



## Using meta-analysis to estimate the genetic parameters of longevity traits in dairy cows

Farzaneh Shokri-Sangari<sup>1✉</sup>, Ali Sadeghi-Sefidmazgi<sup>2</sup>, Saeed Ansari Mahyari<sup>3</sup>

1. Corresponding author, Department of Animal Science, College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran. Email: [f.shokri@ag.iut.ac.ir](mailto:f.shokri@ag.iut.ac.ir)
2. Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran. Email: [sadeghism@ut.ac.ir](mailto:sadeghism@ut.ac.ir)
3. Department of Animal Science, College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran. Email: [s.ansari@iut.ac.ir](mailto:s.ansari@iut.ac.ir)

Article Info	ABSTRACT
<b>Article type:</b> Research Article	Designing effective breeding programs for dairy cattle relies on accurate estimates of genetic parameters for economically important traits. Extensive research over the years has explored genetic parameters associated with longevity in dairy cows. However, these estimates often come from studies using different cow populations, leading to significant variations in heritability and genetic correlations. Thus, this study aimed to conduct a meta-analysis based on a random-effects model to combine different published heritability estimates for longevity traits as well as their genetic correlations with milk production traits, type traits, days open (DO), and somatic cell score (SCS) in dairy cows. In total, 66 articles published between 1994 and 2023 were used in the present study. After gathering the articles and extracting the parameters, genetic parameters were estimated by meta-analysis method. pooled heritabilities for the productive life (PL), herd life (HL), Number of Lactation (NL), Stayability (ST), and Survival rate (SR) traits were 0.10, 0.08, 0.07, 0.10, and 0.04, respectively. Genetic correlations between most type and longevity traits were generally negative and low. The highest positive genetic correlation was found between the subjective score for type and ST (0.62). Genetic correlations between longevity (ST and SR) and SCS were -0.13 and -0.38, respectively. Genetic correlations between longevity (PL and HL) and DO were -0.54 and 0.40, respectively. Obtained results in the study can be useful to define animal breeding strategies to improve longevity in dairy cattle.
<b>Article history:</b> Received: 28 January 2024 Received in revised form: 2 June 2024 Accepted: 10 June 2024 Published online: Spring 2025	
<b>Keywords:</b> <i>Genetic correlation, Heritability, Holstein, production trait, type trait, Meta-analysis.</i>	

**Cite this article:** Shokri\_Sangari, F., Sadeghi-Sefidmazgi, A. & Ansari Mahyari, S. (2025). Using meta-analysis to estimate the genetic parameters of longevity traits in dairy cows. *Iranian Journal of Animal Science*, 56 (1), 121-137. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2024.371721.653996>



© The Author(s).

**Publisher:** The University of Tehran Press.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2024.371721.653996>

### Extended Abstract

#### Introduction

Longevity is a complex trait with economic importance. Longevity in dairy cows has various definitions and includes characteristics that refer to the length of time a cow stays in the herd as a breeder or its ability to stay in the herd. The main goal in selecting and improving lifespan is to reduce early culling or forced culling. The reasons and strategies for culling are very broad, therefore, selection for longevity involves the improvement of many other traits. Also, greater longevity has a positive impact on the environmental footprint of dairy industry, better health and welfare status of the animals. In designing multi-breed programs and predicting response to selection, estimating the genetic parameters of the traits is a fundamental step, therefore it is necessary to have a correct estimate of the genetic parameters that enables accurate breeding value prediction. With meta-analysis of related studies, the results obtained from independent researches are combined with each

other and heterogeneous sources are examined. Appropriate and correct use of meta-analysis method in animal studies can reduce the repetition of unnecessary work. The purpose of the present study is to combine the results of the parameter estimation of the studies conducted for longevity traits, using the meta-analysis method, and reach more accurate results.

### **Background and objectives**

Genetic parameter estimation in Holstein cows was done using the meta-analysis method to make estimates more accurate. To do this, we used information from 66 articles on genetic parameter estimation of longevity traits on Holstein dairy cows. Longevity traits were HL, NL, PL, ST and ST.

### **Materials and method**

Initially, estimates of heritability and genetic correlation were obtained from various articles. Subsequently, the collected data underwent preparation, and a meta-analytical model incorporating random effects was employed utilizing the Excel 2019 software. This approach aimed to estimate the weighted average of heritability, as well as genetic correlation while also determining the standard errors and 95% confidence interval for longevity traits.

### **Result**

The weighted averages of heritability for longevity traits in dairy cows were between 0.04 and 0.10. ST and PL had the highest (0.10) and SR had the lowest (0.04) heritability estimates among productive traits. Genetic correlations between most type traits and longevity traits were generally negative and low. The highest positive genetic correlation was found between the subjective score for type and ST (0.62). Genetic correlations between longevity traits (ST and SR) and SCS were -0.13 and -0.38, respectively. Genetic correlations between longevity traits (PL and HL) and DO were -0.54 and -0.40, respectively.

### **Conclusion**

The meta-analysis carried out in this study provided the possibility of providing consolidated estimates of the heritability of longevity traits and their genetic correlation with production traits, type traits, open days, and the somatic cell score in dairy cows. The obtained results showed that meta-analysis by combining the results of various studies and increasing the sample size reduces the standard error of the estimates, and thus increases the accuracy of genetic parameters estimation, except in cases where the number of studies conducted is small. The results of this meta-analysis study indicated the existence of favorable genetic correlations for durability traits with production traits, type traits, open days, and somatic cell score.

### ***Author Contributions***

Conceptualization, F.S.S. and A.S.S.; methodology, F.S.S. and A.S.S.; software, F.S.S.; validation, F.S.S., A.S.S. and S.A.M.; formal analysis, F.S.S.; investigation, F.S.S., A.S.S. and S.A.M.; resources, F.S.S.; data curation, F.S.S.; writing—original draft preparation, F.S.S.; writing—review and editing, F.S.S., A.S.S. and S.A.M.; visualization, A.S.S. and S.A.M.; supervision, F.S.S., A.S.S. and S.A.M.; project administration, F.S.S.; funding acquisition, A.S.S.

### ***Data Availability Statement***

Data available on request from the authors.

### ***Acknowledgement***

The authors would like to thank all participants of the present study.

### **Ethical considerations**

Not applicable.



## استفاده از فراتحلیل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات ماندگاری در گاوهای شیری

فرزانه شکری سنگری<sup>۱</sup> | علی صادقی سفیدمزیگی<sup>۲</sup> | سعید اصاری مهبیاری<sup>۳</sup>

۱. نویسنده مسئول، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران. رایانامه: [f.shokri@ag.iut.ac.ir](mailto:f.shokri@ag.iut.ac.ir)

۲. گروه علوم دامی، دانشکده‌گان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج ایران. رایانامه: [sadeghism@iut.ac.ir](mailto:sadeghism@iut.ac.ir)

۳. گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران. رایانامه: [s.ansari@iut.ac.ir](mailto:s.ansari@iut.ac.ir)

اطلاعات مقاله	چکیده
<p><b>نوع مقاله:</b></p> <p>مقاله پژوهشی</p> <p><b>تاریخ دریافت:</b> ۱۴۰۲/۱۱/۰۸</p> <p><b>تاریخ بازنگری:</b> ۱۴۰۳/۰۳/۱۳</p> <p><b>تاریخ پذیرش:</b> ۱۴۰۳/۰۳/۲۱</p> <p><b>تاریخ انتشار:</b> بهار ۱۴۰۴</p> <p><b>کلیدواژه‌ها:</b></p> <p>همبستگی ژنتیکی، وراثت‌پذیری، هلشتاین، صفات تولیدی، صفات تیپ، فراتحلیل.</p>	<p>در طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی، وجود برآوردهای صحیح از پارامترهای ژنتیکی ضروری است. ماندگاری یکی از صفات مهم اقتصادی در پرورش گاو شیری است. به طور کلی، توانایی گاو برای ماندن در گله و حذف نشدن، بدون توجه به دلیل آن، ماندگاری تعریف می‌شود. به طور جزئی‌تر میتوان ماندگاری را به صورت‌های دیگر از جمله: استقامت، بقاء، تعداد دوره شیردهی، طول عمر تولیدی و طول عمر گله تعریف کرد. طی سال‌های گذشته، برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات گوناگون ماندگاری در گاوهای شیری گزارش شده است. با این حال، این برآوردها از مطالعات بر اساس جمعیت‌های مختلف گاو شیری به دست آمده که منجر به تنوع قابل توجهی در بین برآوردهای وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی شده است؛ بنابراین، این مطالعه با هدف انجام یک فراتحلیل بر اساس یک مدل اثرات تصادفی برای ترکیب برآوردهای وراثت‌پذیری‌های منتشر شده برای صفات ماندگاری و همبستگی ژنتیکی آنها با صفات تولید شیر، تیپ، روزهای باز و امتیاز سلول‌های سوماتیک انجام شد. در مجموع، ۶۶ مقاله منتشر شده بین سال‌های ۱۹۸۴ تا ۲۰۲۳ در مطالعه حاضر مورد استفاده قرار گرفت. پس از جمع‌آوری مقالات و استخراج پارامترها از آنها، برآورد پارامترهای ژنتیکی با روش فراتحلیل در نرم افزار Excel 2019 انجام شد. بررسی مطالعات انجام شده ناهمگنی زیادی را نشان داد بنابراین امکان استفاده از مدل با اثر ثابت وجود نداشت و از مدل با اثرات تصادفی استفاده شد. وراثت‌پذیری برای صفات طول عمر تولیدی، طول عمر گله، تعداد دوره شیردهی، استقامت و نرخ بقا به ترتیب ۰/۱۰، ۰/۰۷، ۰/۰۸، ۰/۱۰ و ۰/۰۴ بود. همبستگی ژنتیکی بین صفات ماندگاری و صفات تولیدی بسیار متغیر بود، بیشترین همبستگی ژنتیکی بین تولید چربی و طول عمر گله بود (۰/۹۵). به طور کلی همبستگی ژنتیکی بین اکثر صفات تیپ و ماندگاری منفی و کم بود. بالاترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین امتیاز کلی تیپ و استقامت یافت شد (۰/۶۲). همبستگی ژنتیکی بین امتیاز سلول‌های سوماتیک با استقامت و نرخ بقا به ترتیب ۰/۱۳- و ۰/۳۸- بود. همبستگی ژنتیکی بین روزهای باز با طول عمر گله و طول عمر تولیدی به ترتیب ۰/۴۰ و ۰/۵۴- بود. نتایج این تحقیق می‌تواند در تدوین استراتژی‌های انتخاب برای بهبود ماندگاری در گاو شیری مفید باشد.</p>

**استناد:** شکری سنگری، فرزانه؛ صادقی سفیدمزیگی، علی و اصاری مهبیاری، سعید (۱۴۰۴). استفاده از فراتحلیل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات ماندگاری در گاوهای شیری. نشریه علوم دامی ایران، ۵۶ (۱)، ۱۳۷-۱۲۱. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2024.371721.653996>



© نویسندگان.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2024.371721.653996>

ناشر: مؤسسه انشادات دانشگاه تهران.

## مقدمه

ماندگاری یک صفت پیچیده با ارزش اقتصادی متغیر است. ماندگاری گاو از مؤلفه‌های اصلی سودآوری در صنعت گاو شیری است که در پرورش گاوهای شیری تعاریف مختلفی دارد و شامل ویژگی‌هایی است که به مدت زمان ماندن گاو در گله به عنوان مولد یا توانایی آن برای ماندن در گله اشاره دارد. معیارهای ماندگاری عبارتند از سن در زمان حذف یا آخرین زایش، تعداد دوره‌های شیردهی و استقامت تا یک سن ثابت یا بقا در شیردهی‌های مختلف. (Allaire and Gibson, 1992; Miglior et al., 2017). بنابراین تعاریف و روش‌های اندازه‌گیری متعددی برای ارزیابی طول عمر ابداع شده است که مهم‌ترین آنها عبارتند از: (۱) طول عمر تولیدی: مدت زمانی که گاوها پس از اولین زایش تا زمان حذف در گله باقی می‌مانند (Vukasinovic et al., 1997). (۲) طول عمر گله: این تعریف از ماندگاری توصیف کننده مدت زمان میان تولد تا زمان حذف گاو است (Vollema and Groen 1996). (۳) استقامت: معیاری است که نشان می‌دهد که گاو تا یک نقطه زمانی مشخص در گله باقی می‌ماند یا نه، این صفت به صورت ۰ و ۱ تعریف می‌شود (Jamrozik et al., 2013; Sanaati et al., 2012). (۴) تعداد دوره شیردهی: تعداد شیردهی‌هایی که یک گاو قبل از حذف شدن تکمیل می‌کند (Yazdi et al., 1999). (۵) نرخ بقا: یکی دیگر از معیارهای ماندگاری است که از نسبت تعداد گاوها در شیردهی‌های گوناگون به دست می‌آید (Sasaki et al., 2018). هدف اصلی در انتخاب و بهبود ماندگاری، کاهش حذف زود هنگام و اجباری گاوها است. دلایل و استراتژی‌های حذف بسیار گسترده است؛ بنابراین، انتخاب برای ماندگاری شامل بهبود بسیاری از صفات دیگر است (Miglior et al., 2005). در برنامه‌های به‌نژادی به طور معمول انتخاب بر اساس تولید شیر، چربی و پروتئین است. گنجاندن صفات ماندگاری و تیپ در شاخص انتخاب با هدف کاهش هزینه‌های جایگزینی گله، هزینه‌های دامپزشکی، مدیریت کارآمدتر و در نتیجه سودآوری بیشتر گله در دو دهه اخیر شروع شده است (Djedovic et al., 2023). در سال‌های اخیر ماندگاری جایگاه مهمی در ارزیابی ژنتیکی گاوها داشته است (Sasaki et al., 2015). ماندگاری هزینه‌های جایگزینی را کاهش داده و دوره سودآوری را که پس از بازگشت هزینه‌های اولیه پرورش حاصل می‌شود، به حداکثر می‌رساند. علاوه بر این، بهبود ماندگاری از طریق کاهش نرخ جایگزینی و افزایش شدت انتخاب می‌تواند پیشرفت ژنتیکی را بهبود دهد (Miglior et al., 2017).

تحقیقات در دهه‌های گذشته نشان داده است که ماندگاری وراثت‌پذیر و انتخاب برای آن امکان‌پذیر است (Miglior et al., 2005). ماندگاری به عنوان یک هدف مهم اصلاحی در شاخص انتخاب گاو شیری در بسیاری از کشورهای توسعه‌یافته مورد استفاده قرار گرفته است؛ اما در بسیاری از کشورهای در حال توسعه در شاخص انتخاب گنجانده نشده است. در حال حاضر گاوها در این کشورها هنوز در مرحله اولیه، مرحله «کمیت زیاد، کیفیت پایین، هزینه بالا و بازده کم» هستند. میانگین نوبت زایش گاوهای شیری در این کشورها کمتر از ۲/۷ است که حفظ بازده تولید برای پاسخگویی به نیازهای صنایع لبنی دشوار است؛ بنابراین، نیاز مبرمی به انتخاب و اصلاح ماندگاری گاوهای شیری وجود دارد (Hu et al., 2021).

در طراحی برنامه‌های به‌نژادی و پیش‌بینی پاسخ به انتخاب، برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات یک مرحله اساسی است بنابراین داشتن برآورد صحیحی از پارامترهای ژنتیکی که پیش‌بینی ارزش اصلاحی دقیقی را امکان‌پذیر سازد ضروری است (Koots et al., 1994; Djedovic et al., 2023). با فراتحلیل مطالعات مرتبط، نتایج به دست آمده از پژوهش‌های مستقل با یکدیگر ترکیب و منابع ناهمگنی بررسی می‌شوند (Ho Lee., 2015). در ژنتیک کمی، اعتقاد بر این است که پارامترهای ژنتیکی به جمعیتی که در آن برآورد می‌شود باز می‌گردد. زمان کافی و داده‌های مناسب، برآورد پارامترها را برای جمعیت‌ها محدود

<sup>1</sup> Productive Life (PL)

<sup>2</sup> Herd Life (HL)

<sup>3</sup> Stayability (ST)

<sup>4</sup> Number of Lactation (NL)

<sup>5</sup> Survival Rate (SR)

می‌کند، با این حال حتی اگر پارامترهای مورد نظر در دسترس باشند به طور معمول دقت آنها کم است که می‌توان با ترکیب نتایج چندین پژوهش از جمعیت‌های گوناگون، دقت برآوردها را افزایش داد، استفاده از این نتایج می‌تواند به تصمیم‌گیری مناسب‌تر در برنامه‌های اصلاح نژادی به ویژه برای جمعیت‌های فاقد رکورد مناسب کمک کند (Koots *et al.*, 1994). استفاده مناسب و صحیح از روش فراتحلیل در مطالعات علوم دامی می‌تواند باعث کاهش تکرار کارهای غیرضروری شود (Hooijmans *et al.*, 2014). هدف از این پژوهش انجام یک فراتحلیل با یک مدل تصادفی با ترکیب برآوردهای منتشر شده مختلف از وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی برای صفات گوناگون ماندگاری در گاو شیری و رسیدن به نتایجی با صحت و قابلیت اعتماد بیشتر، برای استفاده در طراحی برنامه‌های اصلاحی است.

## مواد و روش‌ها

در این پژوهش یافته‌های چندین مطالعه جمع‌آوری و با استفاده از تکنیک‌های فراتحلیل تلفیق شدند تا اهمیت آماری و ارتباط صفات گوناگون ماندگاری را با دیگر صفات نشان دهند. فراتحلیل یک تکنیک کمی است که از معیارهای خاصی (به عنوان مثال، اندازه اثر) برای نشان دادن قدرت روابط متغیر برای مطالعات موجود در تجزیه و تحلیل استفاده می‌کند. این تکنیک بر ترکیب نتایج مطالعات متعدد در مقابل نتایج یک تحقیق واحد تأکید دارد (Shelby and Vaske 2008). در این مطالعه از اطلاعات مربوط به برآورد وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی صفات مختلف ماندگاری ۶۶ مقاله علمی که در مجلات معتبر چاپ شده بودند استفاده شد. این مقالات بین سال‌های ۱۹۸۴ و ۲۰۲۳ منتشر شده بودند و پارامترهای ژنتیکی صفات طول عمر تولیدی (PL)، طول عمر گله (HL)، نرخ بقا (SR)، استقامت (ST)، تعداد دوره شیردهی (NL)، تولید شیر، روزهای باز، صفات تیپ و صفت امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری هلشتاین در کشورهای مختلف برآورد کرده‌اند. مجموع داده‌ها شامل اطلاعاتی درباره وراثت‌پذیری‌ها، همبستگی‌های ژنتیکی و تعداد رکوردها بود. سایر اطلاعات عبارت بودند از عنوان مقاله، ضریب تغییرات، میانگین صفات، انحراف معیار و واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی. پس از بازبینی مقالات، مطالعات تکراری و مشابه حذف شدند. در مواردی که خطای معیار مربوط به وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی در مقالات بیان نشده بود، خطای معیار با استفاده از روش زیر برآورد شد (Koots *et al.*, 1994):

$$SE_{pi^2} = \frac{WSD}{n^{\frac{1}{2}}} \quad \text{رابطه ۱}$$

که در این رابطه  $SE_{pi^2}$  خطای استاندارد پیش‌بینی شده برای آمین صفت در مقاله‌ای است که خطای استاندارد را گزارش کرده است. WSD میانگین وزنی خطاهای استاندارد گزارش شده و  $n$  تعداد رکوردهای استفاده شده برای پیش‌بینی برآورد پارامتر منتشر شده برای آمین صفت در ژامین مقاله که خطای استاندارد را گزارش کرده است. WSD با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد:

$$WSD = \frac{\sum_{i=1}^y s_i^2 n_i^2}{\sum_{i=1}^y n_i} \quad \text{رابطه ۲}$$

در این رابطه  $s_i$  خطای استاندارد منتشر شده برای برآورد پارامتر آمین صفت است در مطالعه‌ای که خطای استاندارد را گزارش کرده است،  $n_i$  تعداد رکوردهای استفاده شده برای پیش‌بینی برآورد پارامتر منتشر شده برای آمین صفت در  $k$  آمین مقاله که خطای استاندارد را گزارش کرده است و  $y$  تعداد مطالعات است.

برای محاسبه میانگین وزنی وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی از نرم‌افزار Excel 2019 استفاده شد. برای محاسبه میانگین وزنی وراثت‌پذیری از روش کوتس استفاده شد (Koots et al., 1994). در این روش وراثت‌پذیری ترکیبی ( $h_{pooled}^2$ ) به صورت زیر محاسبه می‌شود (Koots et al., 1994):

$$h_{pooled}^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (h_i^2 / SE_{h_i^2}^2)}{\sum_{i=1}^n (1 / SE_{h_i^2}^2)} \quad \text{رابطه ۳}$$

که در آن  $n$  تعداد مطالعات منتشر شده،  $h_i^2$  وراثت‌پذیری برآورد شده از مطالعه‌ی  $i$  و  $SE$  خطای استاندارد است. در مواردی که خطای استاندارد برآورد وراثت‌پذیری یا همبستگی‌ها در مقالات منتشر نشده بود، خطای استاندارد با استفاده از روش زیر محاسبه شد (Koots et al., 1994):

$$SE_{ij} = \sqrt{\left( \frac{\sum_{k=1}^k SE_{ik}^2 n_{ik}^2 / \sum_{k=1}^k n_{ik}}{n_{ij}} \right)} \quad \text{رابطه ۴}$$

که  $SE_{ij}$  و  $n_{ij}$  به ترتیب خطای استاندارد پیش‌بینی شده و تعداد رکوردهای استفاده شده برای برآورد پارامتر  $i$  امین صفت در مقاله  $j$  است که خطای استاندارد را گزارش نکرده است و  $S_{ik}$  و  $n_{ik}$  نیز خطای استاندارد و تعداد رکوردهای منتشر شده برای برآورد پارامتر  $i$  امین صفت در مقاله  $k$  است که خطای استاندارد را گزارش کرده است. برای فراتحلیل همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات گزارش شده در مقالات، از روش تبدیل  $Z$  فیشر برای تبدیل کردن توزیع همبستگی‌ها به یک مقیاس نرمال تقریبی استفاده شد (Koots et al., 1994):

$$Z_{ij} = 0.5 \ln \left( \frac{1 + r_{ij}}{1 - r_{ij}} \right) \quad \text{رابطه ۵}$$

$$SE_z = \sqrt{\frac{1}{(n-3)}} \quad \text{رابطه ۶}$$

$$Z_{pooled} = \frac{z'}{\sum_{i=1}^m (1 / SE_{z_i}^2)} \quad \text{رابطه ۷}$$

$$Z' = \sum_{i=1}^m \left( \frac{Z_i}{SE_{z_i}^2} \right) \quad \text{رابطه ۸}$$

$$r_g = \frac{(e^{2z} - 1)}{(e^{2z} + 1)} \quad \text{رابطه ۹}$$

که در آن  $r_{ij}$  همبستگی ژنتیکی بین صفات  $i$  و  $j$  است.  $n$  تعداد رکوردهای مشاهده شده برای هر صفت و  $Z$  میانگین وزنی برای همبستگی‌های ژنتیکی تبدیل شده با  $Z$  است که برای تخمین همبستگی ژنتیکی ادغام شده ( $Z_{pooled}$ ) و تبدیل مجدد برای به دست آوردن میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی ( $r_g$ ) استفاده می‌شود.

### تجزیه آماری

مدل اثرات تصادفی برای فراتحلیل انتخاب شد. داده‌های وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. ناهمگنی بین مقالات با شاخص‌های  $Q$  و  $I^2$  مورد بررسی قرار گرفت. شاخص  $I^2$  و  $Q$  بر اساس روابط زیر محاسبه شدند (Koots et al., 1994):

$$I^2 = \frac{(Q - df)}{Q} \quad \text{رابطه ۱۰}$$

$$Q = \sum_{j=1}^J w_j (\hat{\theta}_j - \bar{\theta})^2 \quad \text{رابطه ۱۱}$$

در اینجا  $w_j$  میانگین وزنی پارامتر در  $J$  آمین مقاله است (به عنوان معکوس واریانس نمونه‌برداری  $(\frac{1}{s_j^2})$  منتشر شده برای پارامتر فرض می‌شود). که  $\hat{\theta}_j$  پارامتر گزارش شده در مقاله  $j$  و  $\bar{\theta}$  میانگین وزنی پارامتر جمعیتها و  $df$  درجه آزادی ( $j-1$ ) است. مقادیر  $I^2$  بین ۰ تا ۱۰۰ درصد متغیر است. که مقادیر ۰-۲۵٪ نشان‌دهنده ناهمگنی بسیار کم، ۲۵-۵۰٪ ناهمگنی کم، ۵۰-۷۵٪ ناهمگنی متوسط و ۷۵-۱۰۰٪ ناهمگنی زیاد است. در صورتی که ناهمگنی زیاد باشد، امکان استفاده از مدل با اثرات ثابت وجود ندارد. نتایج این بررسی نشان داد ناهمگنی زیادی بین مطالعات برای صفات مورد بررسی وجود دارد.

### نتایج و بحث

#### وراثت‌پذیری صفات ماندگاری

مقادیر برآورد شده وراثت‌پذیری صفات ماندگاری در جدول ۱ گزارش شده است. وراثت‌پذیری این صفات در محدوده‌ی ۰/۰۴ تا ۰/۱۰ برآورد شد که در این میان نرخ بقا کمترین مقدار وراثت‌پذیری را داشت. تعداد دوره شیردهی (NL): میانگین وزنی وراثت‌پذیری برای تعداد دوره شیردهی ۰/۰۷ برآورد شد (جدول ۱). Djedovic et al. (2023) وراثت‌پذیری این صفت را ۰/۰۸ گزارش کردند. دامنه وراثت‌پذیری گزارش شده برای این صفت در مطالعات مورد بررسی بین ۰/۰۳ تا ۰/۱۲ است.

طول عمر تولیدی (PL): میانگین وزنی وراثت‌پذیری برای طول عمر تولیدی ۰/۱۰ برآورد شد (جدول ۱). مطالعات مختلف وراثت‌پذیری طول عمر تولیدی را در دامنه ۰/۰۲ تا ۰/۱۹ گزارش کردند. در بیشتر برآوردها، وراثت‌پذیری طول عمر تولیدی در مقالات مورد بررسی در حدود اطمینان ۹۵ درصدی فراتحلیل قرار نداشت. در برخی دیگر از مطالعات نتایجی در حدود اطمینان ۹۵ درصدی فراتحلیل ذکر کرده‌اند. (Buenger et al. (2001) وراثت‌پذیری طول عمر تولیدی را ۰/۱۷ برآورد و بیان کردند که با توجه به وراثت‌پذیری به دست آمده، می‌توان با انتخاب برای این صفت آن را افزایش و فنوتیپ آن را تغییر داد و این صفت را در هدف انتخاب گنجانده.

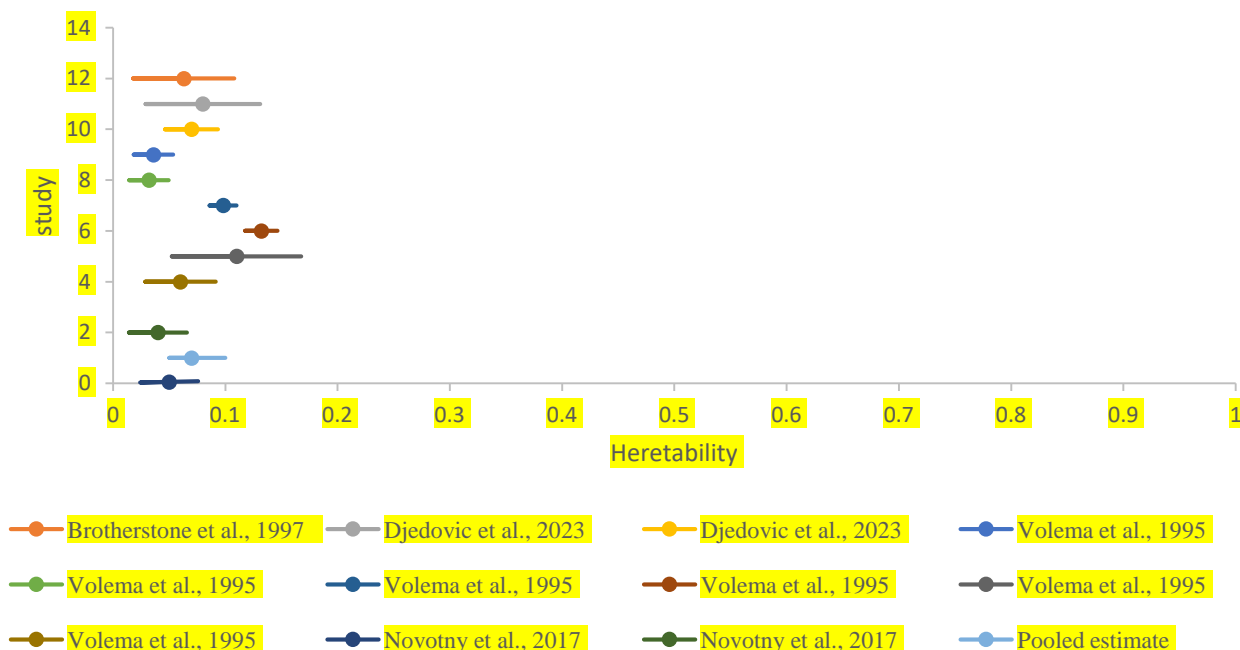
طول عمر گله (HL): برای صفت طول عمر گله میانگین وزنی وراثت‌پذیری ۰/۰۸ برآورد شد (جدول ۱)، دامنه برآورد مقالات مورد بررسی ۰/۰۳ تا ۰/۱۳ است. (Short and Lowlor (1992) وراثت‌پذیری طول عمر را ۰/۰۷ برآورد کردند که در محدوده فاصله اطمینان ۹۵ درصدی فراتحلیل است اما دیگر مطالعات برآوردهایی بیشتر یا کمتر از حدود اطمینان داشتند.

نرخ بقا (SR): وراثت‌پذیری برآورد شده برای نرخ بقا ۰/۰۴ است (جدول ۱). در مطالعات مورد بررسی دامنه برآورد وراثت-پذیری این صفت بین ۰/۰۰۲ تا ۰/۲ گزارش شد. Khansefid et al. (2021) وراثت‌پذیری نرخ بقا را در نژادهای هلشتاین و جرسی استرالیا به ترتیب ۰/۱۶ و ۰/۲۰ و Demataweta, and Berger (1992) وراثت‌پذیری این صفت را برای گاوهای هلشتاین آمریکا ۰/۰۰۲ گزارش کردند. اگرچه وراثت‌پذیری برای نرخ بقا به طور کلی کم است، اما به دلیل ارزش اقتصادی زیاد این صفت در مقایسه با سایر صفات در برنامه‌های اصلاحی بسیار مهم است (Byrne et al., 2016).

استقامت (ST): میانگین وزنی وراثت‌پذیری برآورد شده برای استقامت ۰/۱ است (جدول ۱). دامنه وراثت‌پذیری برآورد شده این صفت در مقالات مورد مطالعه از ۰/۰۱ تا ۰/۳۶ است. Hardie et al. (2021) وراثت‌پذیری استقامت را برای گاوهای هلشتاین آمریکا ۰/۱۰ گزارش کردند. Maiwashe et al. (2009) وراثت‌پذیری استقامت در مراحل مختلف زندگی گاو را بین ۰/۱۸ تا ۰/۳۰ گزارش کردند، آنها بیان کردند که انتخاب مستقیم برای استقامت می‌تواند مؤثر باشد، با این حال، انتخاب برای استقامت در سنین بالاتر ممکن است در مقایسه با سنین پایین‌تر، به دلیل فاصله نسل طولانی‌تر، کمتر مؤثر باشد. Van Doormaal et al. (1985) بیان کردند که با توجه به وراثت‌پذیری کم معیارهای گوناگون استقامت، پاسخ به انتخاب برای بهبود این صفت در صورت انتخاب مستقیم، کم خواهد بود.

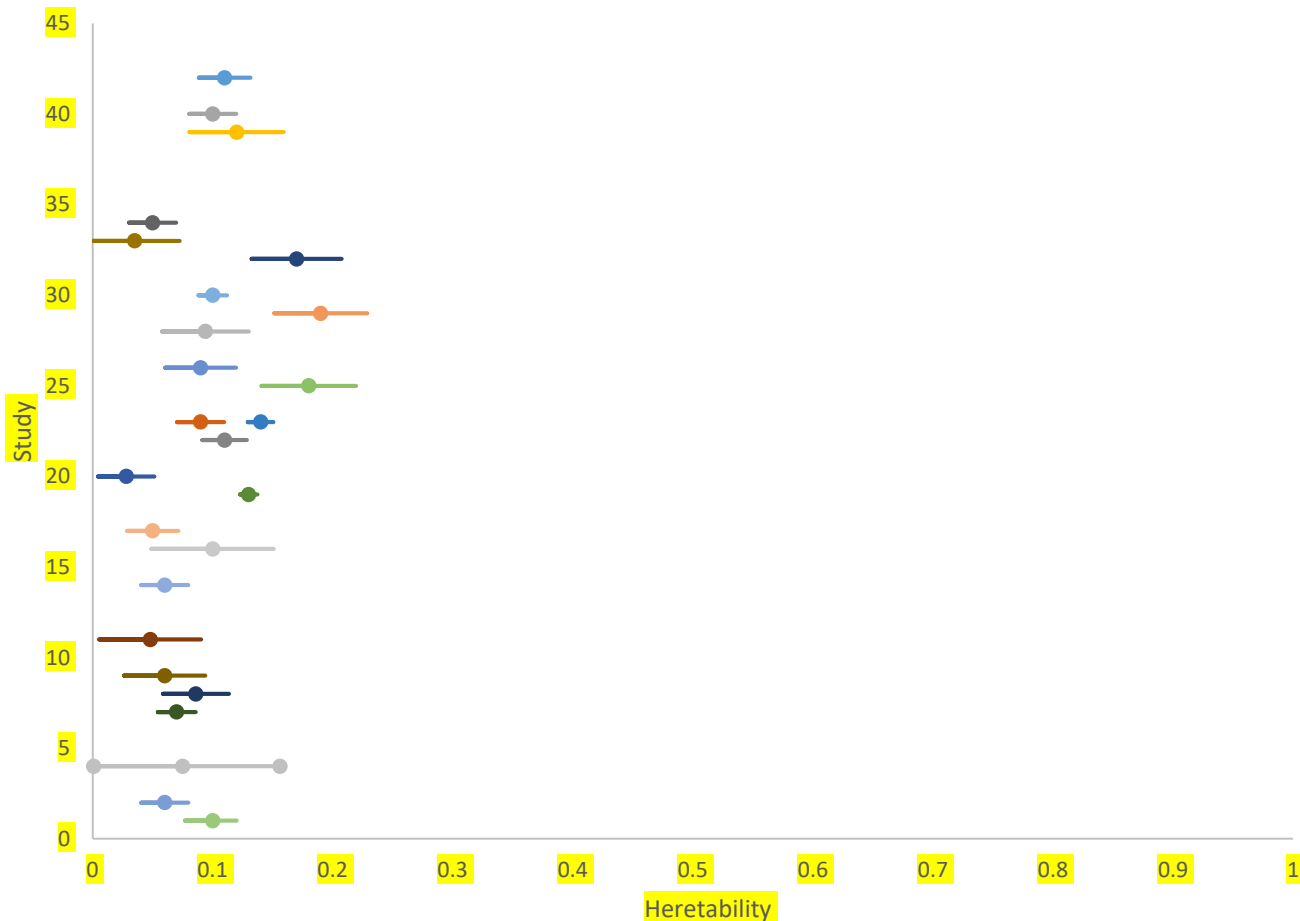
جدول ۱. میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات ماندگاری گاوهای شیری

صفت	وراثت‌پذیری	خطای استاندارد	تعداد مقالات	فاصله اطمینان	خطای استاندارد مقالات
استقامت	۰/۱۰	۰/۰۰۹	۸	۰/۰۷ - ۰/۱۲	۰/۰۳ - ۰/۱۴
تعداد دوره شیردهی	۰/۰۷	۰/۰۰۳	۷	۰/۰۶ - ۰/۱۰	۰/۰۱ - ۰/۰۲
طول عمر تولیدی	۰/۱۰	۰/۰۰۱	۲۵	۰/۰۸ - ۰/۱۱	۰/۰۰۸ - ۰/۰۳
طول عمر گله	۰/۰۸	۰/۰۰۵	۹	۰/۰۶ - ۰/۰۹	۰/۰۰۲ - ۰/۰۹
نرخ بقا	۰/۰۴	۰/۰۰۴	۱۱	۰/۰۲ - ۰/۰۵	۰/۰۰۱ - ۰/۰۲



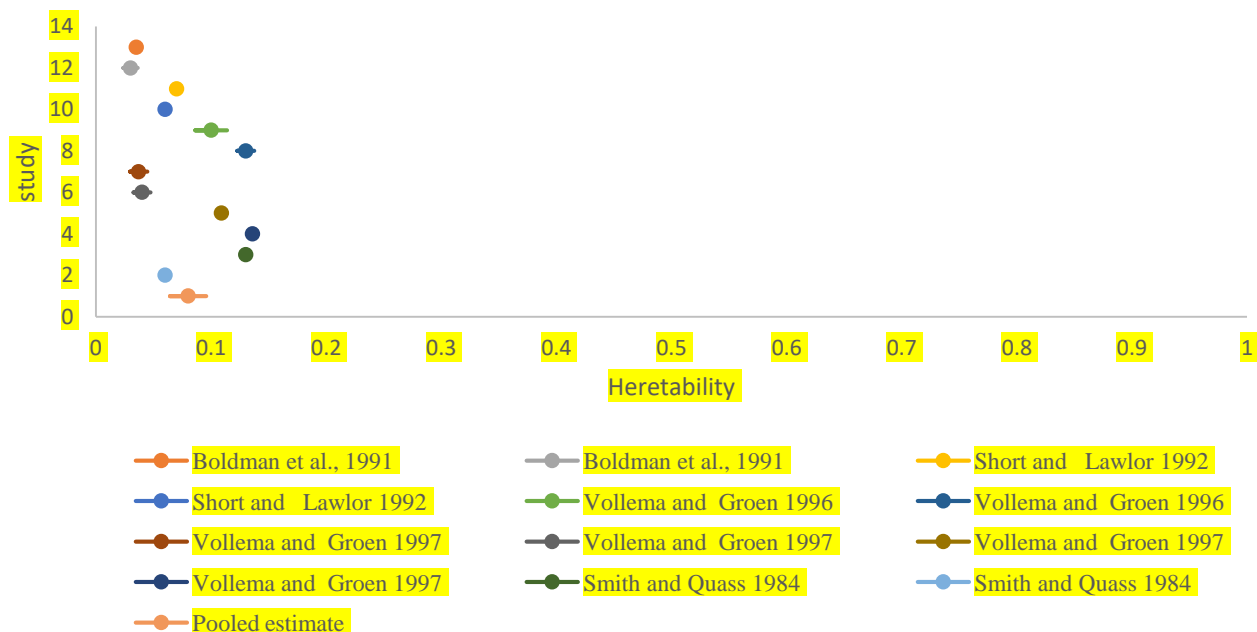


شکل ۱. نمودار جنگل وراثت‌پذیری تعداد دوره شیردهی گاوهای شیری

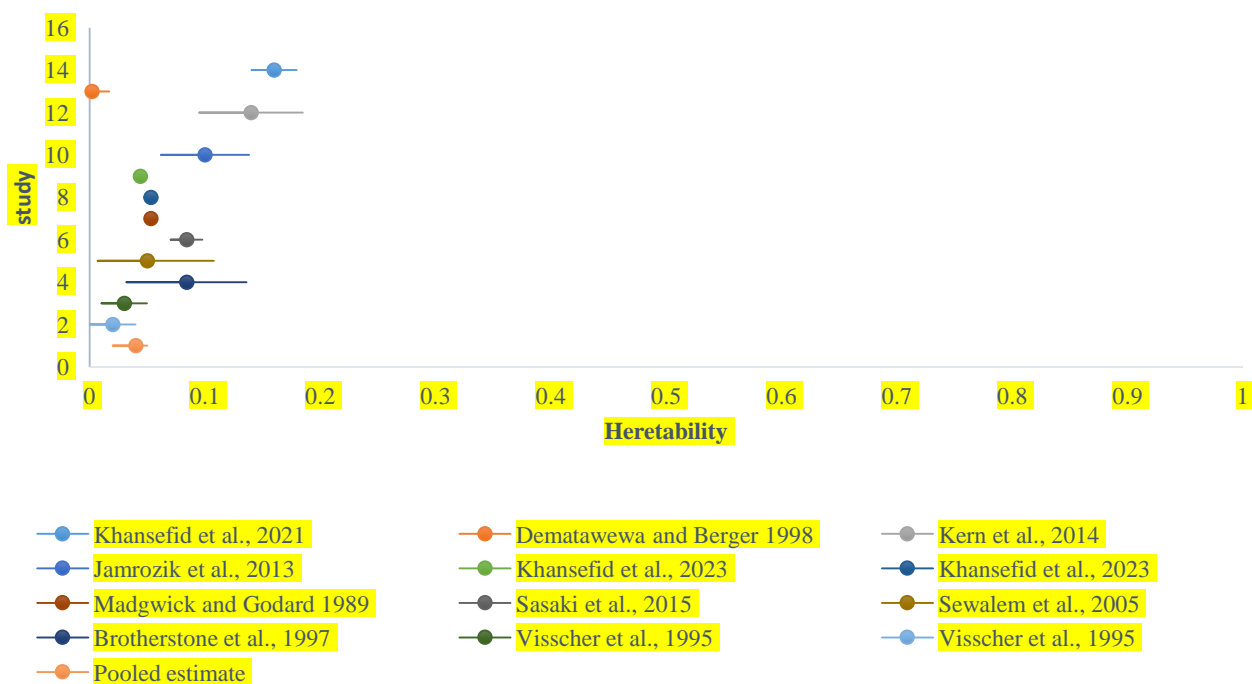


- Sasaki et al., 2012
- Vukasinovic et al., 1995
- Tsuruta et al., 2005
- Jenko et al., 2015
- Clasen et al., 2017
- Strapakova et al., 2019
- Wasana et al., 2015
- Ghaderi-Zefrehei et al., 2016
- Cassandro et al., 1999
- Hoque and Hodges 1980
- Volema et al., 1996
- Mhamdi et al., 2010
- Amirpour Najafabad et al., 2016
- Imbayarwo-Chikosi et al., 2017
- Zavadilova and Stipkova 2012
- Chirinos et al., 2007
- Zavadilova and Zinc 2013
- Pooled estimate
- Vukasinovic et al., 1995
- Buenger et al., 2001
- Jenko et al., 2013
- van Pelt et al., 2015
- Mirhabibi et al., 2018
- Djedovi et al., 2023
- Chirinos et al., 2007
- Strandberg et al., 1992

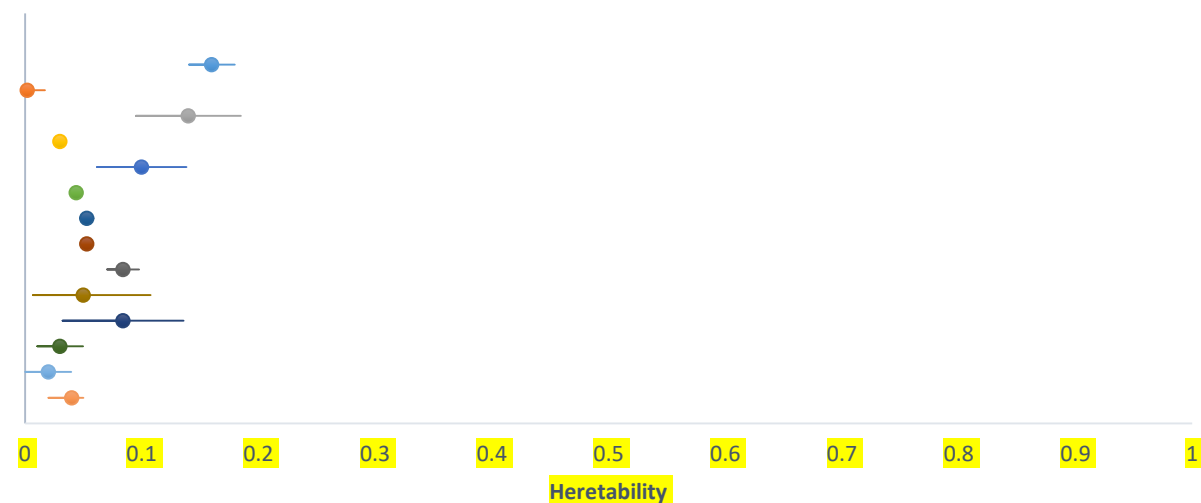
شکل ۲. نمودار جنگل وراثت‌پذیری طول عمر تولیدی گاوهای شیری



شکل ۳. نمودار جنگل وراثت‌پذیری طول عمر گله گاوهای شیری



شکل ۵. نمودار جنگل وراثت‌پذیری نرخ بقا



- Khansefid et al., 2021
- Holtmark et al., 2009
- Khansefid et al., 2023
- Sewalem et al., 2005
- Visscher et al., 1995
- Dematawewa and Berger 1998
- Jamrozik et al., 2013
- Madgwick and Godard 1989
- Brotherstone et al., 1997
- Pooled estimate
- Kern et al., 2014
- Khansefid et al., 2023
- Sasaki et al., 2015
- Visscher et al., 1995

شکل ۴. نمودار جنگل وراثت‌پذیری استقامت گاوهای شیری

### همبستگی‌های ژنتیکی صفات ماندگاری

میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی صفات طول عمر تولیدی با صفات تولیدی و صفات تیپ در جدول ۲ ذکر شده است. مقادیر محاسبه شده همبستگی ژنتیکی طول عمر تولیدی با صفات تولیدی در دامنه ۰/۳۱ تا ۰/۴۷ است که بیشترین همبستگی ژنتیکی مربوط به طول عمر تولیدی با تولید شیر (۰/۴۷) است. دامنه همبستگی ژنتیکی طول عمر تولیدی با صفات تولیدی در مقالات منتشر شده ۰/۴۲- تا ۰/۹۸ بود. (1996) Vollema and Groen همبستگی ژنتیکی تولید شیر و طول عمر تولیدی را ۰/۹۸ و Vukasinovic et al. 1995 همبستگی ژنتیکی درصد پروتئین و طول عمر تولیدی را ۰/۴۲- گزارش دادند. در بین صفات تیپ، بالاترین همبستگی ژنتیکی، صفت جلوی پستان با طول عمر تولیدی (۰/۵۵) داشت. همبستگی ژنتیکی امتیاز سلول‌های بدنی و روزهای باز با طول عمر تولیدی متوسط و به ترتیب ۰/۳۰- و ۰/۵۴- بود.

میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی نرخ بقا با صفات تولیدی در دامنه ۰/۰۱- تا ۰/۳۳ و با صفات تیپ ۰/۲۴- تا ۰/۲۵ برآورد شد (جدول ۳). در بین مقادیر محاسبه شده همبستگی ژنتیکی نرخ بقا با صفات تولیدی، بیشترین همبستگی ژنتیکی مربوط به نرخ بقا و پروتئین (۰/۳۳) است. در بین صفات تیپ بالاترین همبستگی ژنتیکی را صفت عمق بدن با نرخ بقا (۰/۲۹- ) داشت. همبستگی ژنتیکی نرخ بقا با شمارش سلول‌های بدنی ۰/۳۸- بود.

میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی طول عمر گله با صفات تولیدی و صفات تیپ در جدول ۴ ارائه شده است. در بین مقادیر محاسبه شده همبستگی ژنتیکی طول عمر گله با صفات تولیدی بیشترین همبستگی ژنتیکی مربوط به تولید چربی با طول عمر گله (۰/۹۵) بود. در بین صفات تیپ بالاترین همبستگی ژنتیکی، ارتفاع عقبی پستان با طول عمر گله (۰/۲۵) داشت. همبستگی ژنتیکی روزهای باز با طول عمر گله ۰/۴۰ و همبستگی استقامت با طول عمر گله ۰/۹۷ است.

در جدول ۵ میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی تعداد دوره شیردهی با صفات تولیدی و صفات تیپ ذکر شده است. در بین مقادیر محاسبه شده همبستگی ژنتیکی این صفت با صفات تولیدی، تولید شیر بیشترین همبستگی ژنتیکی مثبت را با تعداد دوره شیردهی (۰/۲۲) دارد. در بین صفات تیپ، صفت زاویه‌داری بدن بیشترین همبستگی ژنتیکی را با تعداد دوره شیردهی (۰/۲۱-) داشت. همبستگی ژنتیکی تعداد دوره شیردهی با طول عمر گله و طول عمر تولیدی به ترتیب ۰/۸۷ و ۰/۵۵ است. میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی استقامت با صفات تولیدی در دامنه ۰/۱۴- تا ۰/۷۲، با صفات تیپ ۰/۱۱- تا ۰/۶۲، با شمارش سلول بدنی، طول عمر تولیدی و زنده‌مانی به ترتیب ۰/۱۳-، ۰/۳۶ و ۰/۳۱ برآورد شد (جدول ۶). در بین مقادیر محاسبه شده همبستگی ژنتیکی استقامت با صفات تولیدی، تولید پروتئین بیشترین همبستگی ژنتیکی را با استقامت (۰/۷۲) داشت. در بین صفات تیپ، صفت امتیاز کلی پستان بالاترین همبستگی ژنتیکی را با استقامت (۰/۶۲) داشت.

جدول ۲. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی بین طول عمر تولیدی و صفات تیپ، تولیدی، روزهای باز و امتیاز سلول‌های بدن

صفت	تعداد مقالات	همبستگی ژنتیکی	خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	دامنه همبستگی مقالات
استحکام بدن	۴	-۰/۱۵	۰/۰۰۲	-۰/۰۲ - -۰/۲۷	-۰/۳۱ - ۰/۰۵
زاویه‌داری	۴	-۰/۱۵	۰/۰۰۳	-۰/۱۴ - ۰/۱۸	-۰/۱۷ - ۰/۱۲
زاویه کپل	۴	-۰/۱۴	۰/۰۰۲	-۰/۱۵ - ۰/۰۲	۰/۰۳ - ۰/۲۱
عمق پستان	۳	۰/۳۷	۰/۰۰۲	۰/۱۲ - ۰/۳۷	۰/۱۰ - ۰/۴۳
خط بالایی	۲	-۰/۱۱	۰/۰۰۳	-۰/۰۶ - -۰/۲۱	-۰/۱۸ - -۰/۱۰
قد و قامت	۵	-۰/۱۴	۰/۰۰۲	-۰/۰۴ - -۰/۲۱	-۰/۲۷ - ۰/۰۲
محل قرارگیری سر پستانک	۳	۰/۰۱	۰/۰۰۲	۰/۰۵ - ۰/۸۱	-۰/۲۶ - ۰/۶۸
طول سر پستانک	۵	-۰/۰۴	۰/۰۰۲	-۰/۳۳ - ۰/۱۳	-۰/۴۲ - ۰/۶۵
اتصالات پستان	۷	-۰/۱۹	۰/۰۰۲	-۰/۳۶ - ۰/۱۲	۰/۰۹ - ۰/۶۲
عقب پستان	۲	۰/۲۷	۰/۰۰۳	۰/۲۹ - ۰/۷۵	۰/۱۷ - ۰/۵۷
جلو پستان	۲	-۰/۵۵	۰/۰۰۷	-۰/۷۷ - ۰/۱۱	۰/۰۶ - ۰/۵۷
موقعیت پای عقب	۴	-۰/۱۴	۰/۰۰۲	-۰/۲۱ - ۰/۲۹	-۰/۵۶ - ۰/۲۹
وضعیت پاها از نمای کناری	۲	۰/۱۸	۰/۰۰۳	۰/۱۱ - ۰/۳۷	۰/۱۵ - ۰/۳۷
عضلانی بودن	۲	-۰/۱	۰/۰۰۷	-۰/۰۶ - -۰/۱۲	-۰/۱۱ - -۰/۰۶
عمق بدن	۴	-۰/۰۶	۰/۰۰۲	-۰/۲۱ - ۰/۱۳	۰/۲۱ - ۰/۴۲
شکاف پستان	۲	۰/۲۷	۰/۰۰۲	۰/۱۳ - ۰/۳۹	۰/۱۲ - ۰/۳۸
تولید شیر	۱۸	۰/۴۷	۰/۰۰۰۷	۰/۱۵ - ۰/۴۳	-۰/۳۲ - ۰/۹۸
تولید چربی	۱۴	۰/۳۴	۰/۰۰۰۹	۰/۱۵ - ۰/۴۳	-۰/۱۸ - ۰/۸۳
تولید پروتئین	۱۰	۰/۳۱	۰/۰۰۰۹	۰/۱۶ - ۰/۴۴	-۰/۱۵ - ۰/۸۸
درصد چربی	۲	۰/۱۰	۰/۰۱	-۰/۱۴ - -۰/۱۸	-۰/۱۸ - ۰/۱۹
درصد پروتئین	۲	۰/۰۳	۰/۰۱	-۰/۵۳ - -۰/۶۷	-۰/۴۲ - -۰/۱۵
امتیاز سلول‌های بدنی	۲	-۰/۳	۰/۰۰۱	-۰/۳۰ - -۰/۵۴	-۰/۳۲ - -۰/۱۷
روزهای باز	۲	-۰/۵۴	۰/۰۰۱	-۰/۳۵ - -۰/۷۰	-۰/۶۲ - -۰/۴۴

به طور کلی نتایج همبستگی‌های ژنتیکی صفات گوناگون ماندگاری با صفات تولید شیر، تیپ، روزهای باز و امتیاز سلول‌های بدنی نشان داد که بین برخی از این صفات و معیارهای گوناگون ماندگاری همبستگی نسبتاً مطلوبی وجود دارد و با انتخاب غیرمستقیم برای افزایش یا کاهش این صفات می‌توان ظرفیت ژنتیکی صفات طول عمر را بهبود بخشید و بازده و سودآوری را در گله‌ها افزایش داد. برای پیشرفت و رسیدن به یک نتیجه دلخواه در یک برنامه به‌نژادی باید همبستگی بین صفات را مورد توجه قرار داد. برای تمام معیارهای ماندگاری مورد بررسی، با توجه به حدود اطمینان ۹۵ درصدی فراتحلیل همبستگی بین

صفات و مقایسه این نتایج با نتایج مقالات مورد مطالعه مشخص شد که حدود اطمینان حاصل از فراتحلیل محدودتر است البته باید توجه کرد که این مهم با افزایش تعداد مقالات مورد بررسی مشهودتر است و برای صفاتی که کمتر مورد مطالعه قرار گرفته‌اند، دامنه حدود اطمینان فراتحلیل با دامنه گزارش شده در مطالعات مورد بررسی تفاوت چندانی ندارد. در مجموع با توجه به موارد گفته شده و با توجه به خطای استاندارد پایین نتایج فراتحلیل، می‌توان از این نتایج در برنامه‌های به‌نژادی با هدف بهبود عملکرد و سودآوری بیشتر استفاده کرد.

جدول ۳. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی بین نرخ بقا و صفات تیپ، تولیدی و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری

صفت	تعداد مقالات	همبستگی ژنتیکی	خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	دامنه همبستگی مقالات
اتصالات جلو	۴	۰/۱۲	۰/۰۰۰۷	۰/۰۱ - ۰/۱۷	-۰/۰۵ - ۰/۱۸
زاویه‌داری	۵	-۰/۱۹	۰/۰۰۰۷	-۰/۳۶ - ۰/۰۸	-۰/۴۹ - ۰/۱۳
عمق بدن	۵	-۰/۲۹	۰/۰۰۰۷	-۰/۴۱ - ۰/۲۵	-۰/۴۶ - ۰/۰۹
عرض سینه	۴	۰	۰/۰۰۰۷	-۰/۰۶ - ۰/۱۳	-۰/۲۱ - ۰/۱۹
زاویه کپل	۴	۰/۰۴	۰/۰۰۰۹	۰/۰۱ - ۰/۰۶	-۰/۰۲ - ۰/۰۸
زاویه سم	۴	-۰/۰۱	۰/۰۰۰۸	-۰/۰۸ - ۰/۰۲	-۰/۱۲ - ۰/۰۵
کیفیت استخوان	۳	۰	۰/۰۰۰۷	-۰/۰۶ - ۰/۱۹	-۰/۰۲ - ۰/۳۳
عرض لگن	۳	-۰/۲۵	۰/۰۰۰۲	-۰/۴۳ - ۰/۱۰	-۰/۳۶ - ۰/۳۷
بافت پستان	۳	-۰/۰۷	۰/۰۰۰۷	-۰/۱۰ - ۰/۰۵	-۰/۱۳ - ۰/۰۹
قد و قامت	۳	-۰/۰۴	۰/۰۰۰۷	-۰/۱۹ - ۰/۰۲	-۰/۲۲ - ۰/۰۱
اتصالات جلویی پستان	۲	-۰/۰۷	۰/۰۰۰۲	-۰/۱۶ - ۰/۱۰	-۰/۱۰ - ۰/۱۸
ارتفاع جلوی پستان	۳	-۰/۲۴	۰/۰۰۰۲	-۰/۳۶ - ۰/۰۱	-۰/۴۰ - ۰/۱۶
عمق پستان	۵	۰/۲۵	۰/۰۰۰۸	۰/۱۰ - ۰/۳۲	۰/۰۲ - ۰/۳۳
محل قرارگیری سر پستانک عقب	۴	-۰/۱۶	۰/۰۰۰۹	-۰/۲۸ - ۰/۰۳	-۰/۳۰ - ۰/۲۴
نگهدارنده پستان	۲	-۰/۰۷	۰/۰۰۰۲	-۰/۱۱ - ۰/۰۴	-۰/۱۰ - ۰/۰۸
طول سر پستانک	۴	۰/۱	۰/۰۰۰۷	-۰/۰۷ - ۰/۱۱	-۰/۱۸ - ۰/۱۸
محل قرارگیری سر پستانک جلو	۴	۰/۰۲	۰/۰۰۰۷	-۰/۱۲ - ۰/۰۶	-۰/۱۹ - ۰/۱۱
امتیاز وضعیت بدنی	۲	۰/۲۱	۰/۰۰۰۱	۰/۱۷ - ۰/۴۲	۰/۱۲ - ۰/۴۱
تولید شیر	۵	۰/۲۳	۰/۰۰۰۵	۰/۰۷ - ۰/۴۰	-۰/۰۶ - ۰/۵۱
تولید چربی	۵	۰/۲۹	۰/۰۰۰۵	۰/۱۱ - ۰/۵۰	-۰/۰۲ - ۰/۶۶
تولید پروتئین	۵	۰/۳۳	۰/۰۰۰۵	۰/۱۴ - ۰/۴۷	۰ - ۰/۵۰
درصد چربی	۱	۰/۰۱	۰/۰۰۰۶	***	***
درصد پروتئین	۱	۰/۱	۰/۰۰۰۶	***	***
امتیاز سلول‌های بدنی	۱	-۰/۳۸	۰/۰۰۰۶	***	***

جدول ۴. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی بین طول عمر گله و صفات تیپ، تولیدی و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری

صفت	تعداد مقالات	همبستگی ژنتیکی	خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	دامنه همبستگی مقالات
موقعیت سر پستانک عقب	۲	-۰/۰۳	۰/۰۰۳	-۰/۳۴ - ۰/۱۸	-۰/۲۸ - ۰/۰۷
ارتفاع عقب پستان	۳	-۰/۰۲	۰/۰۰۳	-۰/۰۵ - ۰/۰۴	-۰/۰۴ - ۰/۰۶
عرض کپل	۳	-۰/۱۱	۰/۰۰۳	-۰/۱۴ - ۰/۰۸	-۰/۱۴ - ۰/۰۹
عرض سینه	۲	-۰/۰۷	۰/۰۰۳	-۰/۰۸ - ۰/۰۴	-۰/۰۸ - ۰/۰۵
عمق بدن	۲	-۰/۱۶	۰/۰۰۳	-۰/۲۶ - ۰/۱۳	-۰/۲۱ - ۰/۰۸
زاویه‌داری	۲	-۰/۲۱	۰/۰۰۳	-۰/۲۲ - ۰/۱۶	-۰/۲۲ - ۰/۱۷
قد و قامت	۳	-۰/۱۷	۰/۰۰۳	-۰/۱۹ - ۰/۰۹	-۰/۱۸ - ۰/۱۱
عمق پستان	۳	۰/۰۵	۰/۰۰۳	۰ - ۰/۱۳	۰/۰۳ - ۰/۱۵
رباط میانی	۳	۰/۰۵	۰/۰۰۲	-۰/۰۲ - ۰/۰۸	۰/۰۳ - ۰/۰۹
محل قرارگیری سر پستانک جلو	۳	-۰/۰۸	۰/۰۰۳	-۰/۱۱ - ۰/۰۶	-۰/۱۴ - ۰/۰۷
مجموعه پاهای عقب	۳	-۰/۰۱	۰/۰۰۳	-۰/۱۰ - ۰/۰۱	-۰/۱۳ - ۰/۰۵
تولید شیر	۳	۰/۲۲	۰/۰۰۲	-۰/۰۲ - ۰/۴۵	-۰/۰۹ - ۰/۴۵
تولید چربی	۱	۰/۰۶	۰/۰۰۵	***	***
تولید پروتئین	۱	۰/۱۶	۰/۰۰۵	***	***
طول عمر تولیدی	۱	۰/۵۵	۰/۰۰۵	***	***
طول عمر گله	۱	۰/۸۷	۰/۰۰۵	***	***

جدول ۵. میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی بین تعداد دوره شیردهی و صفات تیپ، تولیدی و صفات ماندگاری در گاوهای شیری

صفت	تعداد مقالات	همبستگی ژنتیکی	خطای استاندارد	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	دامنه همبستگی مقالات
استحکام بدن	۲	-۰/۱۱	۰/۰۰۲	-۰/۱۱ - ۰/۰۹	-۰/۱۱ - ۰/۱۰
قد و قامت	۲	-۰/۰۲	۰/۰۰۲	-۰/۳۶ - ۰/۱۹	-۰/۲۳ - ۰/۰۶
عمق بدن	۳	-۰/۱۰	۰/۰۰۲	-۰/۲۸ - ۰/۰۱	-۰/۲۱ - ۰/۰۶
نمای کناری کپل	۱	-۰/۱۶	۰/۰۹	***	***
زاویه سم	۳	۰/۱۰	۰/۰۰۲	۰/۰۴ - ۰/۱۹	۰/۰۸ - ۰/۱۶
اتصالات جلویی پستان	۲	۰/۰۹	۰/۰۰۲	۰/۳۰ - ۰/۵۵	۰/۲۹ - ۰/۴۷
عمق پستان	۳	۰/۲۲	۰/۰۰۳	-۰/۰۱ - ۰/۳۴	۰/۰۲ - ۰/۳۸
ارتفاع عقب پستان	۲	۰/۲۵	۰/۰۰۲	۰/۰۴ - ۰/۳۹	۰/۱۳ - ۰/۳۱
عرض عقب پستان	۱	۰/۱۳	۰/۰۹	***	***
رباط میانی	۲	۰/۱۶	۰/۰۰۲	-۰/۰۶ - ۰/۲۶	-۰/۰۶ - ۰/۲۳
محل قرارگیری سر پستانک	۳	۰/۱۷	۰/۰۰۳	-۰/۰۳ - ۰/۲۴	-۰/۰۴ - ۰/۲۴
ساختار شیری	۱	۰/۴۰	۰/۰۹	***	***
زاویه کپل	۱	۰/۰۸	۰/۰۹	***	***
استقامت	۱	۰/۹۷	۰/۰۹	***	***
تولید شیر	۳	۰/۵۲	۰/۰۰۳	۰/۳۰ - ۰/۸۵	۰/۴۴ - ۰/۹۵
تولید چربی	۱	۰/۳۰	۰/۰۹	***	***
تولید پروتئین	۱	۰/۶۳	۰/۰۹	***	***
روزهای باز	۱	۰/۴۰	۰/۰۹	***	***

**جدول ۶.** میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی بین استقامت و صفات تیپ، تولیدی، طول عمر تولیدی و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری

دامنه همبستگی مقالات	حدود اطمینان ۹۵ درصدی	خطای استاندارد	همبستگی ژنتیکی	تعداد مقالات	صفت
۰/۳۴ - ۰/۷۰	۰/۳۷ - ۰/۵۳	۰/۰۰۱	۰/۳۷	۳	ساختار شیری
۰/۳۱ - ۰/۳۹	۰/۰۶ - ۰/۱۷	۰/۰۰۱	۰/۱۳	۴	وضعیت پا و سم
۰/۰۴ - ۰/۴۸	۰/۱۵ - ۰/۳۲	۰/۰۰۱	۰/۱۳	۳	سیستم پستانی
۰/۰۲ - ۰/۱۳	۰/۰۴ - ۰/۰۸	۰/۰۰۱	۰/۰۸	۳	قد و قامت
۰/۰۲ - ۰/۸۶	۰/۲۷ - ۰/۶۰	۰/۰۰۱	۰/۲۹	۳	زاویه‌داری
۰/۱۷ - ۰/۱۷	۰/۱۱ - ۰/۱۴	۰/۰۰۱	۰/۰۴	۴	مجموعه پاهای عقب
۰/۰۶ - ۰/۳۸	۰/۰۵ - ۰/۱۸	۰/۰۰۱	۰/۰۴	۳	اتصالات پستان
۰/۲۴ - ۰/۲۳	۰/۰۹ - ۰/۰۶	۰/۰۰۱	۰/۱۱	۳	ارتفاع اتصالات عقبی
۰/۳۴ - ۰/۴۸	۰/۰۶ - ۰/۲۱	۰/۰۰۱	۰/۱۱	۴	رباط میانی
۰/۱۶ - ۰/۷۸	۰/۱۸ - ۰/۳۹	۰/۰۰۱	۰/۲۹	۲	محل قرارگیری سر پستانک جلو
۰/۳۰ - ۰/۵۶	۰/۰۹ - ۰/۳۰	۰/۰۰۲	۰/۲۴	۳	عمق پستان
۰/۰۱ - ۰/۸۲	۰/۲۰ - ۰/۶۱	۰/۰۰۲	۰/۶۲	۳	امتیاز کلی پستان
۰/۰۷ - ۰/۶۲	۰/۲۰ - ۰/۵۰	۰/۰۰۲	۰/۴۶	۳	امتیاز کلی تیپ
۰/۱۰ - ۰/۹۰	۰/۰۷ - ۰/۶۹	۰/۰۰۱	۰/۶۲	۳	تولید شیری
۰/۰۶ - ۰/۸۶	۰/۰۸ - ۰/۶۶	۰/۰۰۱	۰/۵۹	۲	تولید چربی
۰/۶۹ - ۰/۸۶	۰/۶۳ - ۰/۹۱	۰/۰۰۱	۰/۷۲	۲	تولید پروتئین
۰/۱۷ - ۰/۱۴	۰/۱۷ - ۰/۱۱	۰/۰۰۴	۰/۱۴	۲	درصد چربی
۰/۱۷ - ۰/۰۵	۰/۱۷ - ۰/۰۷	۰/۰۰۲	۰/۱۳	۲	امتیاز سلول بدنی
۰/۲۹ - ۰/۴۴	۰/۲۹ - ۰/۴۶	۰/۰۰۲	۰/۳۶	۲	طول عمر تولیدی

### نتیجه‌گیری

طراحی برنامه‌های کاربردی و ارائه استراتژی‌های به‌نژادی برای بهبود ماندگاری مستلزم برآوردهای صحیح و دقیق از پارامترهای ژنتیکی صفات ماندگاری است. فراتحلیل انجام شده در این مطالعه امکان ارائه برآوردهای تلفیقی از وراثت‌پذیری صفات ماندگاری و همبستگی ژنتیکی آنها با صفات تولیدی، تیپ، روزهای باز و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری را فراهم کرد. نتایج به دست آمده نشان داد که فراتحلیل با تجمیع نتایج مطالعات گوناگون و افزایش حجم نمونه سبب کاهش خطای استاندارد برآوردها، و به این ترتیب موجب افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی می‌شود، مگر در مواردی که تعداد مطالعات انجام شده کم باشد. نتایج این مطالعه فراتحلیل حاکی از وجود همبستگی‌های ژنتیکی مطلوبی برای صفات ماندگاری با صفات تولیدی، تیپ، روزهای باز و امتیاز سلول‌های بدنی بود.

"هیچگونه تعارض منافع بین نویسندگان وجود ندارد"

## REFERENCE

- Allaire, F. R., and Gibson, J. P. (1992). Genetic value of herd life adjusted for milk production. *J. Dairy Sci.* 75: 1349-1356.
- Buenger, A., Ducrocq, V., and Swalve, H. (2001). Analysis of survival in dairy cow with supplementary data on type scores and housing systems from a region of northwest Germany. *J. Dairy Sci.* 84: 1531-1541.
- Byrne, T. J., Santos, B. F. S., Am, P. R., Martin-Collado, D., Pryce, J.E., and Axford, M. (2016). New breeding objectives and selection indices for the Australian dairy industry. *J. Dairy Sci.* 99: 8146–8167. doi:10.3168/jds.2015-10747
- Demataweta, C.M.B., and Berger, P.J. (1998). Genetic and Phenotypic parameters for 305-days yield, fertility and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 81: 2700-2709.
- Djedovic, R., Vukasinovic, N., Stanojevic, D., Bogdanovic, V., Ismael, H., Jankovic, D., Gligovic, N., Brka, M., and Strbac, L. (2023). Genetic Parameters for Functional Longevity, Type Traits, and Production in the Serbian Holstein. *Anim.* 13:534. doi: 10.3390/ani13030534
- Hardie, L.C., Heins, B.J., and Dechow, C.D. (2021). Genetic parameters for stayability of Holsteins in US organic herds. *J. Dairy Sci.* 104: 4507-4515. https://doi.org/10.3168/jds.2020-19399
- Hu, H., Mu, T., Ma, Y., Wang, X., and Ma, Y. (2021). Analysis of Longevity Traits in Holstein Cattle: A Review. *Front. Genet.* 12:695543. doi: 10.3389/fgene.2021.695543
- Ho Lee, Y. (2015). Meta-analysis of genetic association studies. *Ann lab med.* 35(3): 283-287.
- Hooijmans, C., Hout, J., and Ritskes-Hoitinga, M. and Rovers, M. (2014). Meta-analyses of animal studies: An introduction of a valuable instrument to further improve healthcare. *ILAR J.* 55(3): 418-426.
- Jamrozik, J., Mcgrath, S., Kemp, R. A., and Miller, S. P. (2013). Estimates of genetic parameters for stayability to consecutive calvings of Canadian simmentals by random regression models. *J. Anim. Sci.* 91: 3634–3643. doi: 10.2527/jas.2012-6126
- Khansefid, M., Haile-Mariam, M. and J. E. Pryce, A.B. (2021). Improving the accuracy of predictions for cow survival by multivariate evaluation model. *Anim. Prod. Sci.* 61: 1828–1836.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Smith, C., Wilton, J.W. (1994). Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Anim. Breed.* 62: 309–338.
- Maiwashe, A., Nephawe, K.A., and Theron, H.E. (2009). Analysis of stayability in South African Angus cattle using a threshold model. *S. Afr. j. anim. sci.* 39(1): 55-60. doi:10.4314/sajas.v39i1.43546.
- Miglior, F., Muir, B. L., and Doormaal, B. V. (2005). Selection indices in Holstein cattle of various countries. *J. Dairy Sci.* 88, 1255–1263. http://doi: 10.3168/jds.S0022-0302(05)72792-2.
- Miglior, F., Fleming, A., Malchiodi, F., Brito, L. F., Martin, P., and Baes, C. F. (2017). A 100-year review: identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 100:10251. doi: 10.3168/jds.2017-12968.
- Sanaati, H., Farhangfar, H., and Fathi Nasri, M. (2012). The application of logistic analysis in investigating the effect of age at first calving on the durability of Holstein cows during the first period of lactation. Proceedings of the 4th National Conference of the Holstein Association of Iran, Tehran, Iranian Scientific and Industrial Research Organization Conference Hall, December 27-28, 2012, page 160.
- Sasaki, O., Aihara, M., Nishiura, A., Takeda, H., and Satoh, M. (2015). Genetic analysis of the cumulative pseudo-survival rate during lactation of Holstein cattle in Japan by using random regression models. *J. Dairy Sci.* 98: 5781-5795.
- Sasaki, O., Takeda, H., and Nishiura, A. (2018). Estimation of the economic value of herd life length based on simulated changes in survival rate. *Anim. Sci.j.* 90:323–332. doi: 10.1111/asj.13158
- Shelby, L.B., and Vaske, J.J.(2008). Understanding meta-analysis: A review of the methodological literature. *Leis. Sci.* 30: 96–110.
- Short, T. H., and Lawlor, T.J. 1992. Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd



- life in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 75: 1988-1998.
- Van Doormaal, B. J., Schaeffer, L. R., and Kennedy, B. W. (1985). Estimation of Genetic Parameters for Stayability in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 68: 1763-1769.
- Vollema, A. R., and Groen, A. F. (1996). Genetic parameters of longevity traits of an upgrading population of dairy cattle. *J. dairy sci.* 79: 2261-2267.
- Vukasinovic, N., Moll, J., and Kunzi, N. (1995). Genetic relationships among longevity, milk production, and type traits in Swiss Brown cattle. *Live. Prod. Sci.* 41: 11-18.
- Vukasinovic, N., Moll, J., and Kunzi, N. (1997). Analysis of productive life in Swiss Brown cattle. *J. Dairy Sci.* 80: 2572-2579.
- Yazdi, M. H., Thompson, R., Ducrocq, V., and Visscher, P. (1999). A comparison of two survival analysis methods with the number of lactations as a discrete time value. In Proceedings international workshop on EU concerted action Genetic Improvement of Functional Traits in Cattle. 21: 48-52. Interbull.