

متاآنالیز (فرا تحلیل) پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان ایرانی

• ساراعباسی موسی^۱، شیداورکوهی^{۲*}، ساحره جوزی^۳، نادر سالاری^۴، مجید خان سفید^۵

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه.

۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه.

۳- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهر قدس

۴- دانشیار، دانشکده پرستاری و مامایی، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه

۵- محقق، بخش تحقیقات وزارت کشاورزی استرالیا در ایالت ویکتوریا، ویکتوریا، استرالیا

تاریخ دریافت: اسفند ۱۳۹۹ تاریخ پذیرش: مرداد ۱۴۰۰

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۸۳۳۸۳۲۴۲۰۲

Email: s.varkoohi@gmail.com

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/ASJ.2021.353874.2138

چکیده

متاآنالیز (فرا تحلیل) پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان ایرانی با تجمیع نتایج ۸۰ مقاله منتشر شده در زمینه برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد (وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یکسالگی) بین سال‌های ۱۳۷۵ تا ۱۳۹۹، انجام شد. پارامترهای مورد بررسی شامل مقادیر وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در سنین مختلف بود. تجزیه داده‌ها با استفاده از بسته نرم‌افزاری Comprehensive Meta-Analysis (Version2) و به کمک مدل اثرات تصادفی انجام شد. میانگین وزنی وراثت‌پذیری با روش متاآنالیز برای صفات رشد در محدوده ۰/۱۹۶ (وزن تولد) و ۰/۲۲۶ (وزن یکسالگی) برآورد شد، میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی به ترتیب در محدوده ۰/۳۱۸ تا ۰/۹۱۵ و ۰/۲۲۱ تا ۰/۷۶۹ قرار داشت. نتایج حاصل از متاآنالیز نشان داد که حدود اطمینان ۹۵ درصدی و دامنه تغییرات ذکر شده در مقالات برای همه پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی بطور قابل توجهی کاهش یافته است. همچنین مقایسه خطای استاندارد متاآنالیز با دامنه خطای استاندارد مطالعات مختلف نشان داد که تجمیع نتایج و بدنبال آن افزایش حجم نمونه، باعث کاهش شدید خطای استاندارد همه پارامترهای ژنتیکی در صفات مورد بررسی می‌شود، لذا مقایسه نتایج متاآنالیز در این مطالعه با نتایج مطالعات انفرادی نشان داد که تجمیع نتایج مطالعات و تجزیه مجدد آنها باعث افزایش صحت نتایج حاصله می‌گردد، بنابراین با اطمینان بیشتری می‌توان نتایج مطالعات متاآنالیز را در مقایسه با نتایج مطالعات انفرادی، در برنامه‌های اصلاح نژادی استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: فرا تحلیل، صفات رشد، وراثت‌پذیری، همبستگی، گوسفند.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 133 pp: 157-166

Meta-analysis of genetic parameters for growth traits in Iranian sheep

By: Sara Abasi Mousa¹, Sheida Varkoochi^{2*}, Sahereh Joezy³, Nader Salary⁴, Majid Khansefid⁵

1: Master student, Department of Animal Science, College of Agriculture & Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran

2*: Assistant Professor, Department of Animal Science, College of Agriculture & Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran (s.varkoochi@gmail.com).

3: Associate Professor, Department of Animal Science, Islamic Azad University, Shahre-Qods Branch, Iran

4: Associate Professor, School of Nursing and Midwifery, Kermanshah University of Medical Science, Iran

5: Research Scientist, Agriculture Victoria Research Division, Victoria, Australia

Received: August 2021

Accepted: March 2021

Meta-analysis of genetic parameters for growth traits in Iranian sheep was performed by aggregating the reported genetic parameters of growth traits (birth weight, weaning weight, six months weight, nine months weight and yearling weight) in 80 papers published between 1996 and 2020. The studied parameters consisted of heritability values as well as genetic and phenotypic correlations between growth traits at different ages. Data analysis was performed in Comprehensive Meta-Analysis (Version2) software package using random effects model. The weighted average of heritability for growth traits was estimated in the range of 0.196 (birth weight) to 0.226 (yearling weight) and the weighted averages of genetic and phenotypic correlations were in the range of 0.318-0.915 and 0.221-0.769, respectively. Comparison of 95% confidence interval for genetic parameters obtained from meta-analyses with those mentioned in articles showed that aggregation of the results of different studies had significantly reduced the confidence interval ranges. Moreover, comparison of standard error of parameters in meta-analyses with those in different studies showed that the aggregation of results and subsequent increase in sample size reduced the standard errors of the genetic parameters. Therefore, comparing the results of meta-analysis in this study with the estimated parameters in individual studies showed that aggregation of results decreased the standard error and increased the accuracy of estimated parameters. Consequently, the results of meta-analysis studies can be more reliable compared to the results of individual studies to be used in breeding programs.

Key words: Meta-analysis, Growth traits, Heritability, Correlation, Sheep.

مقدمه

صفات مهم اقتصادی دارد (Haile و Mekuriaw، ۲۰۱۴؛ Ayalew و همکاران، ۲۰۱۷). وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی بین صفات از مهمترین پارامترهای ژنتیکی هستند که در انتخاب و ارزیابی ژنتیکی حیوانات بصورت گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (Safari و همکاران، ۲۰۰۵). مطالعات متعددی، پارامترهای ژنتیکی صفات رشد را برای نژادهای مختلف گوسفندان ایرانی مورد بررسی قرار داده‌اند (بهمرام و همکاران، ۱۳۹۸؛ پتی‌آبادی و همکاران، ۱۳۹۶؛ جسوری و

صفات مرتبط با وزن بدن در دامهای سبک (گوسفند و بز) در زمره‌ی مهمترین صفات اقتصادی در پرورش این نوع دام‌ها می‌باشند. یکی از راه‌های بهبود میانگین صفات رشد انتخاب و اصلاح نژاد است. وجود برنامه‌های مدون اصلاح نژادی از مهمترین راه‌های افزایش توان و کارآیی دام برای صفات اقتصادی است. طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی مناسب فرصتی را برای افزایش راندمان تولید از منابع حیوانی موجود فراهم می‌کند. توسعه برنامه‌های ژنتیکی نیز نیاز به ارزیابی و بهبود پارامترهای ژنتیکی برای

همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین وزن تولد و وزن پس از شیرگیری یکسان و در دامنه ۰/۰۷ تا ۰/۳۲ بود. وطن‌خواه و همکاران (۱۳۸۴) در مطالعه بررسی برخی صفات رشد در گوسفندان ایرانی، از مقالات منتشر شده طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۳ استفاده کردند و مقادیر وراثت‌پذیری را به ترتیب برای وزن های تولد، شیرگیری، شش ماهگی و دوازده ماهگی به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۱۶، ۰/۱۹ و ۰/۲۵ گزارش کردند. Mekuriaw و Haile (۲۰۱۴) با متاآنالیز پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان اتیوپی، میانگین وزنی وراثت‌پذیری مستقیم را برای وزن تولد در گوسفندان نژاد Afar بین ۰/۱۳ تا ۰/۳۸، گوسفندان نژاد BHS بین ۰/۲۰ تا ۰/۵۸، گوسفندان نژاد Horro بین ۰/۱۸ تا ۰/۳۲ و در گوسفندان نژاد Menz، ۰/۴۶ برآورد کردند. همچنین میانگین وزنی وراثت‌پذیری مستقیم را برای وزن شیرگیری در گوسفندان نژاد Afar بین ۰/۱۱ تا ۰/۳۷، گوسفندان نژاد BHS بین صفر تا ۰/۲۹، گوسفندان نژاد Horro بین ۰/۱۰ تا ۰/۲۶ و در گوسفندان نژاد Menz، ۰/۴۸ گزارش کردند. جوادمنش و همکاران (۱۳۹۸) با متاآنالیز پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان بلوچی با استفاده از اطلاعات ۲۶ مطالعه، مقادیر میانگین وزنی وراثت‌پذیری برای صفت وزن از شیرگیری را در دامنه ۰/۱۰۲ تا ۰/۱۸۵ برآورد کردند و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات وزن از شیرگیری با وزن‌های تولد، شش ماهگی و دوازده ماهگی را به ترتیب ۰/۵۷۹، ۰/۸۳۳، ۰/۷۳۳؛ ۰/۳۴۶، ۰/۶۹۳ و ۰/۵۵۸ گزارش کردند.

مطالعات مروری صورت گرفته بر روی صفات وزن بدن در گوسفندان ایرانی بسیار محدود می‌باشند. از طرفی مرور سیستماتیک و متاآنالیز جامعی برای بررسی پارامترهای ژنتیکی گوسفندان ایرانی صورت نگرفته است. با توجه به اهمیت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند، هدف از مطالعه حاضر استفاده از روش مرور سیستماتیک و متاآنالیز برای برآورد میانگین وزنی پارامترهای ژنتیکی (وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی) صفات رشد (وزن تولد، وزن شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یکسالگی) در گوسفندان ایرانی از طریق تجمیع نتایج مطالعات انجام شده است.

همکاران، ۱۳۹۳؛ ساقی و همکاران، ۱۳۹۴؛ لطیفی و همکاران، ۱۳۹۳ و وطن‌خواه و همکاران، (۱۳۸۴).

نیاز به جمع‌بندی نتایج پژوهش‌های صورت گرفته بر یک موضوع مشخص، از گذشته مورد توجه محققان بوده است. یکی از جدیدترین روش‌های جمع‌بندی نتایج مطالعات استفاده از روش متاآنالیز (فراتحلیل) است. متاآنالیز روش آماری خاصی برای ترکیب نتایج مطالعات مستقل برای رسیدن به ارتباط دقیق بین متغیرهای مورد بررسی است، نتایجی که ممکن است در مطالعات کوچکتر کشف نشود. با استفاده از متاآنالیز ده‌ها مطالعه کوچک قابل حصول خواهد بود. استفاده مناسب از روش متاآنالیز در مطالعات مربوط به دام، از تکرار کارهای غیرضروری ممانعت کرده و از دیدگاه کاهش هزینه و زمان، می‌تواند مفید واقع شود (Hooijmans و همکاران، ۲۰۱۴). در زمینه ژنتیک، متاآنالیز با ترکیب نتایج مطالعات مشابه که به صورت مستقل انجام شده‌اند، به بررسی منابع ناهمگنی‌ها و زیرگروه‌ها و شناسایی عوامل مرتبط می‌پردازد. برای ترکیب پارامترهای ژنتیکی برآورد شده، روش‌های مختلفی پیشنهاد شده است، از جمله ارائه خلاصه نتایج به صورت دامنه تغییرات پارامترها (Cammack و همکاران، ۲۰۰۹)، روش غیروزی (Utrera و Van Vleck، ۲۰۰۴)، روش وزنی (Safari و همکاران، ۲۰۰۵) و ترکیب دو روش غیروزی و وزنی (Koots و همکاران، ۱۹۹۶).

Safari و همکاران (۲۰۰۵) با متاآنالیز پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی گوسفندان دنیا طی سالهای ۱۹۹۲ - ۲۰۰۳ در ۱۶۵ مطالعه به این نتیجه رسیدند که وراثت‌پذیری وزن تولد و وزن شیرگیری مشابه و در دامنه ۰/۱۵ تا ۰/۴۱ بود و وراثت‌پذیری با افزایش سن برای وزن بعد از شیرگیری و وزن بلوغ افزایش یافت. در مطالعه دیگری Fogarty (۱۹۹۵) با متاآنالیز صفات رشد در گوسفندان دنیا طی سالهای ۱۹۷۲ تا ۱۹۹۴، به این نتیجه رسیدند که وراثت‌پذیری وزن زنده با افزایش سن، از تولد تا شیرگیری و پس از شیرگیری افزایش می‌یابد، همچنین مقادیر میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب ۰/۳۹ و ۰/۳۰ گزارش شد، درحالی‌که

مواد و روش‌ها

مطالعه اخیر برای تعیین میانگین وزنی پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان ایرانی با روش مرور سیستماتیک و متاآنالیز انجام شد. پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز صفات رشد در گوسفندان ایرانی، از ۸۰ مقاله استخراج شد. پارامترها شامل وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد (وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یکسالگی) می‌باشند.

استراتژی جستجو و انتخاب مقالات

در این مطالعه برای جمع‌آوری داده‌ها از پایگاه‌های بین‌المللی و فارسی Google scholar, Scopus, Web of science, Magiran, Irandoc, PubMed, Science direct, SID استفاده گردید. فرایند جستجو در پایگاه‌های ذکر شده با استفاده از کلید واژه‌های: ژنتیک، فنوتیپ، اثرات محیطی، وراثت-پذیری، تکرارپذیری، صفات رشد، وزن بدن و گوسفند و ترکیب احتمالی آن‌ها در پایگاه‌های بین‌المللی و فارسی انجام شد. به منظور به حداکثر رساندن جامعیت جستجو، فهرست منابع مورد استفاده در تمامی مقالات مرتبطی که در جستجوی فوق یافت شده بودند، به شکل دستی مورد بررسی قرار گرفت. در ابتدا مطالعاتی که در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف مورد جستجو، تکرار شده بودند از این مطالعه حذف شدند. فهرستی از عناوین تمام مقالات باقیمانده تهیه شد، که از طریق ارزیابی مقالات این فهرست، به مقالات واجد شرایط دست‌یابیم. در مرحله اول یعنی غربالگری، عنوان و چکیده مقالات باقی‌مانده به دقت مورد مطالعه قرار گرفت و بر اساس معیارهای ورود و خروج، مقالات غیرمرتبط حذف شدند. در مرحله دوم یعنی ارزیابی شایستگی مطالعات، متن کامل مقالات مرتبط احتمالی باقیمانده از مرحله غربالگری، بر اساس معیارهای ورود و خروج مورد بررسی قرار گرفت. در این مرحله نیز مطالعات غیرمرتبط حذف شدند. تعداد ۸۰ مطالعه وارد مرحله سوم (مرحله ارزیابی کیفی) شدند.

معیارهای ورود و خروج

معیار ورود مقالات به مطالعه (۱): مطالعات cross sectional،

(۲) population based study، (۳) مطالعاتی که پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند را بررسی نموده‌اند، (۴) مطالعاتی که از نوع مشاهده‌ای بودند (مطالعات غیرمداخله‌ای)، (۵) مطالعات با زبان فارسی و (۶) مطالعات با زبان و یا چکیده انگلیسی و معیارهای خروج از مطالعه شامل، (۱) مطالعات کیس کنترل، (۲) کیس ریپورت، (۳) مطالعات مداخله‌ای، (۴) letter to editor، (۵) مطالعاتی که متن کامل آن‌ها در دسترس نیست، (۶) مطالعات غیرمرتبط با موضوع، (۷) مطالعات فاقد داده‌های کافی، (۸) تکراری بودن مطالعات و (۹) مطالعات مروری سیستماتیک و متاآنالیز بودند.

ارزیابی کیفی

به منظور اعتبارسنجی و ارزیابی کیفی مقالات (یعنی روایی متدولوژی و نتایج) از چک لیستی متناسب با نوع مطالعه استفاده شد. برای نقد و ارزیابی کیفی مطالعات مشاهده‌ای نظیر مطالعه حاضر معمولاً از چک لیست STROBE استفاده می‌شود. چک لیست STROBE مشتمل بر شش مقیاس کلی شامل: عنوان، چکیده، مقدمه، روش‌ها، نتایج و بحث است. اطلاعات مربوط به تمام مقالات نهایی وارد شده به فرآیند مرور سیستماتیک و متاآنالیز توسط یک چک لیست از قبل تهیه شده، استخراج شد. چک لیست شامل: عنوان مقاله، نام نویسنده اول، سال انتشار، محل مطالعه، اسم نویسنده اول، سال چاپ، محل انجام مطالعه، میانگین وزنی، ضریب همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی، وراثت‌پذیری مستقیم، وراثت‌پذیری مادری، واریانس‌های ژنتیکی، فنوتیپی، ضریب تغییرات و خطای استاندارد^۱ بود.

آنالیز آماری

داده‌های استخراج شده شامل وراثت‌پذیریهای مستقیم و ضرایب همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بودند، که از مقالات مختلف مربوط به سالهای ۱۳۷۵ تا ۱۳۹۹ جمع‌آوری شدند. برای آماده‌سازی داده‌ها، از نرم‌افزار Excel استفاده شد. برآورد میانگین وزنی پارامترهای ژنتیکی، با استفاده از بسته نرم افزار Comprehensive Meta-Analysis (Version 2) در دامنه

¹ Standard Error

وزن تولد. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری وزن تولد با روش متاآنالیز ۰/۱۹۶ برآورد شد (جدول ۱). کم بودن مقدار وراثت پذیری وزن تولد می‌تواند به دلیل وجود اثرات مادری باشد. در اکثر موارد نتایج ذکر شده در مورد وراثت پذیری وزن تولد در مقالات مورد بررسی در حدود اطمینان ۹۵ درصدی بدست آمده در روش متاآنالیز قرار داشت (Fogarty، ۱۹۹۵؛ Safari و همکاران، ۲۰۰۵؛ وطن‌خواه و همکاران، ۱۳۸۴ و جوادمنش و همکاران، ۱۳۹۸)، درحالی‌که در بعضی مطالعات مربوط به برآورد وراثت پذیری وزن تولد، مقادیر بسیار پایین (۰/۰۰۳ در نژاد کرمانی) و یا بسیار بالا (۰/۵۴ در نژاد مغانی) گزارش شده است که این مقادیر خارج از حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز می‌باشند (مرادی شهربابک و همکاران، ۱۳۹۳).

وزن شیرگیری. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری وزن شیرگیری با روش متاآنالیز ۰/۲۱۱ برآورد شد (جدول ۱). وراثت پذیری وزن شیرگیری در مطالعات مختلف در دامنه ۰/۰۰۲ در نژاد مغانی تا ۰/۶۷ در نژاد شال قرار داشت (لوف و همکاران، ۱۳۹۳؛ پتی آبادی و همکاران، ۱۳۹۶)، که این مقادیر خارج از حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز می‌باشند ولی در بعضی از مطالعات، وراثت پذیری وزن شیرگیری در حدود اطمینان ۹۵ درصدی بدست آمده در روش متاآنالیز قرار داشت (Fogarty و همکاران، ۱۹۹۵؛ Safari و همکاران، ۲۰۰۵؛ وطن‌خواه و همکاران، ۱۳۸۴؛ جوادمنش و همکاران، ۱۳۹۸ و Ghobakhloo و همکاران، ۲۰۱۸).

وزن ۶ ماهگی. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری وزن ۶ ماهگی با روش متاآنالیز ۰/۲۱۳ برآورد شد (جدول ۱). در بعضی از مطالعات مقادیر بسیار پایین (۰/۰۰۵ در نژاد مغانی) و یا بسیار بالا (۰/۶۲ در نژاد مهربان) برای این صفت گزارش شده است (لوف و همکاران، ۱۳۹۳؛ اسلامی هنر و همکاران، ۱۳۸۷)، که این مقادیر خارج از حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز می‌باشند. در اکثر موارد نتایج ذکر شده در مورد وراثت پذیری وزن ۶ ماهگی در

اطمینان ۹۵ درصد انجام است. در مطالعه اخیر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی از روش میانگین وزنی ارائه شده توسط Koots و همکاران (۱۹۹۶) استفاده شد. برای محاسبه میانگین وزنی وراثت‌پذیری‌ها از روش زیر برای ادغام برآوردهای ذکر شده در مقالات، استفاده گردید:

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

در فرمول فوق: y = تعداد مطالعات، pi = وراثت‌پذیری مستقیم، $SEpi$ = خطای استاندارد.

متاآنالیز پارامترهای ژنتیکی استخراج شده از مقالات شامل وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی توسط بسته نرم افزاری (CAM (Version2)، انجام شد. میزان همگنی و ناهمگنی با استفاده از شاخص I^2 که مقدار آن بین صفر تا ۱۰۰ درصد متغیر است تعیین شد. اگر شاخص I^2 بین صفر تا ۲۵ درصد باشد، میزان ناهمگنی بسیار کم، بین ۲۵ تا ۵۰ درصد میزان ناهمگنی کم، بین ۵۰ تا ۷۵ درصد میزان ناهمگنی متوسط و بیشتر از ۷۵ درصد میزان ناهمگنی بالاست (Rojas و همکاران، ۲۰۱۸). در مطالعه حاضر، مقادیر شاخص I^2 در تمام موارد بیشتر از ۹۹ درصد بوده است، زیرا میزان ناهمگنی صفات مورد بررسی در مقالات مورد استفاده زیاد بود، بنابراین امکان استفاده از روش اثرات ثابت برای انجام متاآنالیز وجود نداشت، و برای انجام آنالیزها از روش اثرات تصادفی^۲ استفاده شد. دامنه اطمینان برای تمام صفات مورد بررسی در سطح ۹۵ درصد می‌باشد.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری

مقادیر میانگین وزنی وراثت‌پذیری وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و دوازده ماهگی همراه با خطای استاندارد با دامنه اطمینان ۹۵ درصد در جدول ۱ گزارش شده است. میانگین وراثت‌پذیری صفات رشد به روش متاآنالیز در دامنه ۰/۱۹۶ تا ۰/۲۲۶ برآورد گردید که کمترین مقدار مربوط به وزن تولد و بیشترین مقدار مربوط به وزن یکسالگی می‌باشد.

² Random effect

رشد دام و کاهش اثرات ژنتیکی مادری باشد) Jurado و همکاران، ۱۹۹۴).

در مجموع وزن بدن در گوسفندان ایرانی، دارای وراثت پذیری متوسط به بالاست و انتخاب ژنتیکی صحیح می تواند منجر به بهبود عملکرد صفات رشد گردد، لذا مستلزم انتخاب حیوانات با شایستگی ژنتیکی مطلوب می باشد. همچنین مطالعه صورت گرفته مشهود بر این امر است که با افزایش سن مقادیر وراثت پذیری وزن بدن افزایش یافته است.

حدود اطمینان ۹۵ درصدی و خطای استاندارد وراثت پذیری صفات

مقایسه حدود اطمینان ۹۵ درصدی حاصل از نتایج متآنالیز و دامنه تغییرات ذکر شده در مقالات برای وراثت پذیری صفات مورد بررسی نشان داد که تجمیع نتایج مطالعات سبب کاهش قابل توجه در این محدوده شده است (جدول ۱). به عنوان مثال دامنه تغییرات وراثت پذیری مقالات در مورد صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب در دامنه ۰/۵۴-۰/۰۳ و ۰/۶۷-۰/۰۲ قرار داشت، در حالیکه پس از تجمیع نتایج توسط روش متآنالیز، حدود اطمینان ۹۵ درصدی برای وراثت پذیری این صفات به ترتیب به ۰/۱۵۸-۰/۲۳۲ و ۰/۱۸۷-۰/۲۳۴ کاهش یافت.

مقایسه خطای استاندارد متآنالیز صفات مورد نظر با دامنه خطای استاندارد مطالعات مختلف نشان داد که تجمیع نتایج و بدنبال آن افزایش حجم نمونه، باعث کاهش شدید خطای استاندارد برآورد وراثت پذیری در صفات مورد بررسی شده است (جدول ۱). کاهش خطای استاندارد باعث افزایش صحت برآورد نتایج می شود، لذا با اطمینان بیشتری می توان نتایج مطالعات متآنالیز را در مقایسه با نتایج مطالعات رایج در برنامه های اصلاح نژادی استفاده نمود.

مقالات مورد بررسی در حدود اطمینان ۹۵ درصدی بدست آمده در روش متآنالیز قرار داشت (توسط Fogarty و همکاران، ۱۹۹۵؛ Safari و همکاران، ۲۰۰۵؛ وطن خواه و همکاران، ۱۳۸۴ و Ghobakhloo و همکاران، ۲۰۱۸).

وزن ۹ ماهگی. مقدار میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری وزن ۹ ماهگی با روش متآنالیز ۰/۲۲۵ برآورد شد (جدول ۱)، که در دامنه ۰/۰۶ در نژاد مغانی و ۰/۹ در نژاد ایرانبلیک قرار داشت (مرادی شهربابک و همکاران، ۱۳۹۳؛ Kamjoo و همکاران، ۲۰۱۴). در بعضی مطالعات نتایج مشابهی از وراثت پذیری این صفت گزارش شده است (بیگی نصیری و همکاران، ۱۳۸۳؛ مرادی شهر بابک و همکاران، ۱۳۹۳ و کارگر و همکاران، ۱۳۸۵).

وزن یکسالگی. میانگین وزنی وراثت پذیری وزن یکسالگی با روش متآنالیز ۰/۲۲۶ برآورد شد (جدول ۱). دامنه وراثت پذیری گزارش شده برای صفت وزن یکسالگی در پژوهش های مختلف در دامنه ۰/۲۶ در نژاد بلوچی تا ۰/۷۳ در نژاد شال قرار دارد (اسکندری نسب و همکاران، ۱۳۸۱؛ پتی آبادی و همکاران، ۱۳۹۶). وطن خواه و همکاران (۱۳۸۴) مقادیر میانگین وزنی وراثت پذیری وزن یکسالگی بعضی از گوسفندان ایرانی را با روش متآنالیز ۰/۲۵ گزارش کردند، که با نتایج مطالعه اخیر مطابقت دارد، در حالیکه جوادمنش و همکاران (۱۳۹۸) مقادیر میانگین وزنی وراثت پذیری وزن یکسالگی گوسفندان نژاد بلوچی را ۰/۱۸۵ برآورد کردند که با نتایج تحقیق اخیر مطابقت ندارد. افزایش مقادیر میانگین وزنی وراثت پذیری در سن یکسالگی می تواند به دلیل افزایش بروز تاثیر ژن های با اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم بر

جدول ۱. مقادیر میانگین وزنی وراثت پذیری صفات رشد

صفات	تعداد	وراثت پذیری	خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	دامنه h^2 مقالات	دامنه SE مقالات
وزن تولد	۷۳	۰/۱۹۶	۰/۰۰۱۹	۰/۱۵۸ - ۰/۲۳۲	۰/۰۰۳ - ۰/۵۴	۰/۰۰۱ - ۰/۰۶
وزن شیرگیری	۷۴	۰/۲۱۱	۰/۰۰۰۴	۰/۱۸۷ - ۰/۲۳۴	۰/۰۰۲ - ۰/۶۷	۰/۰۰۱ - ۰/۵۲
وزن ۶ ماهگی	۷۲	۰/۲۱۳	۰/۰۰۰۵	۰/۱۸۸ - ۰/۲۳۸	۰/۰۰۵ - ۰/۶۲	۰/۰۰۱ - ۰/۰۸
وزن ۹ ماهگی	۵۵	۰/۲۲۵	۰/۰۰۰۸	۰/۱۸۹ - ۰/۲۶۰	۰/۰۰۶ - ۰/۹	۰/۰۰۱ - ۰/۱۵۶
وزن یکسالگی	۵۴	۰/۲۲۶	۰/۰۰۱۷	۰/۱۸۳ - ۰/۲۶۸	۰/۲۶ - ۰/۷۳	۰/۰۰۱ - ۰/۰۹

همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد

میانگین وزنی همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در جداول ۲ و ۳ گزارش شده است. در بین مقادیر محاسبه شده برای همبستگی های ژنتیکی صفات، بالاترین میانگین وزنی همبستگی ها به ترتیب مربوط به وزن ۶ ماهگی و ۹ ماهگی (۰/۹۱۵)، وزن ۹ ماهگی و یکسالگی (۰/۸۵۲) و وزن شیرگیری و ۶ ماهگی (۰/۸۳۹) بود و کمترین همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و وزن یکسالگی (۰/۳۱۸) بود (جدول ۲). همچنین بالاترین میزان میانگین وزنی همبستگی فنوتیپی بین صفات وزن ۹ ماهگی و یکسالگی (۰/۷۶۹) و وزن ۶ ماهگی و ۹ ماهگی (۰/۷۴۲)، و کمترین آن بین وزن تولد و وزن یکسالگی (۰/۲۲۱) برآورد شد (جدول ۳) که در راستای نتایج مطالعه Safari و همکاران (۲۰۰۵) می باشد. مقادیر همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد با افزایش فاصله سنی روند کاهشی دارد، همچنین مقدار همبستگی بین میانگین وزنی صفات نزدیک به هم بیشتر است، که این امر تا حدودی ناشی از مشابه بودن شرایط فیزیولوژی حیوانات در دوره های سنی نزدیک به هم می باشد.

با توجه به حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز در مورد همبستگی بین صفات و مقایسه آن با محدوده همبستگی های ذکر شده در

مقالات، مشخص شد که حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز محدودتر است. در بعضی از مطالعات، مقادیر بالا یا پایینی برای همبستگی ها گزارش شده است که این نتایج خارج از حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز بود (لوف و همکاران، ۱۳۹۳؛ مرادی شهربابک و همکاران ۱۳۹۳) و می تواند در نتایج مطالعات با تعداد اندک، اریبی ایجاد نماید. به عنوان مثال در مورد همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و وزن شیرگیری، حدود اطمینان ۹۵ درصدی متاآنالیز از ۰/۵۹۷-۰/۴۳۳ بود، درحالیکه دامنه تغییرات همبستگی در مقالات مختلف بین ۰/۳- تا ۰/۹۷ بود. در نتیجه با توجه به موارد ذکر شده و با توجه به پایین بودن خطای استاندارد همبستگی ها در روش متاآنالیز، می توان از این نتایج در برنامه های اصلاحی گوسفند استفاده نمود.

نتایج نشان می دهد مقادیر همبستگی ژنتیکی بین صفات از مقدار همبستگی فنوتیپی بیشتر است. احتمالاً این امر به دلیل همبستگی محیطی و تاثیر عوامل محیطی است. به همین دلیل توصیه می شود که انتخاب بر اساس همبستگی ژنتیکی صورت گیرد (اسکندری نسب و همکاران، ۱۳۸۱؛ Snyman و همکاران ۱۹۹۸).

جدول ۲. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی صفات رشد

دامنه همبستگی مقالات	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	خطای استنادار	همبستگی ژنتیکی	تعداد	صفت دوم	صفت اول
-۰/۳ - ۰/۹۷	۰/۴۳۳ - ۰/۵۹۷	۰/۰۰۵	۰/۵۲۰	۴۴	وزن شیرگیری	
-۰/۱۰ - ۰/۹۷	۰/۳۳۸ - ۰/۵۴۷	۰/۰۰۶	۰/۴۹۹	۴۱	وزن ۶ ماهگی	
-۰/۵۷ - ۰/۹۵۵	۰/۲۲۷ - ۰/۵۴۴	۰/۰۱۲	۰/۳۹۷	۳۰	وزن ۹ ماهگی	وزن تولد
-۰/۰۰۲ - ۰/۹۷۵	۰/۲۹۱ - ۰/۵۳۷	۰/۰۰۶	۰/۳۱۸	۳۳	وزن یکسالگی	
-۰/۱۲ - ۰/۹۹	۰/۷۸۳ - ۰/۸۸۲	۰/۰۱۶	۰/۸۳۹	۴۱	وزن ۶ ماهگی	
-۰/۴۵ - ۰/۹۹	۰/۶۴۲ - ۰/۸۳۳	۰/۰۲۱	۰/۷۵۳	۳۰	وزن ۹ ماهگی	وزن شیرگیری
-۰/۱۶ - ۰/۹۴	۰/۶۳۷ - ۰/۷۶۱	۰/۰۰۶	۰/۷۰۴	۳۴	وزن یکسالگی	
-۰/۸ - ۰/۹۹	۰/۸۷۶ - ۰/۹۴۳	۰/۰۲۲	۰/۹۱۵	۳۲	وزن ۹ ماهگی	
-۰/۰۳ - ۰/۹۸	۰/۷۲۵ - ۰/۸۴۶	۰/۰۱۱	۰/۷۹۳	۳۴	وزن یکسالگی	وزن ۶ ماهگی
-۰/۰۹ - ۰/۹۹	۰/۷۸۰ - ۰/۹۰۲	۰/۰۱۷	۰/۸۵۲	۳۱	وزن یکسالگی	وزن ۹ ماهگی

جدول ۳. میانگین وزنی همبستگی فنوتیپی بین صفات رشد

دامنه همبستگی مقالات	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	خطای استنادار	همبستگی فنوتیپی	تعداد	صفت دوم	صفت اول
۰/۰۹ - ۰/۸۹	۰/۱۹۰ - ۰/۳۲۳	۰/۰۰۲	۰/۲۵۸	۴۵	وزن شیرگیری	
-۰/۴۷ - ۰/۴۵	۰/۱۵۹ - ۰/۲۸۱	۰/۰۰۱	۰/۲۴۳	۴۱	وزن ۶ ماهگی	
-۰/۵۳ - ۰/۸۳	۰/۱۸۰ - ۰/۲۶۶	۰/۰۰۵	۰/۲۲۳	۳۰	وزن ۹ ماهگی	وزن تولد
-۰/۹۱ - ۰/۰۰۶	۰/۱۸۳ - ۰/۳۰۲	۰/۰۰۱	۰/۲۲۱	۳۵	وزن یکسالگی	
-۰/۰۴۳ - ۰/۸۱	۰/۵۷۵ - ۰/۷۱۶	۰/۰۰۵	۰/۶۵۱	۴۱	وزن ۶ ماهگی	
-۰/۱۱ - ۰/۸۲	۰/۵۰۵ - ۰/۶۴۷	۰/۰۰۳	۰/۵۸۱	۳۰	وزن ۹ ماهگی	وزن شیرگیری
۰/۰۷ - ۰/۸۲	۰/۴۳۵ - ۰/۵۶۳	۰/۰۲۲	۰/۵۰۲	۳۴	وزن یکسالگی	
-۰/۱۷ - ۰/۸۹	۰/۶۵۷ - ۰/۸۰۸	۰/۰۱۱	۰/۷۴۲	۳۲	وزن ۹ ماهگی	
۰/۰۰۵ - ۰/۸۶	۰/۶۹۶ - ۰/۵۳۲	۰/۰۰۸	۰/۶۲۱	۳۳	وزن یکسالگی	وزن ۶ ماهگی
۰/۰۷۸ - ۰/۹	۰/۶۸۲ - ۰/۸۳۴	۰/۰۱۳	۰/۷۶۹	۳۰	وزن یکسالگی	وزن ۹ ماهگی

نتیجه گیری

برای طراحی برنامه‌های کاربردی اصلاح نژاد دام، تخمین پارامترهای ژنتیکی با صحت بالا ضروری است، که از طریق جمع‌آوری داده‌های مناسب و کافی از جمعیت‌های موجود، محاسبه می‌گردد. نتایج حاصل از متاآنالیز که حاصل جمع‌آوری نتایج مطالعات مشابه است، با افزایش حجم نمونه باعث کاهش دامنه تخمین‌ها و کاهش خطای استاندارد برآورد پارامترها می‌شود. در نتیجه استفاده از نتایج مطالعات متاآنالیز می‌تواند برآورد جامعی از پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اقتصادی گوسفندان در کشور را ارائه دهد. بنابراین روش متاآنالیز با جمع‌آوری کلیه داده‌های موجود، در نگاه کلان به برنامه‌های اصلاح نژاد و در نتیجه بهبود پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی می‌شود. همچنین استفاده از این روش برای جمعیت‌های با رکورد نامناسب و یا بدون رکورد مناسب می‌باشد.

منابع

اسکندری نسب، م. پ.، سلیمانی ایزدی، م. و واعظ ترشیزی، ر. (۱۳۸۱). برآورد پارامترهای ژنتیکی اوزان بدن در گوسفند بلوچی: مولفه‌های واریانس و پارامترهای تجزیه یک صفتی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. شماره ۲، ص ص. ۱۶۹-۱۷۸.

اسلامی هنر، م. م. (۱۳۸۷). برآورد پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در گوسفند مهربان. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی علوم دامی. کردستان. ایران. ص. ۵۵.

بهمرام، ر. و راشدی ده‌صحرايي، آ. (۱۳۹۸). پیش‌بینی مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و فنوتیپی صفات وزن بدن در گوسفند مغانی با روش نمونه‌گیری گیسس. پژوهش‌های تولیدات دامی. شماره ۲۴، ص ص. ۱۳۶-۱۲۷.

پتی‌آبادی، ز.، ساور سفلی، س. و ورکوهی، ش. (۱۳۹۶). برآورد مولفه‌های واریانس - کوواریانس صفات رشد گوسفندان نژاد شال با استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف. پژوهش‌های تولیدات دامی. شماره ۱۷، ص ص. ۱۵۶-۱۴۹.

جسوری، م.، علیجانی، ص.، طالبی، ر. و حسن زاده، آ. (۱۳۹۳). اثر عوامل مادری بر برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند قزل با استفاده از روش بیزی مبتنی بر روش نمونه‌گیری گیسس. نشریه پژوهش‌های علوم دامی. شماره ۱، ص ص. ۵۴-۵۴.

جوادمنش، ع.، قباخلو، ف. و حمدالاحمد، ع. ا. (۱۳۹۸). فراتحلیل وراثت‌پذیری صفت وزن از شیرگیری در گوسفند بلوچی. مجموعه مقالات پنجمین کنفرانس ملی مدیریت پرورش دام، طیور و آبزیان. دانشگاه شهید باهنر کرمان. ص. ۱.

ساقی، د. ع. و شهدادی، ع. ر. (۱۳۹۴). تجزیه و تحلیل ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در بره‌های کردی استان خراسان شمالی. مجله تحقیقات دام و طیور. شماره ۱، ص ص. ۴۳-۵۱.

شهدادی، ع. و ساقی، د. ع. (۱۳۹۶). برآورد مولفه‌های واریانس و روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات وزن بدن در گوسفند کردی. پژوهش و سازندگی. شماره ۱۱۴، ص ص. ۱۹۴-۱۸۳.

کارگر، ن.، مرادی شهربابک، م.، مروج، ح. و رکوعی، م. (۱۳۸۵). تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و پشم در گوسفند کرمانی. پژوهش و سازندگی. شماره ۷۳، ص ص. ۹۵-۸۸.

لطیفی، م.، علیجانی، ص.، تقی‌زاده، الف. و مقدم، غ. (۱۳۹۳). تخمین پارامترهای ژنتیکی برای وزن بدن در سنین مختلف گوسفند مهربان. فصلنامه پژوهش‌های علوم دامی. شماره ۲، ص ص. ۱-۱۰.

لوف، الف.، همتی، ب. و فرهوش، ط. (۱۳۹۳). برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد مغانی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان. شماره ۳، ص ص. ۱۸۱-۱۶۵.

مرادی شهربابک، ح.، خلت‌آبادی فراهانی، الف. ح. و محمدی، ح. (۱۳۹۳). مقایسه مدل‌های مختلف برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد با استفاده از آماره نسبت درست‌نمایی در گوسفندان نژاد کرمانی. نشریه پژوهش‌های علوم دامی. شماره ۳، ص ص. ۱۱-۱.

- sheep. *Journal of Applied Animal Research*. 42:79-88.
- 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(3): 1409-16.
- Mekuriaw, S., Haile, A. (2014). Genetic parameter estimates for growth and reproductive trait of sheep for genetic improvement and designing program in Ethiopia: a review. *Open Access Library Journal*. 1:1-10.
- 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.
- Safari, E., Fogarty, N.M. and Gilmour, A.R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92: 271-289.
- Snyman, M.A., Cloeta, S.W. and Oliver, G.j. (1998). Genetic and phenotypic correlation of total weight of lamb weaned with body weight, clean fleece weight and mean fibre diameter in three South African Merino flocks. *Livestock Production Science*. 55:157-162.
- Utrera, A.R. and Van Vleck, L.D. (2004). Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genet Mol Res*. 3: 380-94.
- وطن خواه، م.، مرادی شهر بابک، م.، نجاتی جورامی، ا.، میرایی آشتیانی، س.ر. و واعظ ترشیزی، ر. (۱۳۸۴). بررسی پارامترهای صفات رشد برای برخی از نژادهای گوسفند ایرانی. پژوهش سازندگی. شماره ۶۹، صص ۲۸-۱۸.
- Ayalew, W., Aliy, M. and Negussie, E. (2017). Estimation of genetic parameters of the productive and reproductive traits in Ethiopian Holstein using multi-trait models. *Asian-Australas Journal of Animal Science*. 30: 1550-1556.
- Cammack, K., Thomas, M. and Enns, R. (2009). Review: Reproductive Traits and Their Heritabilities in Beef Cattle. *The Professional Animal Scientist*. 25.
- Fogarty, N., M. (1995). Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Animal Breeding Abstracts*. 63: 101.
- 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: 418-26.
- Jurado, J.J., Alonso, A. and Alenda, R. (1994). Selection response for growth in a Spanish Merino flock. *Journal of Animal Science*. 72: 1433-1440.
- Kamjoo, B., Baneh, H., Yousefi, V., Mandal, A. and Rahimi, G.h. (2014). Genetic parameter estimates for growth traits in Iran-Black