

فرا تحلیل مطالعات مرتبط با پارامترهای ژنتیکی صفات الیاف در بزهای کرکی

• ارسال برآورنده (نویسنده مسئول)

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، جیرفت، ایران.

تاریخ دریافت: مرداد ۱۴۰۱ تاریخ پذیرش: آبان ۱۴۰۱

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۳۳۹۵۰۷۰۴

Email: Abarazandeh@ujiroft.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/ ASJ.2022.359485.2247

چکیده

پژوهش کنونی با هدف استفاده از فراتحلیل برای برآورد میانگین وزنی پارامترهای ژنتیکی صفات طول، قطر و درصد الیاف کرک با ادغام نتایج مطالعات پیشین جهت نیل به نتایجی با صحت بالاتر انجام گرفت. به این منظور از اطلاعات ۱۴ مقاله مرتبط منتشر شده طی سال‌های ۱۳۶۷ تا ۱۴۰۰ استفاده شد. مدل فراتحلیل با اثرات تصادفی برای تخمین پارامترهای ژنتیکی، اشتباه استاندارد و فاصله اطمینان ۹۵ درصدی صفات با استفاده از بسته Metafor در نرم افزار R بکار گرفته شد. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت‌پذیری صفات طول، قطر و درصد الیاف کرک به ترتیب 0.047 ± 0.024 ، 0.053 ± 0.042 و 0.103 ± 0.060 محاسبه گردید. نتایج بیانگر آن است که صفات مرتبط با الیاف کرک در بزهای کرکی وراثت‌پذیری‌های بالا دارند و بنابراین انتخاب ژنتیکی مستقیم و گزینش افراد با شایستگی مطلوب می‌تواند باعث بهبود عملکرد این صفات گردد. بالاترین مقدار همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین درصد الیاف کرک و طول الیاف کرک (0.84 و 0.54) و کمترین همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفت درصد الیاف کرک و صفت قطر الیاف کرک (0.38 و 0.35) به دست آمد. کاهش شدید اشتباه استاندارد تخمین وراثت‌پذیری صفات در روش فراتحلیل در نتیجه تجمیع نتایج و افزایش حجم نمونه نشان دهنده افزایش صحت تخمین نتایج است. پارامترهای ژنتیکی برآورد شده می‌توانند در توسعه برنامه‌های اصلاحی مرتبط با بهبود صفات الیاف کرک در بزهای کرکی استفاده شود. لذا نتایج حاصل از فراتحلیل می‌تواند موجب توسعه برنامه‌های اصلاح‌نژادی به ویژه در نژادهایی با تعداد رکورد نا کافی، گردد.

واژه‌های کلیدی: بز، کشمیر، فراتحلیلی، وراثت‌پذیری، همبستگی.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 140 pp: 19-30

Meta-analysis study of the genetic parameters of fiber traits in Cashmere goats

By: A. Barazandeh

1: Department of Animal Science, Faculty of Agricultural, University of Jiroft, Jiroft, Iran

Received: August 2022**Accepted: November 2022**

By aggregating the previous studies, the present study aimed to perform a meta-analysis to estimate the weighted average of the genetic parameters of fiber length, fiber diameter and percentage yield of fiber in cashmere goats to increase the accuracy of estimations. The data of 14 related published papers between 1989 and 2021 were used. A model with random effects was used to estimate the genetic parameters, standard error and 95% confidence range of traits by using Metafor package in R environment. The weighted average of heritability estimates for length, diameter and percentage yield were 0.24 ± 0.047 , 0.42 ± 0.053 and 0.60 ± 0.103 , respectively. The obtained results indicated that the studied traits have high heritability estimates and therefore the direct genetic selection can lead to the improvement of the performance of these traits. The highest estimate of genetic and phenotypic correlations were obtained between the percentage yield and the fiber length as 0.84 and 0.54, respectively. The lowest genetic and phenotypic correlations were obtained between the percentage yield and the fiber diameter as 0.38 and 0.35, respectively. Sharp reductions in the standard errors of the heritability estimates due to aggregating the results and increasing the sample size, improve accuracy of the corresponding estimates. The genetic parameters estimated in the present study may be used for developing the breeding programs to improve the fiber traits in Cashmere goats. Therefore, the results of meta-analysis study can improve the breeding programs, especially in breeds with insufficient records.

Key words: Goat, Cashmere, Meta-analysis, Heritability, Correlation**مقدمه**

بکارگیری استراتژی‌ها و برنامه‌های اصلاح‌نژادی منجر به بهبود کیفیت و کمیت صفات مهم و اقتصادی دام‌ها از نسلی به نسل بعد می‌گردد. در مورد الیاف کرک هدف افزایش مقدار و طول کرک و کاهش تغییرات قطر آن است. پیش‌بینی دقیق و صحیح پارامترهای ژنتیکی این صفات برای طراحی بهینه این استراتژی‌ها و برنامه‌های اصلاحی ضروری است (Mekuriaw و Haile، ۲۰۱۴). از مهمترین فراسنجه‌های ژنتیکی وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی بین صفات هستند که در انتخاب و ارزیابی ژنتیکی دام‌ها بصورت گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (Safari و همکاران، ۲۰۰۵). عموماً در ژنتیک کمی فرض بر این است که پارامترهای ژنتیکی وابسته به جمعیتی هستند که برآوردها در آن انجام شده است (Gibson و Koots، ۱۹۹۶؛ Jembere و همکاران، ۲۰۱۷). در مطالعه Gibson و Koots (۱۹۹۶) نشان

بز توان پرورش در سیستم‌ها و محیط‌هایی را دارد که برای گونه‌های دیگر امکان ماندگاری و تولید مشکل است (کارگر و همکاران، ۱۳۹۸). بزهای کرکی از مهمترین نژادهای بز در دنیا هستند که کشمیر یا کرک تولید می‌کنند (Saleh و همکاران، ۲۰۲۲). کرک یکی از لطیف‌ترین، ظریف‌ترین و سبک‌ترین الیاف دامی است که در لایه زیرین پوشش بزهای کرکی قرار دارد و مشا رویش آن فولیکول‌های ثانویه موجود در پوست بز است (Pallotti و همکاران، ۲۰۱۸؛ Jin و همکاران، ۲۰۲۰؛ محمدآبادی و اسدالله پور نعنایی، ۱۴۰۰). کرک حاصل از هر حیوان در سال به صورت وزن بیده (میزان کرک و مو)، درصد کرک، قطر، طول، استحکام و رنگ کرک بررسی می‌شود که از مهمترین صفات اقتصادی بزهای کرکی محسوب می‌شوند (سفلی و صالحی، ۱۳۹۵).

مطالعه فراتحلیلی می‌تواند یک تخمین واحد و دقیق تر را از طریق ترکیب تخمین‌های مختلف از مطالعات متفاوت برآورد کند. لذا در دام‌های مختلف با روش فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه قرار گرفته است. فراتحلیل صفات رشد گوسفندان توسط Fogarty (۱۹۹۵) انجام شد. در مطالعه Safari و همکاران (۲۰۰۵) فراتحلیل فراسنجه‌های ژنتیکی صفات اقتصادی گوسفندان بررسی گردید. Mekuriaw و Haile (۲۰۱۴) فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان اتیوپی را مطالعه نمودند. در مطالعه Medrado و همکاران (۲۰۲۱a) فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی گوسفندان بررسی گردید. فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان ایرانی توسط عباسی موسی و همکاران (۱۴۰۰) انجام گردید. در پژوهش‌های de Oliveira و همکاران (۲۰۱۷)، Gathura و همکاران (۲۰۲۰) پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در گاوهای گوشتی با روش فراتحلیل مطالعه شد. قباخلو و همکاران (۱۳۹۹) فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی گاو هلستاین ایران را انجام دادند. در پژوهش Medrado و همکاران (۲۰۲۱b) فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی بوفالو مطالعه گردید.

علیرغم دشواری جمع‌آوری داده‌های مرتبط با صفات لیاف، تعدادی مطالعه با هدف تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات لیاف کرک بزهای کرکی منتشر شده است (Couchman و Wilkinson، ۱۹۸۸؛ Gifford و همکاران، ۱۹۹۰؛ Rose و همکاران، ۱۹۹۲؛ Bishop و Russel، ۱۹۹۶؛ Wang و همکاران، ۲۰۱۳؛ Wang و همکاران، ۲۰۱۴؛ Dai و همکاران، ۲۰۱۵؛ Wang و همکاران، ۲۰۱۵؛ Zhang و همکاران، ۲۰۲۱).

در یک مطالعه پیشین فراتحلیل، برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات رشد، تولیدمثل و تولید شیر در بز گزارش شده است (Jembere و همکاران، ۲۰۱۷). با این حال، فراتحلیل برای تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات لیاف کرک در بزهای کرکی قبلاً گزارش نشده است. لذا این پژوهش با هدف استفاده از روش فراتحلیل برای ترکیب و تجمع نتایج مطالعات موجود در زمینه

داده شد که استفاده از برآورد پارامترهای ژنتیکی یک جمعیت، در همان جمعیت یک اصل پذیرفته شده جهانی نیست و امکان استفاده از مقادیر ارزیابی شده در جای دیگر برای جمعیت‌های بدون برآورد پارامتر وجود دارد.

این پژوهشگران همچنین بیان کردند که عدم وجود اختلاف یا تفاوت اندک در برآورد پارامترهای ژنتیکی بین جمعیت‌ها و نژادهای مختلف استفاده از پارامترهایی که در جایی دیگر برآورد شده اند را تقویت می‌کند (Koots و Gibson، ۱۹۹۶). از این رو، برآورد پارامترهای ژنتیکی ممکن است با ادغام نتایج به دست آمده از مطالعات مختلف و ترکیب آنها با دقت بیشتری تخمین زده شوند. روش‌های مختلفی برای تجمع و تخمین پارامترهای ژنتیکی برآورد شده از پژوهش‌های پیشین وجود دارد. روش فراتحلیل^۱ از جدیدترین روش‌های تجمع نتایج پژوهش‌ها است. فراتحلیل شیوه آماری ویژه‌ای برای تلفیق نتایج تحقیقات مستقل جهت کشف ارتباط دقیق میان متغیرهای مورد بررسی است که امکان دارد در پژوهش‌های کوچکتر قابل حصول نباشد (Medrado و همکاران ۲۰۲۱b؛ Hossein-zadeh، ۲۰۲۱).

بکارگیری مناسب روش فراتحلیل در پژوهش‌های مرتبط به حیوانات، منجر به عدم انجام کارهای تکراری شده و از منظر کاهش هزینه‌ها و زمان می‌تواند سودمند واقع گردد (Hooijmans و همکاران، ۲۰۱۴؛ عباسی موسی و همکاران، ۱۴۰۰). فراتحلیل مطالعات مرتبط ژنتیکی، منجر به تجمع و تلفیق نتایج حاصل از مطالعات مشابه ولی مستقل گردیده و منابع ناهمگنی را بررسی و زیر گروه‌های مرتبط با عامل مورد نظر را شناسایی می‌کند (Lee، ۲۰۱۵؛ قباخلو و همکاران، ۱۳۹۹).

عوامل ژنتیکی مانند نژاد، مرحله انتخاب در گله و اثرات محیطی مانند تغذیه و مدیریت بهداشتی از جمله عواملی هستند که در تنوع بین پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در هر مطالعه نقش دارند (de Oliveira و همکاران، ۲۰۱۷). بنابراین، این پارامترها مختص جمعیت‌هایی هستند که در آنها تخمین زده شده‌اند و استفاده از آنها در سایر جمعیت‌ها ممکن است پاسخ به انتخاب را کمتر و یا بیش از حد برآورد کند (Gathura و همکاران، ۲۰۲۰). یک

¹ Meta-analysis

معیارهای ورود و خروج

در پژوهش کنونی مقالاتی گزینش شدند که: ۱- دارای متن کامل بودند؛ ۲- پارامترهای ژنتیکی صفات لیاف کرک را برآورد نموده بودند؛ ۳- گزارش تعداد دام (اندازه نمونه) را برای صفات داشتند؛ ۴- خطای معیار (SE) یا انحراف معیار (SD) را گزارش کرده بودند. معیارهای حذف مقاله شامل، ۱- پژوهش‌های مورد شاهدهی^۵؛ ۲- مقالات گزارش موردی و مروری؛ ۳- مطالعاتی فقط دارای چکیده بودند؛ ۴- مطالعات تکراری؛ ۵- مقالات فاقد اطلاعات و داده کافی، بودند.

سنجش کیفی

برای اعتبارسنجی و ارزیابی کیفی مطالعات از چک لیست پریزما^۶ استفاده گردید. چک لیست پریزما شامل ۲۷ آیتم مرتبط با محتوای یک مرور نظام مند و فراتحلیل بوده و مشتمل بر چکیده، روش‌ها، نتایج و بحث است. اطلاعات مربوط به مقالات ارزیابی شده و نهایی از جمله عنوان، نام نویسنده اول، سال انتشار، اندازه نمونه، مکان انجام مطالعه، وراثت‌پذیری مستقیم، واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی، خطای معیار یا انحراف معیار هر یک از صفات مورد مطالعه استخراج گردید.

آنالیز آماری

از نرم افزار اکسل برای آماده سازی اطلاعات جهت تجزیه و تحلیل استفاده شد. فراتحلیل پارامترهای ژنتیکی شامل وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده از بسته Metafor در نرم افزار R صورت گرفت. جهت تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی از روش میانگین وزنی با فاصله اطمینان ۹۵ درصد استفاده شد (Gibson و Koots، ۱۹۹۶). میانگین وزنی وراثت‌پذیری‌ها با استفاده از فرمول زیر محاسبه گردید:

برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد لیاف در بزهای کرکی و نیل به نتایجی با صحت بالاتر جهت استفاده در توسعه برنامه‌های اصلاح‌نژادی بزهای کرکی انجام شد.

مواد و روش‌ها

پژوهش حاضر با هدف استفاده از مرور سیستماتیک و فراتحلیل جهت برآورد میانگین وزنی پارامترهای ژنتیکی صفات لیاف کرک در بزهای کرکی شامل طول، قطر و درصد لیاف کرک انجام گرفت. پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه شامل وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات طول لیاف کرک^۲، قطر لیاف کرک^۳ و درصد لیاف کرک^۴ بودند که از ۱۴ مقاله منتشر شده به دست آمده بودند.

استراتژی جستجو و انتخاب مقالات

برای گردآوری مقالات و استخراج داده‌ها از بانک‌های اطلاعاتی‌های بین المللی شامل Google Scholar، PubMed، Science Direct، Springer، Scopus، Web of Science و پایگاه‌های فارسی شامل ایرانداک، مگیران، سیولیکا و SID استفاده شد. واژگان کلیدی بز کرکی، پارامترهای ژنتیکی، فنوتیپی، وراثت‌پذیری، صفات لیاف کرک، تکرارپذیری و ترکیب احتمالی آنها با استفاده از عملگرهای +، and و or به زبان انگلیسی و فارسی طی سال‌های ۱۳۶۷ تا ۱۴۰۰ مورد جستجو قرار گرفت. در مجموع ۱۲۹ مطالعه براساس بررسی‌های اولیه یافت شد. ابتدا مقالات تکراری یافت شده در پایگاه‌های مختلف حذف (۲۶ مطالعه) و سپس فهرست عناوین مقالات باقیمانده بررسی و مقالات دارای شرایط مشخص شد. غربالگری اولیه با مطالعه دقیق عنوان و چکیده مقالات انجام و براساس ملاک‌های ورود و خروج، مقالات غیر مرتبط حذف (۷۱ مطالعه) گردید. متن کامل مطالعات باقیمانده از مرحله غربالگری جهت سنجش شایستگی مقالات مورد بررسی دقیق قرار گرفت و براساس ملاک‌های ورود و خروج تعداد دیگری از مقالات حذف گردید و در نهایت از ۳۲ مطالعه بررسی شده تعداد ۱۴ مقاله در مرحله نهایی ارزیابی کیفی قرار گرفتند.

⁵Case control study

⁶ PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analysis)

² Fiber Length

³ Fiber Diameter

⁴ Percentage Yield

$$h_{pooled}^2 = \frac{\sum_{i=1}^y p_i / (SE_{pi})^2}{\sum_{i=1}^y 1 / (SE_{pi})^2}$$

معیار مطالعه i ، n_i تعداد رکورد در مطالعه i و y برابر با تعداد مطالعات برای صفت مورد بررسی است.

که y برابر با تعداد مطالعات، p_i برابر با وراثت‌پذیری صفت در مطالعه i ، SE_{pi} برابر با میانگین وزنی خطاهای معیار گزارش شده است. مقدار SE_{pi} بصورت زیر محاسبه می‌شود که s_i خطای

$$SE_{pi} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^y s_i^2 n_i}{\sum_{i=1}^y n_i}}$$

می‌شوند. سپس نتایج برای ارائه به همبستگی‌ها تبدیل می‌شوند (Borenstein و همکاران، ۲۰۰۹؛ Hossein-zadeh، ۲۰۲۱).
مقیاس نرمال تقریبی بر اساس تبدیل Z فیشر به صورت زیر است:

اکثر مطالعات فرا تحلیل از مقادیر همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی منتشر شده بصورت مستقیم استفاده نمی‌کنند زیرا معمولاً توزیع نرمال ندارد. در عوض، همبستگی منتشر شده به مقیاس Z فیشر تبدیل می‌شود و تمام تحلیل‌ها با استفاده از مقادیر تبدیل‌شده انجام

$$Z = 0.5 \log \left[\frac{r + 1}{r - 1} \right]$$

که r برآورد همبستگی بیان شده برای صفات در مطالعات است. برای بازگشت به مقیاس اصلی از معادله زیر استفاده شد:

$$r = \frac{e^{2Z} - 1}{e^{2Z} + 1}$$

جهت آنالیز داده‌ها از شاخص عدم تجانس (I^2) بر اساس فرمول زیر استفاده گردید (Lean و همکاران، ۲۰۰۹):

در این معادله r همبستگی تغییر شکل یافته برای صفت و Z تبدیل Z فیشر است. برای تشخیص ناهمگنی و انتخاب مدل مناسب

$$I^2(\%) = \frac{Q - (k - 1)}{Q} \times 100$$

بایستی مدل اثرات تصادفی مورد استفاده قرار گیرد (Vesterinen و همکاران، ۲۰۱۴). استفاده از مدل تصادفی امکان غلبه بر مشکل ناهمگنی بین مقالات را با در نظر گرفتن واریانس موجود بین آنها در برآورد میانگین وزنی فراهم می‌کند (Dawson و همکاران، ۲۰۱۶)

که در آن Q آماره ناهمگنی χ^2 و k تعداد مطالعات است. ارزش شاخص I^2 بین صفر تا ۱۰۰ درصد متغیر است (Higgins و همکاران، ۲۰۱۹). اگر مقدار آماره I^2 بین صفر تا ۲۵ درصد باشد، میزان ناهمگنی خیلی کم، بین ۲۵ تا ۵۰ درصد مقدار ناهمگنی کم، بین ۵۰ تا ۷۵ درصد میزان ناهمگنی متوسط و بیش از ۷۵ درصد نشان دهنده ناهمگنی زیاد صفات مورد مطالعه در مقالات است (Rojas و همکاران، ۲۰۱۸). در صورت وجود ناهمگنی بالا

نتایج و بحث

فرا تحلیل بر اساس مدل اثرات تصادفی عمدتاً به دلیل علاقه به استنتاج در سطح جمعیت مورد نیاز است (de Oliveira و همکاران، ۲۰۱۷؛ Hossein-zadeh، ۲۰۲۱). در مدل اثرات تصادفی فرض بر این است که هر تخمین در مطالعات مختلف، یک پارامتر واقعی مستقل و متفاوت با توزیع نرمال و خطای تصادفی است و تغییرات اضافی بیان شده در ایجاد این فرض را در نظر می‌گیرد. از این رو، هم منابع تنوع بین و هم درون مطالعه در این مدل در نظر گرفته شده است و به عنوان یک روش محافظه کارانه تر برای فرا تحلیل پیشنهاد شده است که خروجی‌هایی را تولید می‌کند که قابل تعمیم هستند (Safari و همکاران، ۲۰۰۵؛ Akanno و همکاران، ۲۰۱۳).

وراثت‌پذیری صفات الیاف کرک

مقادیر میانگین وزنی وراثت‌پذیری، خطای استاندارد و دامنه اطمینان ۹۵ درصد صفات طول الیاف کرک، قطر الیاف کرک و درصد الیاف کرک در جدول ۱ نشان داده شده است. دامنه میانگین وراثت‌پذیری صفات الیاف کرک با استفاده از روش فرا تحلیل از ۰/۲۴ تا ۰/۶۰ برآورد گردید.

آماره I^2 برای صفت طول الیاف، قطر الیاف و درصد الیاف کرک به ترتیب ۰/۷۸، ۰/۷۵ و ۰/۸۱ بدست آمد که نشان از ناهمگنی بالا داشت (شکل‌های ۱ تا ۳) و لذا مدل اثرات تصادفی برای تجزیه و تحلیل بکار برده شد. اهداف در مطالعه حاضر و به طور کلی تنوع گسترده برآورد پارامترهای ژنتیکی در مطالعات مختلف، ضرورت در نظر گرفتن مدل اثرات تصادفی را نشان می‌دهد. پژوهش‌های مختلف که با روش فرا تحلیل پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف را در دام‌ها مطالعه نمودند بیان داشته‌اند که در اکثر موارد مقادیر شاخص عدم تجانس I^2 بیش از ۷۵ درصد برآورد شده است زیرا میزان ناهمگنی صفات مورد مطالعه در مقالات استفاده شده زیاد است و بنابراین مدل اثرات ثابت برای فرا تحلیل مناسب نبوده و برای انجام محاسبات از مدل اثرات تصادفی استفاده کرده‌اند (de Oliveira و همکاران، ۲۰۱۷؛ قباخلو و همکاران، ۱۳۹۹؛ Gathura و همکاران، ۲۰۲۰؛ عباسی موسی و همکاران، ۱۴۰۰؛ Medrado و همکاران، ۲۰۲۱b). برای مطالعات در زمینه اصلاح نژاد حیوانات و ژنتیک، انجام یک

جدول ۱. میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات الیاف کرک در بزهای کرکی

صفت	تعداد مطالعات	تعداد مشاهدات	وراثت‌پذیری خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصد	دامنه وراثت‌پذیری مطالعات	دامنه خطای استاندارد مطالعات
طول الیاف کرک	۱۰	۳۵۰۴۶	۰/۲۴	۰/۱۳-۰/۳۴	۰/۱-۰/۷۰	۰/۰۲-۰/۲۵
قطر الیاف کرک	۱۴	۳۴۵۱۱	۰/۴۲	۰/۳۱-۰/۵۴	۰/۱۴-۰/۹۹	۰/۰۴-۰/۲۳
درصد الیاف کرک	۶	۶۳۶۵	۰/۶۰	۰/۳۳-۰/۸۶	۰/۲۳-۰/۹۰	۰/۰۶-۰/۲۳

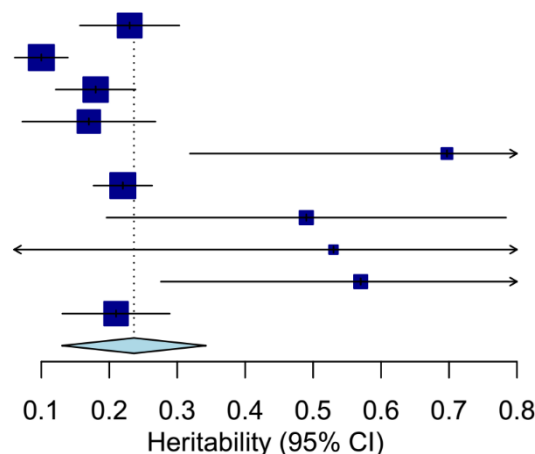
و صفت طول الیاف کرک کمترین ضریب وراثت‌پذیری را دارا بودند. وراثت‌پذیری صفت طول الیاف کرک در مطالعات مختلف در دامنه ۰/۱۰ تا ۰/۷۰ قرار داشت (Pattie و Restall، ۱۹۸۹؛

همچنین نمودار جنگلی^۷ این صفات در شکل‌های ۱ تا ۳ نمایش داده شده است. در این نمودارها وراثت‌پذیری صفت در هر مطالعه و حدود اطمینان آن و نتیجه کلی فرا تحلیل نمایش داده شده است. صفت درصد الیاف کرک بیشترین میزان وراثت‌پذیری

مطالعات در حدود این دامنه قرار داشت ولی در تعدادی از مطالعات مقادیر خارج از حدود اطمینان ۹۵ درصدی فرا تحلیل قرار گرفتند (Restall و Pattie، ۱۹۸۹؛ Bishop و همکاران، ۱۹۹۳؛ Bishop، ۱۹۹۸). Bigham و همکاران (۱۹۹۳) وراثت پذیری ۰/۵۷ را برای صفت طول الیاف کرک در بزهای کشمیر نیوزیلند و Restall و Pattie وراثت پذیری ۰/۷۰ را برای صفت طول الیاف کرک در بزهای استرالیایی گزارش کردند.

Zhang و همکاران، ۲۰۲۱). پژوهشگران تفاوت‌های مشاهده شده در تخمین وراثت‌پذیری را به استراتژی‌های مختلف اصلاح‌نژادی، نژاد و مقدار داده و اطلاعات در هر مطالعه نسبت می‌دهند (Zhang و همکاران، ۲۰۲۱). اما مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت‌پذیری صفت طول الیاف کرک ۰/۲۴ برآورد گردید (جدول ۱). همچنین دامنه اطمینان ۹۵ درصدی وراثت‌پذیری حاصل از فرا تحلیل طول الیاف کرک در محدوده ۰/۱۳ تا ۰/۳۴ کاهش یافت (شکل ۱) که وراثت‌پذیری در اکثر

Author	Heritability (95% CI)
zhou et al.2002	0.23 [0.16; 0.30]
Zhang et al.2021	0.10 [0.06; 0.14]
Wang et al.2014	0.18 [0.12; 0.24]
wang et al.2013	0.17 [0.07; 0.27]
Pattie and Restall1989	0.70 [0.32; 1.08]
Dai et al.2015	0.22 [0.18; 0.26]
Bishop and Russel1996	0.49 [0.20; 0.78]
Bishop1998	0.53 [0.04; 1.02]
Bigham et al.1993	0.57 [0.28; 0.86]
Bai et al.2006	0.21 [0.13; 0.29]
Weighted Mean of Heritability	0.24 [0.13; 0.34]
Heterogeneity: $\chi^2_9 = 41.82$ ($P < .001$), $I^2 = 78\%$	

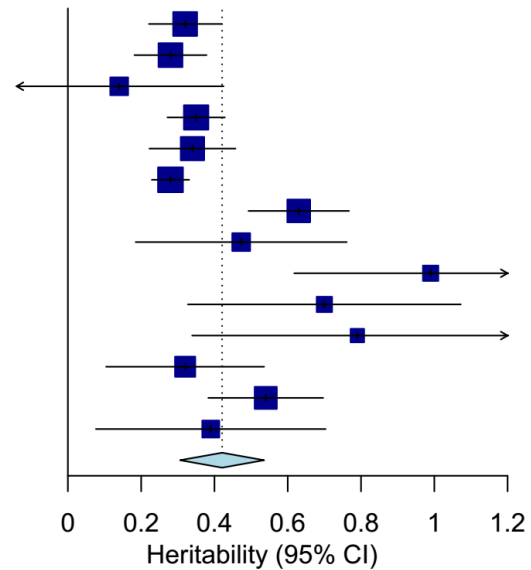


شکل ۱. نمودار جنگلی مطالعات فردی و نتیجه فرا تحلیل برای برآوردهای وراثت‌پذیری صفت طول الیاف کرک در بزهای کرکی. میانگین وزنی محاسبه شده بر اساس یک مدل اثرات تصادفی، با لوزی در پایین هر نمودار نشان داده می‌شود. اندازه مربع‌ها وزن هر مطالعه را نسبت به میانگین اندازه اثر نشان می‌دهد. مربع‌های کوچکتر نشان دهنده وزن کمتر است. میله‌های افقی نشان دهنده فاصله اطمینان ۹۵ درصد برای مطالعه است.

است به دلیل تفاوت در ساختار ژنتیکی نژادهای مختلف، مدل‌های مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل، محیطی که جمعیت تحت آن قرار می‌گیرد و تعداد حیوانات موجود در مطالعه باشد (Bai و همکاران، ۲۰۰۶). اما در اکثر مطالعات نتایج گزارش شده در دامنه برآورد شده قرار داشتند.

وراثت‌پذیری حاصل از فرا تحلیل صفت قطر الیاف کرک ۰/۴۲ برآورد گردید (جدول ۱). در برخی از مطالعات مقادیر بسیار پایین (Li و همکاران، ۲۰۰۱) یا بسیار بالا (Bigham و همکاران ۱۹۹۳) برای این صفت گزارش شده (شکل ۲) که خارج از محدوده ۹۵ درصدی فرا تحلیل (۰/۳۱ تا ۰/۵۴) است که ممکن

Author	Heritability (95% CI)
zhou et al.2002	0.32 [0.22; 0.42]
Bai et al.2006	0.28 [0.18; 0.38]
Li et al.2001	0.14 [-0.14; 0.42]
Wang et al.2014	0.35 [0.27; 0.43]
wang et al.2013	0.34 [0.22; 0.46]
Dai et al.2015	0.28 [0.23; 0.33]
Bishop and Russel1996	0.63 [0.49; 0.77]
Pattie and Restall1989	0.47 [0.18; 0.76]
Bigham et al.1993	0.99 [0.62; 1.36]
Gifford et al.1990	0.70 [0.33; 1.07]
Baker et al.1991	0.79 [0.34; 1.24]
Couchman & Wilkinson1988	0.32 [0.10; 0.54]
Bishop1998	0.54 [0.38; 0.70]
Rose et al.1992	0.39 [0.08; 0.70]
Weighted Mean of Heritability	0.42 [0.31; 0.54]
Heterogeneity: $\chi^2_{13} = 52.32$ ($P < .001$), $I^2 = 75\%$	

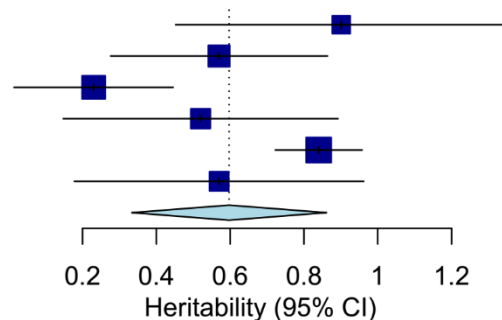


شکل ۲. نمودار جنگلی مطالعات فردی و نتیجه کلی برای برآورد وراثت پذیری صفت قطر الیاف کرک در بزهای کرکی

۰/۹۰ قرار داشت (Pattie و Restall، ۱۹۸۹؛ Gifford و همکاران، ۱۹۹۰) که پس از ادغام نتایج با استفاده از فراتحلیل محدوده ۹۵٪ وراثت پذیری صفت مورد نظر به ۰/۳۳ تا ۰/۸۶ کاهش یافت (شکل ۳) و اکثر پژوهش‌ها در این دامنه قرار گرفت.

اهمیت صفت درصد الیاف کرک به عنوان یک صفت در یک هدف اصلاحی یا به عنوان یک معیار انتخاب به طور کامل ارزیابی نشده است. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری صفت درصد الیاف کرک ۰/۶۰ برآورد گردید (جدول ۱). دامنه وراثت پذیری برآورد شده در پژوهش‌های مختلف در بازه ۰/۲۳ تا

Author	Heritability (95% CI)
Pattie and Restall1989	0.90 [0.45; 1.35]
Bigham et al.1993	0.57 [0.28; 0.86]
Gifford et al.1990	0.23 [0.01; 0.45]
Baker et al.1991	0.52 [0.15; 0.89]
Bishop1998	0.84 [0.72; 0.96]
Rose et al.1992	0.57 [0.18; 0.96]
Weighted Mean of Heritability	0.60 [0.33; 0.86]
Heterogeneity: $\chi^2_5 = 26.33$ ($P < .001$), $I^2 = 81\%$	



شکل ۳. نمودار جنگلی مطالعات فردی و نتیجه کلی برای برآورد وراثت پذیری صفت درصد الیاف کرک در بزهای کرکی

اگر میانگین صفت درصد الیاف کرک پایین باشد، به نظر نمی‌رسد که به انتخاب پاسخ دهد. با این حال، در اکثر گله‌هایی که دارای میانگین بین ۳۰ تا ۴۰ درصد هستند، این صفت می‌تواند توسط انتخاب کنترل شود (Baker و همکاران، ۱۹۹۱).

نتایج پژوهش‌های متعارف در برنامه‌های اصلاح نژادی استفاده نمود (Jemberه و همکاران، ۲۰۱۷؛ Gathura و همکاران، ۲۰۲۰؛ عباسی موسی و همکاران، ۱۴۰۰).

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات الیاف کرک

مقادیر میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات الیاف کرک در جدول ۲ نمایش داده شده است. صفات الیاف کرک همبستگی مثبت را نشان دادند. بالاترین مقدار همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین درصد الیاف کرک و طول الیاف کرک (۰/۸۴ و ۰/۵۴) و کمترین همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفت درصد الیاف کرک و صفت قطر الیاف کرک (۰/۳۵ و ۰/۳۸) برآورد گردید (جدول ۲).

نظر به اینکه اندازه گیری صفت درصد الیاف کرک سخت و هزینه بر است می توان با توجه به همبستگی مثبت و بالای ژنتیکی میان درصد الیاف کرک و طول الیاف کرک، صفت طول الیاف کرک را به عنوان یک پیش بینی کننده برای صفت درصد الیاف کرک در نظر گرفت زیرا اندازه گیری آن آسانتر بوده و قبل از کرک چینی امکان پذیر است. از طرفی به لحاظ ژنتیکی امکان انتخاب غیر مستقیم برای صفت درصد الیاف کرک وجود خواهد داشت (Bigam و همکاران ۱۹۹۳).

در مجموع نتایج بیانگر آن است که صفات مرتبط با الیاف کرک در بزهای کرکی وراثت پذیری بالا دارند و بنابراین انتخاب ژنتیکی صحیح و گزینش افراد با شایستگی ژنتیکی مطلوب می تواند منجر به بهبود عملکرد این صفات گردد.

حدود اطمینان ۹۵ درصدی و اشتباه استاندارد وراثت پذیری صفات

همانگونه که در جدول ۱ و شکل‌های ۱ تا ۳ مشخص است مقایسه دامنه تغییرات وراثت پذیری صفات بیان شده در پژوهش‌ها با حدود اطمینان ۹۵ درصدی حاصل از نتایج فرا تحلیل بیانگر کاهش چشمگیر دامنه تغییرات در تجمیع نتایج مطالعات است. به طور مثال دامنه تغییرات وراثت پذیری در مورد صفت طول، قطر و درصد الیاف کرک در مقالات مورد استفاده به ترتیب بین ۰/۱۰ تا ۰/۷۰، ۰/۱۴ تا ۰/۹۹ و ۰/۲۳ تا ۰/۹۰ بود، در حالی که پس از ترکیب و تلفیق نتایج توسط روش فرا تحلیل فاصله اطمینان ۹۵ درصدی برای وراثت پذیری این صفات به ۰/۱۳ تا ۰/۳۴، ۰/۳۱ تا ۰/۵۴ و ۰/۳۳ تا ۰/۸۶ کاهش یافت. از سویی دیگر کاهش شدید اشتباه استاندارد تخمین وراثت پذیری صفات در روش فرا تحلیل در نتیجه تجمیع نتایج و افزایش حجم نمونه در مقایسه با اشتباه استاندارد در مورد هر صفت مشاهده می شود (شکل‌های ۱ تا ۳). کاهش اشتباه استاندارد به معنی افزایش صحت تخمین نتایج است که باعث خواهد شد بتوان با اعتماد بیشتری از نتیجه‌های فرا تحلیل نسبت به

جدول ۲. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی (بالا) و همبستگی فنوتیپی (پایین) صفات الیاف کرک در بزهای کرکی

صفت	طول الیاف کرک	قطر الیاف کرک	درصد الیاف کرک
طول الیاف کرک	-	۰/۵۳±۰/۲۱	۰/۴۸±۰/۱۸
قطر الیاف کرک	۰/۳۶±۰/۰۳	-	۰/۳۸±۰/۱۶
درصد الیاف کرک	۰/۵۴±۰/۱۰	۰/۳۵±۰/۰۳	-

منابع

- سفلی، س. و صالحی، م. (۱۳۹۵). مطالعه خصوصیات لیاف در بزهای آمیخته بومی قم با بز کرکی جنوب خراسان. تولیدات دامی. شماره ۱۸، ص ص ۶۴۶-۶۳۵.
- عباسی موسی، س.، ورکوهی، ش.، جوزی، س.، سالاری، ن. و خان سفید، م. (۱۴۰۰). متآنالیز (فرا تحلیل) پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان ایرانی. نشریه علوم دامی (پژوهش و سازندگی). شماره ۱۳۳، ص ص ۱۶۶-۱۵۷.
- قباخلو، ف.، زره داران، س.، جباری نوقابی، م. و شریعتی، م. م. (۱۳۹۹). متآنالیز مطالعات مربوط به تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی گاو هلستاین ایران. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان. شماره ۱۴، ص ص ۲۲-۱.
- کارگر، ن.، موسوی، س. و قربانی، غ. (۱۳۹۸). تجزیه ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در بز کرکی رایینی. تحقیقات کاربردی در علوم دامی. شماره ۸، ص ص ۳۴-۲۳.
- محمدآبادی، م. و اسدالله پور نعنایی، ح. (۱۴۰۰). بیان ژن لپتین در بز کرکی رایینی با استفاده از Real Time PCR. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی. شماره ۱۳، ص ص ۲۱۴-۱۹۷.
- Akanno, E. C., Schenkel, F. S., Quinton, V. M., Friendship, R. M. and Robinson, J. A. B. (2013). Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. *Livestock Science*. 152(2-3): 101-113.
- Allain, D. and Renieri, C. (2010). Genetics of fibre production and fleece characteristics in small ruminants, Angora rabbit and South American camelids. *Animal*. 4(9): 1472-1481.
- Bai, J. Y., Li, J. Q., Jia, X. P., Zhang, Q. and Dao, E. J. (2006). Influence of maternal genetic effect on genetic parameter estimates of production traits of cashmere goat. *Hereditas*. 28(9): 1083-1086.
- Baker, R. L., Southey, B. R., Bigham, M. L. and Newman, S. A. N. (1991). Genetic parameters for New Zealand cashmere goats. In *Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production*. 51: 423-428.

همبستگی ژنتیکی مثبت و بالا بین صفات طول و درصد لیاف کرک با صفت قطر لیاف کرک از اهمیت قابل توجهی برای پرورش دهندگان بزهای کرکی برخوردار است، زیرا اگر هدف تولید مقدار کرک قابل قبول در بلندمدت باشد منجر به افزایش قطر لیاف خواهد شد که باعث کاهش کیفیت و ظرافت لیاف کرک خواهد شد. لذا در برنامه‌های انتخاب باید به این مورد توجه نمود و انتخاب برای افزایش وزن و درصد کرک کنترل شده انجام گردد به نحوی که نتاجی را شاهد باشیم که میزان درصد کرک قابل توجه با ظرافت کافی را تولید نمایند (Restall و Pattie, ۱۹۸۹).

همانگونه که در جدول ۲ نشان داده شده است مقادیر همبستگی ژنتیکی بین صفات از مقادیر همبستگی فنوتیپی بیشتر است. دلیل این امر احتمالاً همبستگی‌های محیطی و تأثیر عوامل مدیریتی و محیطی بوده و لذا توصیه می‌گردد در برنامه‌های اصلاح نژاد از همبستگی ژنتیکی استفاده گردد (Allian و Renieri, ۲۰۱۰).

نتیجه‌گیری کلی

پژوهش کنونی نخستین مورد برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات لیاف در بزهای کرکی با استفاده از روش فراتحلیل است. برآوردهای وراثت‌پذیری نشان داده‌اند که این صفات اقتصادی پتانسیل انتخابی بالایی برای این گونه مهم دامی ارائه می‌دهند. علاوه بر این، همبستگی‌های ژنتیکی نشان داد که برخی از صفات دارای کنترل ژنتیکی پیچیده‌ای هستند و استفاده از شاخص انتخاب می‌تواند گزینه‌ای برای بهبود ژنتیکی سالیانه باشند. مدل تصادفی مورد استفاده در پژوهش کنونی به دلیل ناهمگنی قابل توجهی که در بین مطالعات مورد استفاده وجود داشت ضروری است. علاوه بر این، پارامترهای به‌دست‌آمده در فراتحلیل را می‌توان برای نژادهای مختلف، در شرایط مدیریتی و اقلیمی متفاوت و مدل‌های مختلف، و مخصوصاً در برنامه‌های اصلاحی نژادهایی که رکورد نامناسب یا ناکافی دارند، استفاده کرد.

- goats. In Proceedings of the Australian Association of Animal Breeding and Genetics. 8: 461–465.
- Higgins, J. P. T., Thomas, J., Chandler, J., Cumpston, M., Li, T., Page, M. J., et al. (2019). Cochrane handbook for systematic reviews of interventions. John Wiley & Sons.
- Hooijmans, C. R., IntHout, J., Ritskes-Hoitinga, M. and Rovers, M. M. (2014). Meta-analyses of animal studies: an introduction of a valuable instrument to further improve healthcare. *ILAR Journal*. 55(3): 418–426.
- Hossein-zadeh, N. G. (2021). A meta-analysis of heritability estimates for milk fatty acids and their genetic relationship with milk production traits in dairy cows using a random-effects model. *Livestock Science*. 244: 104388.
- Jembere, T., Dessie, T., Rischkowsky, B., Kebede, K., Okeyo, A. M. and Haile, A. (2017). Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Ruminant Research*. 153: 71–80.
- Jin, M., Lu, J., Fei, X., Lu, Z., Quan, K., Liu, Y., et al. (2020). Genetic signatures of selection for cashmere traits in Chinese goats. *Animals*. 10: 1–13.
- Koots, K. R. and Gibson, J. P. (1996). Realized sampling variances of estimates of genetic parameters and the difference between genetic and phenotypic correlations. *Genetics*. 143: 1409–1416.
- Lean, I., Rabiee, A., Duffield, T. and Dohoo, I. (2009). Invited review: Use of meta-analysis in animal health and reproduction: Methods and applications. *Journal of Dairy Science*. 92: 3545–3565.
- Lee, Y. (2015). Meta-analysis of genetic association studies. *Annals of Laboratory Medicine*. 35(3): 283.
- Li, J., Wang, F., Yin, J., Shaoqing, L., Yongbin, Z., Congfa, Z., et al. (2001). Study on genetic parameters for several quantitative traits of Inner Mongolia Cashmere Goats. *Hereditas*. 23(3): 211–216.
- Bigham, M. L., Morris, C. A., Southey, B. R. and Baker, R. L. (1993). Heritabilities and genetic correlations for live weight and fibre traits in New Zealand Cashmere goats. *Livestock Production Science*. 33: 91–104.
- Bishop, S. C. (1998). Strain comparisons and genetic parameters for cashmere goats. Proceeding of 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 19: 401–408.
- Bishop, S. C. and Russel, A. J. F. (1996). The inheritance of fibre traits in a crossbred population of cashmere goats. *Animal Science*. 63(3): 429–436.
- Borenstein, M., Hedges, L.V., Higgins, J. and Rothstein, H.R. (2009). Introduction to meta-analysis. Wiley, Chichester, UK, pp. 69–75.
- Couchman, R.C. and Wilkinson, J.L. (1988). Genetic estimates for commercial Cashmere traits. Proceedings of the Australian Association of Animal Breeding and Genetics, 7: 517–520.
- Dai, S., Wang, C., Wang, Z., Wang, Z., Zhang, Y., Na, Q., et al. (2015). Inbreeding and its effects on fleece traits of Inner Mongolia cashmere goats. *Small Ruminant Research*. 128: 50–53.
- Dawson, D. V, Pihlstrom, B. L. and Blanchette, D. R. (2016). Understanding and evaluating meta-analysis. *The Journal of the American Dental Association*. 147(4): 264–270.
- de Oliveira, H. R., Ventura, H. T., Costa, E. V., Pereira, M. A., Veroneze, R., de Souza Duarte, M., et al. (2017). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nelore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science*. 58(9): 1575–1583.
- Gathura, D. M., Muasya, T. K. and Kahi, A. K. (2020). Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. *Livestock Science*. 242: 104306.
- Gifford, D. R., Ponzoni, R. W., Ellis, N. J. S., Levinge, F. C. R. and Milne, M. L. (1990). Genetic parameters for production characteristics of Australian Cashmere

- reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92: 271–289.
- Saleh, A. A., Rashad, A. M. A., Hassanine, N. N. A. M., Sharaby, M. A. and Zhao, Y. (2022). Assessment of hair and cashmere properties and their genetic background of several goat breeds in Southwest China. *Scientific Reports*. 12: 11135.
- Vesterinen, H. M., Sena, E. S., Egan, K. J., Hirst, T. C., Churolov, L., Currie, G. L., et al. (2014). Meta-analysis of data from animal studies: a practical guide. *Journal of Neuroscience Methods*. 221: 92–102.
- Wang, Z., Wang, R., Zhang, W., Wang, Z., Wang, P., Liu, H., et al. (2013). Estimation of genetic parameters for fleece traits in yearling Inner Mongolia Cashmere goats. *Small Ruminant Research*. 109(1): 15–21.
- Wang, Z., Wang, R., Li, J., Zhang, W., Wuriliga, Su, R., Zhang, Y. (2014). Modeling genetic covariance structure across ages of fleece traits in an Inner Mongolia cashmere goat population using repeatability and multivariate analysis. *Livestock Science*. 161: 1–5.
- Wang, Z., Wang, Z., Liu, Y., Wang, R. J., Zhang, Y., Su, R. and Li, J. (2015). Genetic evaluation of fiber length and fiber diameter from Inner Mongolia White Cashmere goats at different ages. *Small Ruminant Research*. 123(1): 22–26.
- Zhang, L., Wang, F., Zhang, L., Zhang, F., Liu, H., He, L., et al. (2021). Estimation of genetic parameters for horn traits and essential economic traits in Inner Mongolia Cashmere goats. *Czech Journal of Animal Science*. 66(6): 211–216.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B. and Pinto, L.F.B. (2021a). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livestock Science*. 247: 104477.
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B. and Pinto, L.F.B. (2021b). Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in buffaloes. *Livestock Science*. 251: 104614.
- Mekuriaw, S. and Haile, A. (2014). Genetic parameter estimates for growth and reproductive trait of sheep for genetic improvement and designing breeding program in Ethiopia: A Review. *OALib*. 01: 1–10.
- Pallotti, S., Wang, J., Tang, P., Antonini, M., Lou, Y., Pieramati, C., et al. (2018). Variability of fibre quality on Chinese Alashan Left Banner White Cashmere goat. *Italian Journal of Animal Science*. 17: 53–56.
- Restall, B. J., and Pattie, W. A. (1989). The inheritance of cashmere in Australian goats. 1. Characteristics of the base population and the effects of environmental factors. *Livestock Production Science*. 21(2): 157–172.
- Rojas de Oliveira, H., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira M.A., Veroneze, R., Duarte, M.d.S. et al. (2018). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science*. 58: 1575-1583.
- Rose, M., Young, R. A. and Eady, S. J. (1992). Phenotypic and genetic parameters for production characters of cashmere goats in south west queenland. *Proceedings of the Australian Society of Animal Production*. 19: 266-268.
- Safari, E., Fogarty, N. M. and Gilmour, A. R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and