1 -.01 .1
animal 0 AINV
```

US(unstructure)

GP! ساختار واريانس كواريانس بايد مثبت قطعي باشد.

```
.1 -.01 .1
σa2 σad σd2
```

ماتريس مثلثي پائين ساختار (كو) واريانس ژنتيك افزايشي را براي اين اثرات تصادفي مستقيم و مادري

مدل اثر ژنتیک افزایشی مستقیم مادری با کوواریانس:

مثال ۵ اثر ژنتیکافزایشی مستقیم مادری با کوواریانس:

```
Markhoz Goat Breed #<=====عنوان آنالیز
animal !P
sire !P
dam !P
ls !I.
.
.
.
dw
bw !m-99
ped.txt !make #!skip 1
w0.txt !continue !maxit20 # !skip 1
bw ~ mu ls sex yb !r !{ animal dam !}
0 0 1
animal 2
2 0 US !GP
.1 -.01 .1
animal 0 AINV
```

مثال ۶ اثر ژنتیکافزایشی مادری با کوواریانس همراه با اثر محیط دائمی مادر:

```
Markhoz Goat Breed #<=====عنوان آنالیز
animal !P
sire !P
dam !P
ls !I
sex !I
cw !I
yb !I
sb !I
dw
bw !m-99
ped.txt !make #!skip 1
w0.txt !continue !maxit20 # !skip 1
bw ~ mu ls sex yb !r !{ animal dam !} !ide(dam)
0 0 1
animal 2
2 0 US !GP
.1 -.01 .1
```

فایل های خروجی نرم افزار ASReml :

نرم افزار ASReml دارای چندین فایل خروجی با فرمت‌های مختلف می باشد.
Job.asr بیشترین اطلاعات در مورد آنالیز در این فایل خلاصه شده است.

Job.pvc

Job.sln

Job.vvp

Job.res

کاربر می تواند با مراجعه به این فایل با خلاصه اطلاعات آماری داده ها، مقادیر لگاریتم حداکثر درستی‌هایی‌های تکرار های مختلف در زمان رسیدن به نقطه همگرایی، جدول آنالیز واریانس، و مقادیر (کو)واریانس برآوردهای حاصل از آنالیز می باشد.

همانطور که در کادر پائین مشاهده می شود کاربر می تواند در داخل این فایل جهت دستیابی به مقادیر (کو)واریانس اثرات افزایشی و غیر افزایشی در مدل به قسمت Source فایل مذکور مراجعه و پارامترهای مورد نظر را بیابد. همچنین این اطلاعات در فایل Job.vvp وجود دارد.

ارزش های اصلاحی در فایلی با پسوند sln هست:

ستون اول اسم اثرات ثابت تصادفی

ستون دوم شماره حیوان اثرات تصادفی

ستون سوم ارزش اصلاحی

ستون چهارم اشتباه معیار

--



ASReml

نتایج آنالیز یک صفته:

آنالیز یک صفته با داشتن تنها اثر ژنتیک افزایشی در مدل:

نتایج مثال ۱:

LogL= 528.421	S2= 0.87861E-01	1364 df	1.000	1.000
LogL= 530.132	S2= 0.95126E-01	1364 df	1.000	0.8189
LogL= 532.142	S2= 0.10770	1364 df	1.000	0.5695
LogL= 532.801	S2= 0.11641	1364 df	1.000	0.4328
LogL= 532.889	S2= 0.12040	1364 df	1.000	0.3780
LogL= 532.891	S2= 0.12084	1364 df	1.000	0.3721
Final parameter values			1.0000	0.37118

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
Variance	1379	1364	1.00000	0.120841	11.31	0 P
animal	Ainverse	4898	0.371183	0.448542E-01	3.82	0 U

نتایج مثال ۵:

LogL= 532.125	S2= 0.13775	1364 df
LogL= 532.477	S2= 0.13524	1364 df
LogL= 532.969	S2= 0.13057	1364 df
LogL= 533.299	S2= 0.12545	1364 df
LogL= 533.430	S2= 0.12100	1364 df
LogL= 533.445	S2= 0.11947	1364 df
LogL= 533.446	S2= 0.11906	1364 df

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
Variance	1379	1364	1.00000	0.119056	8.71	0 P
animal	UnStruct	1	0.343920	0.409457E-01	2.22	0 P
animal	UnStruct	1	-0.506975E-01	-0.603584E-02	-0.52	0 P
animal	UnStruct	2	0.100263	0.119369E-01	1.09	0 P

Covariance/Variance/Correlation Matrix UnStructured
 0.4095E-01 -0.2730
 -0.6036E-02 0.1194E-01

نتایج مثال ۶:

LogL= 531.781	S2= 0.12783	1364 df
LogL= 532.486	S2= 0.12676	1364 df
LogL= 533.443	S2= 0.12453	1364 df
LogL= 534.029	S2= 0.12156	1364 df
LogL= 534.222	S2= 0.11886	1364 df
LogL= 534.236	S2= 0.11810	1364 df
LogL= 534.237	S2= 0.11795	1364 df
LogL= 534.237	S2= 0.11792	1364 df

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
animal	4898	4898	0.314570	0.370926E-01	3.09	0 P
dam	4898	4898	0.212805E-08	0.250930E-09	0.00	0 B
ide (dam)	4898	4898	0.883348E-01	0.104160E-01	1.66	0 P
Variance	1379	1364	1.00000	0.117915	11.10	0 P

نتایج مثال ۱: آنالیز یک صفت با داشتن تنها اثر ژنتیک افزایشی در مدل:
فایل asr این آنالیز به صورت زیر است:

Source	Model terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C	
	Variance	1379	1364	1.00000	0.120841	11.31 0 P
animal	Ainverse	4898	0.371183	0.448542E-01	3.82	0 U

اولی variance باقی مانده هست مقدار واریانس هم عدد زیر Component هست
دومی مربوط به حیوان (واریانس افزایشی)
برای محاسبه وراثت پذیری Variance (+ animal) / $h^2 = \text{animal}$

نحوه ایجاد کرده pin فایل:

که یک فایل با فرمت Job.pin درست می کنیم برای نوشتن فایل PIN به صورت زیر است
چون یک صفت داریم وراثت پذیری را حساب کنیم، برای این کار باید واریانس فنوتیپی کل را بدست آوریم
سپس واریانس ژنتیکی را بر واریانس فنوتیپی تقسیم کنیم
مرحله اول: بدست آوردن واریانس فنوتیپی
برای جمع، تفریق و ضرب (هر نوع ترکیب خطی) در فایل PIN باید در اول خط علامت F را بنویسیم بعد
فاصله می گذاریم و سپس اسم پارامتر را می دهیم (اختیاری) بعد دستور را می نویسیم که به صورت زیر می باشد.
برای بدست آوردن واریانس فنوتیپی کل باید خط ۱ و ۲ را جمع کنیم پس مرحله اول به صورت زیر است
قرمز خط ۱ و آبی خط ۲ هست
F Phenvar 1+2

این دستور خط ۱ و ۲ را جمع می کند واریانس فنوتیپی را بدست می آورد و در یک خط جدید در آخر خط ۲ که
آخرین خط در واریانسها هست ایجاد میکند. چون خط آبی که آخرین خط هست و شماره آن ۲ هست. پس خط
جدید ایجاد شده برای واریانس فنوتیپی خط ۳ می باشد. از این به بعد برنامه خط ۳ را واریانس فنوتیپی می
شناسد.

در مرحله بعد جهت بدست آوردن وراثت پذیری همراه با میزان خطای استاندارد، واریانس ژنتیکی را بر
واریانس فنوتیپی تقسیم می کنیم. برای تقسیم باید اول خط علامت H را می نویسیم سپس یک فاصله می دهیم سپس
یک اسم می دهیم بعد دستور را می نویسیم که در ادامه گفته خواهد شد.

باید واریانس ژنتیکی را بر واریانس فنوتیپی تقسیم کنیم
واریانس ژنتیکی خط قرمز (۱) هست و واریانس فنوتیپی خط ۳ هست. این دو را باید بر هم تقسیم کنیم. به
صورت زیر عمل می کنیم. چون می خواهیم تقسیم کنیم باید از علامت H استفاده کنیم.

H Heritability 1 3

این دستور باعث می شود خط ۱ بر خط ۳ تقسیم بشود و وراثت پذیری را بدست می آورد. وراثت پذیری در خط
جدید بنام خط ۴ ذخیره می شود.
پس کل فایل PIN به صورت زیر می باشد

F Phenvar 1+2

H Heritability 1 3

آنالیز یک صفت با چندین متغیر:

نتایج مثال ۵: آنالیز یک صفت با داشتن اثر ژنتیک افزایشی، مادری و کواریانس موجود بین آنها در مدل:

Source	Model terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C	
	Variance	1379	1364	1.00000	0.119056	8.71 0 P
animal	UnStruct	1	0.343920	0.409457E-01	2.22	0 P

animal
animal

UnStruct 1 -0.506975E-01 -0.603584E-02 -0.52 0 P
UnStruct 2 0.100263 0.119369E-01 1.09 0 P

به ترتیبی که در مدل می نویسیم خروجی واریانس ها را داده شده:
اولی **variance** باقی مانده هست مقدار واریانس هم عدد زیر **Component** هست
دومی مربوط به حیوان (واریانس افزایشی)
سومی مربوط به کواریانس افزایش حیوان و مادر
چهارمی مربوط به اثر مادری (واریانس اثرات مادری)
برای محاسبه وراثت پذیری A ($A + \text{Variance} + A$)
برای همبستگی و .. هم مطابق فرمول مربوطه عمل می کنیم



ASReml

آنالیز چند صفتہ:

آنالیز چند صفتہ:

داشتن یک اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم

```
Markhoz Goat Breed #<=====آنالیز عنوان
animal !P sire 9 dam line 3
  DamAge ADG Age WT
ped.dat    # Pedigree
data.dat !MAXIT20 # data
ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age!r Tr.animal
121
  0    # records
  Trait 0 US
3*0
  Tr.animal 2
Tr 0 US -.2 27 98
animal 0 ID # AINV
```

آنالیز چند صفتہ:

داشتن اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیک افزایشی مادری:

```
Markhoz Goat Breed #<=====آنالیز عنوان
animal !P sire 9 dam line 3
  DamAge ADG Age WT
ped.dat    # Pedigree
data.dat !MAXIT20 # data
ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age!r Tr.ANIMAL Tr.DAM
122
0 0 I
Trait 0 US 314.1 -4.540 15170 !GP
Tr.ANIMAL
Trait 0 US 9.377 32.11 2781 !GP
ANIMAL 0 AINV
Tr.DAM 2
Trait 0 US 1 1 1 !GP
DAM 0 AINV
```


داشتن اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیک افزایشی مادری:

```
Markhoz Goat Breed #<=====آنالیز عنوان
animal !P sire 9 dam line 3
  DamAge ADG Age WT
ped.dat    # Pedigree
data.dat  !MAXIT20 # data
ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age!r  Tr.ANIMAL Tr.DAM
12 \
0 0 I
Trait 0 US  !GP
3*0
Tr.ANIMAL
4 0 US  !GP
1
.5 1
.02 .01 1
.01 .02 .5 1
ANIMAL 0 AINV
```

آنالیز چند صفتی:

داشتن اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و ژنتیک افزایشی مادری:

```
ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age!r  ![ Trait.ANIMAL Trait.Dam !]
12 1
0 0 I
Trait 0 US  !GP
3*0
Tr.ANIMAL
4 0 US  !GP
1
.5 1
.02 .01 1
.01 .02 .5 1
```

در آنالیز چند صفتی معرفی کردن فایل داده و شجره به همان صورت آنالیز تک صفتی می باشد.

نوع فایل . اسم فایل
اول فایل شجره بعد فایل داده
در مثال بالا ped.dat فایل شجره
Data.dat فایل داده

نوشتن مدل آنالیز چند صفتی:

ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age !r Tr.animal

نحوه نوشتن بدین صورت هست که اسم صفت اول بعد اسم صفت دوم علامت ~ را می گذاریم چون دو صفت هست بعد از ~ می نویسم Trait بعد اثرات ثابت را معرفی می کنیم اگر یک اثر ثابت بر هر دو صفت ما تاثیر بگذارد با این شکل معرفی می کنیم Tr.line اگر اثرات ثابت (Age) فقط بر یک صفت تاثیر بگذارد به عنوان مثال بر صفت دوم (WT) تاثیر بگذارد با این شکل می نویسیم at(Tr,2).Age می نویسیم یعنی اثر ثابت Age فقط بر صفت دوم تاثیر دارد. بعد از معرفی اثرات ثابت، اثرات تصادفی را معرفی می کنیم. ابتدا علامت !r را می نویسیم بعد اثرات تصادفی را معرفی می کنیم به عنوان مثال در مدل حیوانی animal را به عنوان اثر تصادفی می نویسیم . در این مثال چون آنالیز دو صفتی می باشد بایستی به صورت !r Tr.animal تعریف شود.

ساختار (کو) واریانس آنالیز دو صفتی:

```
121
0 # records
Trait 0 US
3*0
Tr.animal 2
Tr 0 US -.2 27 98
animal 0 ID # AINV
```

2 1 اکثر مواقع ثابتند

۱ تعداد اثرات تصادفی در مدل را نشان می دهد

اگر تعداد رکورد را داشته باشیم می توانیم تعداد آنرا بنویسیم در غیر اینصورت با گذاشتن عدد ۰ نرم افزار برای آن رکورد ها اثرات را برآورد می کند.

Trait 0 US !GP این بخش معرفی واریانس باقی مانده به عنوان پرایور $3*0$ چون دو صفت داریم $2*(2+1)/2$ که برابر ۳ هست . ۰ هم یعنی اینکه پرایور باقی مانده را صفر بگیر
Tr.A 2 چون اثر تصادفی ما حیوان (animal) هست آخر خط به صورت **Tr.animal 2** می نویسم

Trait 0 US !GP این بخش معرفی پرایور برای واریانس کواریانس افزایشی می باشد توضیح مشابه بالا هست $3*0$

animal 0 ID # AINV چون اثر تصادفی حیوان هست و ما به شکل **animal معرفیمی کنیم** در آخر خط به صورت **animal 0 AINV** و یا **animal 0 ID** می نویسم، تفاوت این دو در حالتی است که از **AINV** استفاده شود برآورد ارزش های اصلاحی برای تمام حیوانات موجود در شجره صورت می گیرد و اگر از **ID** استفاده شود تنها برای حیوانات موجود در فایل داده ارزش های اصلاحی برآورد می شود.
 نتایج آنالیز دو صفته :
 مثال آنالیز دو صفته با یک اثر ژنتیک افزایشی:

ADG WT ~ Trait Tr.line at(Tr,2).Age !r Tr.animal

خروجی فایل ASR به صورت زیر است:

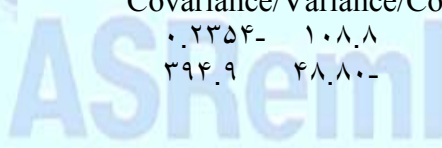
Source	Model terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
Residual	UnStruct	1 50.7690	50.7690	0.59 0 U	(خط ۱)
Residual	UnStruct	1 -61.4314	-61.4314	-0.46 0 U	(خط ۲)
Residual	UnStruct	2 362.851	362.851	0.96 0 U	(خط ۳)
Tr.animal	UnStruct	1 108.802	108.802	1.02 0 U	(خط ۴)
Tr.animal	UnStruct	1 -48.7956	-48.7956	-0.31 0 U	(خط ۵)
Tr.animal	UnStruct	2 394.870	394.870	0.88 0 U	(خط ۶)

Covariance/Variance/Correlation Matrix UnStructured

۰.۴۵۲۶- ۵۰.۷۷
 ۳۶۲.۹ ۶۱.۴۳-

Covariance/Variance/Correlation Matrix UnStructured

۰.۲۳۵۴- ۱۰۸.۸
 ۳۹۴.۹ ۴۸.۸۰-



نحوه ایجاد کردن pin فایل آنالیز چند صفتی:

تعداد ۶ خط خروجی فایل job.asr می باشد.
خط اول واریانس باقی مانده صفت ۱
خط ۲ کواریانس باقی مانده دو صفت
خط سوم واریانس باقی مانده صفت
خط ۴ واریانس ژنتیک افزایش صفت اول)
خط ۵ کواریانس ژنتیکی افزایشی بین دو صفت
خط ۶ واریانس ژنتیک افزایشی صفت دوم

هدف بدست آوردن وراثت پذیری دو صفت و همبستگی ژنتیک و فنوتیپی بین دو صفت
خط ۷ : واریانس فنوتیپی صفت اول = خط ۱ + خط ۴
خط ۸ : کواریانس فنوتیپی بین دو صفت = خط ۲ + خط ۵
خط ۹ : واریانس فنوتیپی صفت دوم = خط ۳ + خط ۶
وراثت پذیری صفت اول = خط ۴ تقسیم بر خط ۷
وراثت پذیری صفت دوم = خط ۶ تقسیم بر خط ۹
همبستگی فنوتیپی بین دو صفت = خط ۸ تقسیم بر (جنر خط ۷) * (جنر خط ۹)
همبستگی ژنتیکی بین دو صفت = خط ۵ تقسیم بر (جنر خط ۴) * (جنر خط ۶)
این دستورات را به صورت زیر می نویسیم

F Phen 1:3 + 4:6

H Herit 4 7

H Herit 6 9

R PhenCorr 7:9

R GenCorr 4:6

خط سبز سه خط ایجاد می کند (خط ۱۰ ، خط ۱۱ و خط ۱۲) که می توانیم به صورت جداگانه هم نوشت ولی به صورت بالا که نوشتیم خط ۱ + خط ۴ ، خط ۲ + خط ۵ ، خط ۳ + خط ۶ را به ما می دهد.

خط قرمز خط ۴ را بر خط ۷ تقسیم می کند

خط قهوه ای خط ۶ را بر خط ۹ تقسیم می کند

خط آبی خط بین ۷ و ۹ (خط ۸) را بر جنر (خط ۹) * جنر (خط ۷) تقسیم می کند در اینجا باید از علامت R استفاده کنیم

خط آبی خط بین ۴ و ۶ (خط ۵) را بر جنر (خط ۴) * جنر (خط ۶) تقسیم می کند در اینجا باید از علامت R استفاده کنیم.

تعریف job.pin آنالیز چند صفتی:

F VarPhenotypic 1:3+4:6+7:9

F varE 1:3

F VarG 4:6

F varm 7:9

H H21 4 10

H H22 6 12

H d21 7 10

H d22 9 12

R e 1 2 3

R g 4 5 6

R d 7 8 9

R p 10 11 12

آنالیز صفات آستانه ای (Threshold Traits):

صفات آستانه ای صفاتی هستند که از لحاظ فنوتیپی به صورت گسسته می باشند ولی از لحاظ عوامل به وجود آورنده آنها یا پشت صحنه صورت پیوسته هستند. از جمله این صفات می توان قابلیت باروری را نام برد که به صورت موفقیت یا عدم موفقیت در آبستنی اندازه گیری می شود، نرخ عدم برگشت به فعلی و نمونه دیگری از این صفات سخت زایی است که به صورت کلاس های مختلفی دسته بندی می شود.

یکی از مشکلات مطرح در این صفات چگونگی به کارگیری مدل های ژنتیکی صفات کمی برای صفات آستانه ای است. به عبارت دیگر زمانی که فنوتیپ تنها می تواند دو یا چند مقدار را به خود بگیرد، چگونه می تواند برابر باشد. پاسخ این است که صفات آستانه ای را می توان از لحاظ عوامل به وجود آورنده آنها به صورت پیوسته در نظر گرفت که به این معیار، معیار شایستگی می گویند و به این ترتیب شایستگی حیوانات را برای صفات آستانه ای می توان به صورت مجموع ارزش های ژنتیکی (با توزیع پیوسته) و اثرات محیطی (به صورت پیوسته) در نظر گرفت. در این حالت نقطه آستانه (Threshold point) نقطه ای روی معیار قابلیت است که افراد بالاتر از آن دارای یک نوع فنوتیپ و افراد پایین تر دارای فنوتیپ دیگر می باشند. با شرایط ایجاد شده توسط معیار شایستگی پیوسته، می توان مدل ژنتیکی صفات کمی را برای صفات آستانه ای نیز به کار برد.

تعریف j ob.as آنالیز صفت آستانه ای:

```
Linear Threshold Example
animal !p
Sire !p
dam !p
hys
mfi !I
ss
parity !I
nrr
od
ped.txt #!MAKE
data.txt !MAXIT 100 !DOPART $1
!PART 1
nrr !bin ~ mu parity !r animal
```

آنالیز تک صفتی صفات استانه ای:

در این مثال صفت مورد نظر صفت نرخ عدم برگشت به فعلی بوده و نحوه رکورد برداری این صفت به صورت اعداد صفر و یک میباشد. همانطور که در مدل ملاحظه می شود در این مدل همانند مثالهای قبلی نحوه تعریف مشخصات اطلاعات داده ای و صفات مورد مطالعه مشابه می باشد. در این مدل در خط مربوط به تعریف مدل بعد از تعیین صفت علامت bin! می گذاریم که شناسه صفات binary or threshold در نرم افزار ASReml می باشد. همچنین تعیین عوامل ثابت و تصادفی در مدل مشابه مراحل قبلی می باشد.

آنالیز صفات استانه ای همراه با صفات با توزیع نرمال:

تعریف ob.as j آنالیز صفت استانه ای همراه با صفات با توزیع نرمال:

```
.nrr od !bin ~ Trait Tr.parity !r Tr.animal
1 2 1
0
2 0 US !GP
1 2 3577

Tr.animal 2
2 0 US !GP
.05 .2 300
animal 0 AINV
```

http://www.math.usu.edu/~vukasino/ANSCI/soft_anbr.htm

نرم افزارهاي آموزشي:

Educational

- [Biology Education Software FAQ](#)
- [GENUP](#) is a quantitative genetics tutor (16- and 32-bit Windows versions)
- [Pedigree VIEWER](#)- Pedigree viewer including calculation of inbreeding coefficients and findig any error in pedigree (16- and 32-bit Windows versions)
- [Populus](#) teaches population biology (MSDOS / 807 kB). [Info](#)
- [Gregor \(ftp site\)](#). Software Software for genetic simulation (MSDOS) by D. Mather and N.Tinker. Hosted by [Grain Crop Breeding and Genomics Group](#) at [McGill University](#).
- [Quercus](#) - Statistics for Bioscientists (different from Quercus for variance component estimation).
- [SIP](#) - a simple Selection Index Program (DOS)

نرم افزارهاي برآورد پارامترهاي ژنتيكي و اجزاي واريانس - کوواريانس:

Estimation of variance components and prediction of genetic (BLUP) values

- [ATBK](#) - Animal Breeders Toolkit
- [ASREML](#) estimates variance components under a general mixed model in multivariate, spatial, repeated measures, multi-environment and genetic analyses by REML.
- [BENDOPT](#) and [BENDPDF](#): two programs implementing different approaches of the so-called "BENDING" procedure
- [DFREML](#) by [Karin Meyer](#). Estimates of (co)variance components through a derivate-free method. Programs are provided as fortran source code for DOS and Unix. The compressed executable is ~ 2720 Kb. [Info](#).
- [DMU](#) by Just Jensen. Multivariate mixed model analysis. Versions available for IBM, Unix and PC.
- [GRAMBLUP](#) - General Purpose Reduced Animal Model Multiple Traits BLUP Program. [Download](#). Some [info](#).
- [HLM](#) - estimation of maximum likelihood estimates of the variance-covariance components. Commercialware.

- [JAA](#) - Mixed model program using iteration on data with support for animal model. [Download](#)
- [JSPFS](#) - single-trait REML program for animal models using sparse matrix solver. [Download](#).
- [MIXED procedure](#) in SAS. [FAQs](#). - [Curt Finley's comments](#) on the usefulness of SAS PROC MIXED for animal breeders (on the [animal breeders discussion group](#))
- [MTCAFS](#) (MTC) - multitrait REML estimation of variance components program by canonical transformation, with support for multiple random effects. [Download](#).
- [MTDFREML](#) (Multiple Trait Derivate Free REstricted Maximum Likelihood) by [Curt VanTassel](#). Estimates of variance components and BLUP solutions to mixed model equations.
- [MTGSAM](#) Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models
- [Quercus](#) calculates maximum Likelihood estimates of fixed effects and variance components. Supplied as Pascal source code for Unix and VMS platforms. [Info](#).
- [PIGBLUP](#) is a modern genetic evaluation system for pigs
- [VARCL](#) - an interactive software package for variance component analysis of hierarchically structured data by maximum likelihood. Commercialware.
- [VCE](#) -- Multivariate multimodel REML estimation of variance components. Fortran source code for Unix platforms. [Download](#).
-

Population genetics

نرم افزارهاي ژنتيک جمعيت:

- [GSED](#) - a program for the characterization of genetic structures in population genetic investigations
- [BOTTLENECK](#) is a program for detecting recent effective population size reductions from allele data frequencies
- [ECO-GENE](#) for a comprehensive evaluation of human influences on the genetic system
- [FSpeed Fast Inbreeding Computation Software](#) - Windows program for rapidly computing the inbreeding of all individuals in a breeding population. Free version available.
- [GDA](#) : Software for the Analysis of Discrete Genetic Data
- [GENEPOP](#) computes estimates of classical population parameters. [Info](#)

- [GENETIX](#) - a set of programs computes several basic parameters of population genetics such as Nei's D and H, Wright's F-statistics (the Weir-Cockerham's and Robertson-Hill's estimators), and linkage disequilibrium D
- [Population and Quantitative Genetics Software](#)

نرم افزارهاي آنالز لينكازي و تشخيص و نقشه يابي QTL

QTL mapping & linkage analysis

- [An Alphabetic list of Genetic Analysis Software](#)
- [Dendrome's QTL mapping software site](#)
- Pedros's directory of [biomolecular research tools](#)
- [POPGENE](#), a program for population genetics analysis
- [DnaSP](#) - DNA Sequence Polymorphism
- [PLABQTL](#) - a program for composite interval mapping of QTL
- [LAMARC](#) is a package of programs for computing likelihoods for samples of data (sequences and electrophoretic polymorphisms) from populations
- [QTL Cartographer](#) is a package of programs that will aid in locating the genes that control quantitative traits using a molecular map of markers
- [MQTL](#) : Software for simplified composite QTL interval mapping in multiple environments
- [MSIM](#) : Software for Automated Simulation of genetic markers and QTL
- [DISPAN](#), a software for the analysis of allozyme data. [Info](#).
- [Multimapper](#) / Bayesian QTL mapping software for inbred lines (distributed as C source code)

- 1- Blasco, A. 2001. The Bayesian controversy in animal breeding. J. Anim.Sci. 79: 2023–2046.
- 2- Bolstad, W. M. 2004. Introduction to Bayesian statistics. Published by John Willey & Song, INC. Hoboken. New jersey.
- 8- Henderson, L. R. 1993. Variance component estimation methods. University of Guelph, Ontario, Canada.
- 9- Searle, S. R., G. Casella and C. E. Mcculloch. 1992. Variance Components. John Wiley & Sons, Chichester, U.K.

<http://www.vsni.co.uk/downloads/asrem>



ASReml