

Meta-analysis Estimates of Genetic Parameters for Morphological Traits in Horses: A Review of Heritability and Genetic Correlations

Karim Nobari^{1*}

Assistant Professor, Tehran Agricultural and Natural Resources Research and Education center, AREEO, Varamin, Iran.

Email: k.nobari@areeo.ac.ir

<https://doi.org/10.22067/IJASR.2026.97114.1288>

Introduction: Precise genetic parameters form the scientific cornerstone of effective breeding programs. In horses, morphological (conformation) traits directly impact performance, health, breed classification, and economic value. However, considerable inconsistency and heterogeneity exist in reported estimates of heritability (h^2) and genetic correlations (r_g) for these traits across individual studies. These discrepancies hinder the development of reliable and generalizable breeding strategies. Meta-analysis offers a robust statistical framework to integrate findings from multiple studies, providing more precise and generalizable pooled estimates while quantifying heterogeneity. Therefore, this study aimed to conduct a comprehensive meta-analysis to synthesize existing research and deliver consolidated, reliable estimates of genetic parameters for key morphological traits in horses.

Materials and Methods: A systematic literature search was conducted in the PubMed database using combined keywords related to horses (horse, equine), morphological traits (conformation, morphology, withers height, body length, etc.), and genetic parameters (heritability, genetic correlation). After initial screening, stringent inclusion criteria were applied: 1) the study had to report numerical estimates of h^2 or r_g ; and 2) each trait had to be investigated in at least three independent studies to allow for meaningful meta-analysis. From an initial pool of 34 relevant studies, data were ultimately extracted from 25 eligible publications. This included estimates for 14 morphological traits and 3 key pairs of genetic correlations. The meta-analysis was performed using the Random-Effects Model (REM) in R software (version 4.4.3) with the *metafor* package. The REM was chosen over the fixed-effects model as it explicitly accounts for between-study variance (τ^2), making it more suitable for the anticipated methodological and population heterogeneity across studies (e.g., different breeds, measurement protocols, and genetic models). Studies were weighted using the inverse-variance method. Heterogeneity among study estimates was statistically assessed using Cochran's Q test and quantified with the I^2 statistic. Publication bias and funnel plot asymmetry were examined using Egger's linear regression test and the non-parametric Trim-and-Fill method. Where significant heterogeneity was detected ($p < 0.05$ for Q), moderator (meta-regression) analysis was employed to identify potential sources, such as the time period of the study.

Results and Discussion: The meta-analysis yielded robust pooled estimates. Heritability for the 14 morphological traits ranged from low to high (0.08 to 0.75). Key structural traits exhibited moderate to high heritability, such as withers height ($h^2 = 0.55$, 95% CI: 0.39–0.72) and croup height ($h^2 = 0.75$, 95% CI: 0.61–0.89). In contrast, subjectively scored gait traits like walk showed low heritability ($h^2 = 0.08$). Genetic correlations among major biometric traits

were consistently positive and strong. For instance, the correlation between withers height and chest circumference was $r_g = 0.67$ (95% CI: 0.53–0.84), and between cannon bone circumference and chest circumference was $r_g = 0.72$ (95% CI: 0.50–0.93). Statistically significant heterogeneity among studies was detected only for the trait withers height (Q-test $p < 0.05$, $I^2 = 48.5\%$). This heterogeneity was successfully resolved through moderator analysis, identifying the study period as a significant source. After adjusting for this temporal effect, the heterogeneity became non-significant ($I^2 = 18.8\%$). For all other traits and for the genetic correlations, heterogeneity was negligible ($I^2 \approx 0\%$), indicating high consistency among the included studies. No significant publication bias was confirmed for the majority of traits based on Egger's test and Trim-and-Fill analysis. The moderate-to-high heritability estimates confirm a substantial additive genetic component for most conformational traits, indicating significant potential for genetic improvement through selection. This aligns with breed-specific studies showing tangible morphological change over decades of selective breeding (e.g., in the Murghese breed). The strong positive genetic correlations suggest shared genetic architectures and coordinated development, enabling efficient multi-trait selection. These correlations justify the use of advanced genetic evaluation models, such as multi-trait models or reduced-rank factor analytic models, which can enhance accuracy and computational efficiency. However, the findings necessitate a nuanced and balanced approach to breeding. The low heritability of some subjectively scored traits underscores the critical need for standardized, objective phenotyping protocols to minimize environmental noise and evaluator bias. Furthermore, the significant heterogeneity observed for withers height—explained by the study period—highlights the potential influence of evolving management practices, genetic trends, or measurement techniques over time, reinforcing the value of meta-analysis in contextualizing historical data. Most importantly, while the genetic parameters indicate potential for progress, they must be applied with caution. Evidence from studies on certain breeds (e.g., Rhenish German Coldbloods) reveals that strong positive genetic correlations can exist between desirable morphological traits (e.g., large bone circumference) and debilitating diseases like Chronic Progressive Lymphedema (CPL). This serves as a critical warning that intense single-trait selection for morphology, without considering correlated health responses, can have severe unintended consequences. Therefore, the successful exploitation of the genetic potential identified in this meta-analysis mandates the definition of balanced, multi-dimensional breeding objectives. These objectives must explicitly integrate traits for performance, durability, health, and welfare alongside conformation, and must be supported by rigorous management of inbreeding to preserve genetic diversity.

Conclusion: This meta-analysis provides consolidated, reliable estimates of genetic parameters for equine morphological traits, confirming their moderate-to-high heritability and strong positive inter-correlations. These results offer a robust scientific reference for designing and optimizing breeding programs across diverse horse breeds. To translate this genetic potential into sustainable improvement, breeding strategies must employ advanced genetic evaluations, precise phenotyping, and—above all—holistic breeding goals that ensure the long-term health, functionality, and genetic vitality of equine populations.

Keywords: Horse, Meta-analysis, Heritability, Genetic Correlation, Morphological Traits, Breeding.

فرا تحلیل وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی برخی صفات مورفولوژیک در اسب

کریم نوبری*

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۳۰

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۵/۰۱/۲۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۲/۱۹

۱-استادیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان تهران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ورامین، ایران.

Email: k.nobari@areeo.ac.ir

<https://doi.org/10.22067/IJASR.2026.97114.1288>

چکیده

پارامترهای ژنتیکی دقیق، پایه علمی برنامه های موثر اصلاح نژاد هستند. با توجه به تاثیر صفات فرم بدن بر عملکرد و سلامت اسب، برآوردهای متناقضی از وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی این صفات در مطالعات مختلف گزارش شده است. هدف از این مطالعه، انجام یک فراتحلیل جامع برای یکسان سازی و ارائه برآوردهای قابل اعتماد از این پارامترها بود. پس از جستجوی سیستماتیک در پایگاه PubMed و اعمال معیارهای ورود، داده های مربوط به ۱۴ صفت مورفولوژیک و ۳ جفت همبستگی ژنتیکی از ۲۵ مطالعه واجد شرایط استخراج شد. متاآنالیز با استفاده از مدل اثرات تصادفی در نرم افزار R انجام گرفت. نتایج نشان داد دامنه وراثت پذیری از پایین (۰/۰۸ برای صفت نمره قدم) تا بالا (۰/۷۵) برای ارتفاع کپل) متغیر است. وراثت پذیری صفات مهمی مانند ارتفاع جدوگاه متوسط (۰/۵۵) برآورد شد. همبستگی های ژنتیکی بین صفات کلیدی (مانند ارتفاع جدوگاه و دور سینه) مثبت و بالا (۰/۶۷ تا ۰/۷۲) بودند. ناهمگونی معنادار تنها برای صفت ارتفاع جدوگاه مشاهده شد که با استفاده از تعدیل گر زمانی برطرف گردید. بررسی های سوگیری با استفاده از آزمون Egger و پیرایش و پیش بینی، انتشار معناداری را تنها برای صفت ارتفاع جدوگاه نشان داد و برای سایر صفات معنی دار نبود. در مجموع، یافته ها حاکی از پتانسیل ژنتیکی قابل توجه برای بهبود اکثر صفات فرم بدن مانند ارتفاع جدوگاه، ارتفاع کپل، دور سینه، طول بدن و دور استخوان کانن، از طریق انتخاب هستند. همچنین صفات امتیازی ذهنی مانند قدم و طول سر فاقد معناداری آماری بودند که نیاز به استانداردسازی ارزیابی فنوتیپی را آشکار می سازد. برآوردهای همبستگی قوی نیز امکان طراحی برنامه های انتخاب چندصفتی کارآمد را فراهم می کند. این برآوردهای تجمیع شده می توانند برای طراحی و بهینه سازی برنامه های اصلاح نژاد در نژادهای مختلف اسب مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی: اسب، فراتحلیل (متاآنالیز)، وراثت پذیری، همبستگی ژنتیکی، صفات فرم بدن (مورفولوژیک)، اصلاح نژاد

مقدمه

هدف اصلی پرورش اسب، بهره‌برداری اقتصادی از توانایی‌های ورزشی، کاری و تفریحی این گونه است. برای دستیابی به این هدف بهبود پتانسیل‌های ژنتیکی صفات مرتبط با عملکرد، روشی پایدار و سودمند محسوب می‌شود. صفات ریخت‌شناختی یا فرم‌بدن، از جمله مهم‌ترین مؤلفه‌های انتخاب در بسیاری از نژادهای اسب هستند، زیرا با عملکرد ورزشی (مانند یورتمه و قدم)، سلامت (مانند سلامت اندام‌ها و مفاصل) و طول عمر اقتصادی ارتباط مستقیم دارند (Komosa و Purzyc، ۲۰۰۹؛ Coudkova و همکاران، ۲۰۲۱). با این حال، برآوردهای گزارش‌شده برای پارامترهای ژنتیکی این صفات (وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی) در مطالعات مختلف، تناقضات و ناهمگونی قابل توجهی نشان می‌دهد. این تناقضات می‌تواند ناشی از تفاوت در نژادها، مدل‌های آماری، روش‌های اندازه‌گیری، ساختار جمعیت و اثرات محیطی باشد. بنابراین، یکپارچه‌سازی این برآوردهای پراکنده از طریق فراتحلیل (متاآنالیز) می‌تواند تخمین‌های قابل اعتماد و تعمیم‌پذیری ارائه دهد که مبنای علمی برنامه‌های اصلاح نژاد کارآمد قرار گیرند.

تحقیقات انجام شده برای برآورد پارامترهای ژنتیکی، وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی صفات مختلف فرم‌بدن در نژادهای مختلف اسب (Bussiman و همکاران، ۲۰۱۸)، منجر به برآورد مقادیر مختلف پارامترهای ژنتیکی شده است. این تغییرپذیری برآوردهای پارامترهای ژنتیکی را می‌توان با استفاده از مدل اثرات تصادفی متاآنالیز به برآورد قابل اعتمادتری نسبت به تحقیق موردی بدست آورد، به طوری که قابل تعمیم به جمعیت بزرگتر باشد. بنابراین، این مطالعه با هدف جمع‌بندی و تلفیق مطالعات معتبر در زمینه پارامترهای ژنتیکی (وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی) صفات فرم‌بدن اسب و ارائه برآوردهای قابل اعتماد و تعمیم‌پذیر طراحی شد. برای این منظور فراتحلیل برآوردهای وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی بر اساس مدل اثرات تصادفی با استفاده از مقالات منتشر شده در مجلات معتبر انجام پذیرفت.

مواد و روشها

جستجو، غربالگری و معیارهای انتخاب مطالعات

جستجوی اولیه در پایگاه PubMed با استفاده از کلیدواژه‌های ترکیبی مرتبط با اسب (horse یا equine)، صفات فرم بدن (body length, withers height, morphology, conformation) و غیره) و پارامترهای ژنتیکی (heritability و genetic correlation) انجام شد. در مجموع ۳۴ مطالعه به عنوان مرتبط شناسایی گردید.

پس از استخراج داده‌ها، معیارهای ورود برای ورود به فراتحلیل نهایی اعمال شد: ۱) مطالعه می‌بایست برآورد عددی وراثت‌پذیری یا همبستگی ژنتیکی را گزارش کرده باشد؛ ۲) هر صفت می‌بایست در حداقل سه مطالعه مستقل بررسی شده باشد تا امکان برآورد معنادار پارامترهای ناهمگونی (مانند I^2 و τ^2) و انجام مدل اثرات تصادفی فراهم شود. این آستانه بر اساس توصیه‌های استاندارد کاکرین (Higgins & Green, 2011) و راهنماهای فراتحلیل (Borenstein et al., 2009; Valentine et al., 2010) انتخاب گردید که حداقل سه مطالعه را برای برآورد پایدار واریانس بین مطالعاتی ضروری می‌دانند. اعمال این معیارها منجر به انتخاب ۱۴ صفت مورفولوژیک و ۳ جفت صفت همبسته شد. در نهایت، داده‌های مورد نیاز از ۲۵ مطالعه که این معیارها را دارا بودند، استخراج و در فراتحلیل استفاده گردید (لیست کامل این ۲۵ مطالعه در پیوست ۱ ارائه شده است). در شکل ۱، تصویر شماتیکی از اسب به همراه نقاط اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک

مورد استفاده در این تحقیق ارائه شده است. همچنین لازم به توضیح است که صفات قدم (Walk) و یورتمه (Trot) به عنوان صفات حرکتی (gait traits) با روش نمره‌دهی خطی (linear scoring) توسط ارزیابان خبره ارزیابی شده‌اند و نه اندازه‌گیری خطی مستقیم.

روش آماری

انجام فراتحلیل با استفاده از بسته نرم‌افزاری metafor (Viechtbauer, ۲۰۱۰) در محیط نرم‌افزار R (نسخه ۴،۴،۳) انجام شد. از آنجا که مطالعات وارد شده از نظر نژاد، روش اندازه‌گیری، مدل ژنتیکی و شرایط محیطی با یکدیگر ناهمگون بودند، مدل اثرات تصادفی (REM) برای متاآنالیز انتخاب شد. این مدل فرض می‌کند که مطالعات مورد بررسی، نمونه‌ای از یک جامعه بزرگتر از مطالعات احتمالی هستند و واریانس بین مطالعات (τ^2) را به صراحت در برآوردها لحاظ می‌کند. این رویکرد نسبت به مدل اثرات ثابت، برآوردهای محافظه‌کارانه‌تر با فواصل اطمینان وسیع‌تر ارائه می‌دهد و برای تعمیم نتایج به موارد وسیع‌تر مناسب‌تر است. وزن‌دهی مطالعات بر اساس تعداد رکوردهای هر مطالعه انجام پذیرفت. از مدل اثرات تصادفی با برآوردگر REML استفاده شد. بر این اساس فرض می‌شود که بروندهای حقیقی (θ_i) دارای توزیع نرمال با میانگین μ و واریانس τ^2 خواهند بود:

$$\theta_i \sim N(\mu, \tau^2)$$

بنابراین، τ^2 عنوان مقدار ناهمگونی یا واریانس بین مطالعه‌ای شناخته می‌شود. مدل تصادفی مورد استفاده به صورت زیر بود.

$$y_i = \mu + u_i + \varepsilon_i$$

که در آن $u_i \sim N(0, \tau^2)$ و $\varepsilon_i \sim N(0, v_i)$ هستند و مدل برازش یافته برآوردهایی از μ و τ^2 ارائه می‌دهند. به طوری که μ به صورت زیر محاسبه می‌شود

$$\hat{\mu} = \frac{\sum_{i=1}^k w_i y_i}{\sum_{i=1}^k w_i}$$

که در آن $w_i = \frac{1}{(\tau^2 + v_i)}$ و $\hat{\tau}^2$ برآوردی از τ^2 می‌باشد. در اینجا $\hat{\tau}^2$ با استفاده از برآوردگر استاندارد معکوس واریانس (inverse-variance) بدست آمده است.

بنابراین وزن تصحیح شده $w_i^* = \frac{1}{v_i + \tau^2}$ بود و برآورد اثر با معادله $\hat{\theta} = \frac{\sum_{i=1}^k w_i^* y_i}{\sum_{i=1}^k w_i^*}$ انجام شد. خطای استاندارد برآورد اثر بدست آمده $SE(\hat{\theta}) = \sqrt{\frac{1}{\sum_{i=1}^k w_i^*}}$ بود که برای محاسبه فاصله اطمینان آماره Z با استفاده از معادله $Z = \frac{\hat{\theta}}{SE(\hat{\theta})}$ بدست آمد که سطح اطمینان آن برابر با $p = 2 \times [1 - \phi(|Z|)]$ است و در نهایت نقاط فاصله اطمینان ۹۵٪ بالا دست و پایین دست به صورت $\hat{\theta} + 1.96 \times SE(\hat{\theta})$ و $\hat{\theta} - 1.96 \times SE(\hat{\theta})$ بدست آمد. در فرمول‌های فوق k ، تعداد

مطالعات، y_i ، اندازه اثر آیین مطالعه، v_i ، واریانس خطای آیین مطالعه، w_i ، وزن اولیه مطالعه w_i^* ، وزن نهایی مطالعه $\hat{\theta}$ ، برآورد اندازه اثر و ϕ ، تابع توزیع نرمال استاندارد می‌باشد.

در مواردی که ناهمگونی در مشاهدات روئیت گردید، از تعدیل گر مناسبی که باعث از بین رفتن ناهمگونی می‌شود استفاده گردید. مدل مورد استفاده برای بکارگیری تعدیل گر به صورت زیر بود.

$$y_i = \mu + \beta_j x_{ij} + u_i + \varepsilon_i$$

همانند قبل $u_i \sim N(0, \tau^2)$ و $\varepsilon_i \sim N(0, v_i)$ هستند، مقدار متغیر تعدیل کننده λ برای مطالعه λ و β_j ، ضریب رگرسیونی تعدیل کننده می‌باشد.

بر این اساس، برآورد کلی پارامتر ژنتیکی (وراثت‌پذیری و همبستگی) با فاصله اطمینان ۹۵٪ و آماره‌های ناهمگونی محاسبه شد.

برای ترسیم مقادیر بدست آمده از هر مطالعه و مقدار کلی برآورد شده و فاصله‌های اطمینان آن از نمودار جنگل استفاده گردید.

ناهمگونی

ناهمگونی بین مطالعات با استفاده از آماره‌های Q ، I^2 ، H^2 و τ^2 ارزیابی شد. آزمون Q-cochran برای بررسی معنی‌داری آماری وجود ناهمگونی به کار رفت. شاخص I^2 نیز برای کمی کردن میزان ناهمگونی (کم، متوسط یا زیاد) محاسبه گردید. سطح معنی‌داری کمتر از ۰/۰۵ به عنوان معنی‌داری در نظر گرفته شد. معادله مورد استفاده برای هر یک از آماره‌های فوق به صورت زیر می‌باشد.

$$Q = \sum_{i=1}^k w_i (y_i - \hat{\theta})^2, \quad w_i = \frac{1}{v_i}$$

$$\tau^2 = \frac{Q - (k-1)}{\sum w_i - \frac{\sum w_i^2}{\sum w_i}}, \quad Q < (k-1) \rightarrow \tau^2 = 0$$

$$\tau = \sqrt{\tau^2}$$

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

$$H^2 = \frac{Q}{k-1}$$

تحلیل حساسیت و تشخیص مطالعات تاثیرگذار

برای شناسایی مطالعات تاثیرگذار بر نتایج کلی، بر اساس معیارهای مختلفی شامل مقادیر استاندارد شده حذفی (student) یا (Externally Standardized Residual)، تغییر در برآورد پارامترها با حذف هر مطالعه (DIFFITS)، فاصله کوچک

(Cook's distance)، نسبت کوواریانس (Covariance Ratio)، تفاوت برآوردهای بتا (DFBETAS یا Difference Fit BETA Standardized) و مقادیر بهینه h_i (hat values) استفاده شد. معادله مربوط به هر یک از موارد فوق به صورت زیر می باشد.

$$rstudent_i = \frac{y_i - \hat{\theta}_{(-i)}}{\sqrt{v_i + \hat{\tau}_{(-i)}^2}}$$

که در آن $\hat{\theta}_{-i}$ ، برآوردی از اثر حذف مطالعه i ام و $\hat{\tau}_{(-i)}^2$ نیز برآورد ناهمگونی بعد از حذف مطالعه i ام می باشد (Cook و Weisberg، ۱۹۸۲).

$$DFFITS = \frac{\hat{\theta} - \hat{\theta}_{(-i)}}{v_i + \hat{\tau}^2}$$

آماره DFFITS نشان می دهد که حذف مطالعه i ام، برآورد کلی اثر را به اندازه چند انحراف معیار تغییر می دهد (Hedges و Olkin، ۱۹۸۵).

$$D_i = \frac{(\hat{\theta} - \hat{\theta}_{(-i)})^2}{k \times SE(\hat{\theta})^2}$$

D_i یا فاصله کوک، فاصله ماهالانوبیس (فاصله اقلیدسی با در نظر گرفتن پراکندگی و همبستگی های داده ها) بین مجموعه مقادیر پیش بینی شده با و بدون مطالعه i ام را نشان می دهد (Viechtbauer، ۲۰۱۰). بطور خلاصه اگر فاصله کوک یک مطالعه بزرگتر باشد، حذف آن مطالعه باعث تغییر زیاد در نتایج شده و مطالعه تاثیرگذار قلمداد می شود.

$$cov.r_i = \frac{\det(Var(\hat{\theta}_{(-i)}))}{\det(Var(\hat{\theta}))}$$

$$DFBETAS_i = \frac{\hat{\theta} - \hat{\theta}_{(-i)}}{SE(\hat{\theta}_{(-i)})}$$

$$h_i = w_i^* = \frac{1}{v_i + \hat{\tau}^2}$$

هر مطالعه با داشتن یکی از شرایط $|DFFITS| > 3 \times \sqrt{\frac{k}{n}}$ ؛ $D_i > \frac{\chi_{0.5}^2(k)}{n}$ ؛ $h_i > 3 \times \frac{k}{n}$ و یا $|DFBETAS| > 1$ به عنوان مطالعه تاثیرگذار شناخته شد (Viechtbauer، ۲۰۱۰).

ارزیابی سوگیری انتشار و عدم تقارن

برای بررسی سوگیری انتشار و عدم تقارن در نمودار کیفی، از آزمون رگرسیون Egger با استفاده از تابع regtest بهره گیری شد. در این آزمون، رابطه بین اندازه اثر و خطای استاندارد به عنوان شاخصی از سوگیری انتشار مورد بررسی قرار گرفت. شاخص Fail safe N (تعداد مطالعات منتشر نشده یا ذکر نشده دارای اثرات کوچک و غیرمعنادار که برای بی معنی کردن

برآورد تجمعی لازم است) به سه روش روزنتال، اوروین و روزنبرگ محاسبه شد. روش پیرایش و پیش‌بینی (Trim and Fill) (دیووال (۲۰۰۵) برای تخمین تعداد مطالعات مفقود (یافت‌نشده) و تصحیح عدم‌تقارن نمودار کیفی استفاده شد. در این روش، مطالعات در سمت نامتقارن نمودار کیفی به ترتیب حذف (پیرایش) می‌شوند تا نمودار متقارن گردد و سپس مطالعات به صورت آینه‌ای به نمودار اضافه (پیش‌بینی) می‌شوند.

نتایج و بحث

توصیف داده ها

در جدول ۱ تعداد مطالعاتی که داده‌های آنها در هر صفت مورد استفاده قرار گرفتند، تعداد رکوردهای مورد استفاده برای آن صفت، میانگین وزنی، انحراف استاندارد و ضرایب تغییرات دارای واحد اندازه‌گیری متناظر در صفات مختلف در بررسی مقدار وراثت‌پذیری آورده شده است. در شکل ۱، تصویر شماتیک اسب با نقاط اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک ارائه شده است. صفات قدم، یورتمه، تیپ، چارچوب و طول سر با نمره‌دهی خطی ارزیابی شده‌اند.

بررسی ضرایب تغییرات فنوتیپی (CV) در جدول ۱ نشان می‌دهد که صفت چارچوب (Frame) با مقدار ۶۹/۵۷٪ بیشترین تنوع را دارد که به دلیل ماهیت امتیازی ذهنی آن و تفاوت در ارزیابی‌های نژادی قابل انتظار است. در مقابل، صفت ارتفاع جدوگاه (WH) با مقدار ۲/۸۱٪ کمترین ضریب تغییرات را داراست که نشان‌دهنده پایداری بالای این صفت بیومتریکی در جمعیت‌های مختلف اسب می‌باشد.

در جدول ۲ نیز صفات همبسته مورد بررسی، تعداد مطالعات و تعداد افراد مورد مطالعه و میانگین و انحراف معیار برآوردهای مطالعات آورده شده است.

صفات همبسته مورد بررسی دارای داده در حداقل سه مطالعه، به طور متوسط، دارای همبستگی بالایی بودند. توجه به بررسی این صفات در مطالعات بیشتر می‌تواند ناشی از اندازه بزرگ آنها باشد.

برآوردهای وراثت پذیری

اندازه برآوردهای حاصل از فراتحلیل وراثت‌پذیری هر یک از صفات و همچنین پارامترهای مربوط به سوگیری و ناهمگونی در جدول ۳ آورده شده است.

بیشترین وراثت‌پذیری به ترتیب برای ارتفاع کپل ($h^2=0.749$; CI: ۰/۶۱ – ۰/۸۹) و ارتفاع جدوگاه ($h^2=0.39$ – ۰/۷۲) CI: ۰/۳۹ – ۰/۷۲) مشاهده گردید. از میان ۱۴ صفت، ۱۱ صفت دارای وراثت‌پذیری معنادار آماری ($p<0.05$) با دامنه متوسط تا بالا بودند که نشان‌دهنده پتانسیل ژنتیکی قابل توجه برای بهبود از طریق انتخاب است. صفات قدم (Walk)، طول سر (Head Length) و طول پشت (Croup Length) به ترتیب با مقادیر ۰/۰۷۷، ۰/۱۷۰، ۰/۲۰۹، ($p = 0.003$) و ۰/۱۴۸ ($p = 0.009$) فاقد معناداری آماری بودند. بالاترین خطای استاندارد مربوط به طول سر ($SE = 0.164$) است که با تعداد کم مطالعات (۳ مطالعه) و عدم معناداری همراه می‌باشد.

آماره Q و سطح اطمینان معنی‌داری آن برای تشخیص ناهمگونی برآوردهای وراثت پذیری آورده شده است. با توجه به سطح اطمینان Q تنها صفت ارتفاع جدوگاه دارای ناهمگونی معنی‌دار تشخیص داده شده‌اند، هر چند آماره I^2 نشان دهنده ناهمگونی متوسط برآوردهای آن می‌باشد. برای رفع ناهمگونی، مطالعات بر اساس طول دوره رکوردبرداری به چهار گروه مجزا تقسیم شدند که منعکس‌کننده عمق شجره، تعداد داده‌ها و روش‌های آماری مورد استفاده می‌باشند. دامنه زمانی رکوردهای مورد استفاده به رکوردبرداری بلندمدت (دامنه سالهای ۱۹۷۰ تا ۲۰۲۲ و سالهای ۱۹۶۷ تا ۲۰۰۵)، میان‌مدت (۱۹۹۰ تا ۱۹۹۹ یا ۲۰۰۰ تا ۲۰۰۹)، اخیر (۲۰۱۰ تا ۲۰۱۹ یا ۲۰۲۰ تا ۲۰۲۵) و سایر (مواردی که در دامنه‌های فوق قرار نداشتند)، تقسیم‌بندی شده و به عنوان تعدیل‌گر در مدل رگرسیونی قرار داده شدند. اگرچه نژاد نیز به عنوان تعدیل‌گر بالقوه بررسی شد، اما به دلیل تنوع بالای نژادها نتوانست ناهمگونی را به طور معناداری کاهش دهد. اعمال تعدیل‌گر زمانی، با موفقیت ناهمگونی را برطرف کرد. بعد از بکارگیری تعدیل‌گر زمانی ذکر شده، اندازه Q ، سطح اطمینان Q و I^2 به ترتیب ۲۳/۷۷۲، ۰/۳۰۴ و ۱۸/۸ بدست آمدند. با وجود ناهمگونی اندک برای برخی صفات، به دلیل وجود تنوع ذاتی در نژادها، جمعیت‌ها و روش‌های اندازه‌گیری در جامعه مطالعاتی، استفاده از مدل اثرات تصادفی رویکرد محافظه‌کارانه‌تر و تعمیم‌پذیرتر نسبت به مدل اثرات ثابت است. براساس شاخص I^2 ، میزان ناهمگونی برای اکثر صفات مورد بررسی صفر بودند که نشان دهنده همگون بودن برآوردهای مطالعات مورد استفاده در این تحلیل می‌باشد. این برآوردهای اندک ناهمگونی (کمتر از متوسط یا صفر) مطالعات وراثت‌پذیری مورد استفاده در این مطالعه، نشان‌دهنده صحت برآوردها و عدم وجود ادعاهای کاذب می‌باشد.

نمودار جنگل برای برآوردهای بدست آمده در هر مطالعه و برآورد متا در شکل ۲ آورده شده است. میزان برآوردها به همراه دامنه اطمینان ۹۵٪ آورده شده است. برای تشریح وضعیت تغییر برآوردهای بدست آمده در صفت ارتفاع جدوگاه نمودار کیفی حاصل از رگرسیون تصادفی و پیرایش و پیش‌بینی شده قبل از بکارگیری تعدیل‌گر و نمودار کیفی بعد از بکارگیری تعدیل‌گر در شکل ۳ آورده شده است.

در نمودار کیفی اولیه به وضوح عدم‌تقارن مشاهده می‌شود که بعد از پیرایش و پیش‌بینی، مطالعات گم شده در نقاط توخالی پیش‌بینی می‌شود. بعد از استفاده از تعدیل‌گر تقارن قابل قبولی برای میزان وراثت‌پذیری بدست آمده است.

در بررسی عدم‌تقارن برآوردها و روش پیرایش (Trim) و پیش‌بینی (Fill) با استفاده از روش دیووال (۲۰۰۵)، برای صفت ارتفاع در ناحیه جدوگاه ۱۱ مطالعه گم‌شده (منتشرنشده با وراثت‌پذیری پایین و خطای استاندارد بالا) برآورد گردید که نشان‌دهنده وجود عدم‌تقارن در نمودار کیفی و احتمال سوگیری انتشار است. با این حال، پس از اعمال تعدیل‌گر زمانی، این عدم‌تقارن به طور قابل توجهی کاهش یافت. علاوه بر آن مطالعات گم‌شده‌ای برای صفات طول‌گردن (۴ مطالعه)، طول‌بدن (۳)، قدم (۳)، طول‌پشت (۲)، چارچوب (۲)، ارتفاع کپل (۲)، تیپ (۲) و دور استخوان کانن (۱) بدست آمد که نمودار کیفی قبل و بعد از پیرایش و پیش‌بینی آنها در شکل ۴ آورده شده است. مصورسازی میزان تقارن در نمودار کیفی بدست آمده برای سایر صفات در شکل ۵ آورده شده است.

برآوردهای همبستگی

مقدار اثر و ناهمگونی برآوردهای همبستگی ژنتیکی سه جفت صفت فرم‌بدنی، که حداقل در سه مطالعه گزارش شده بودند، بدست آمده از مدل اثر تصادفی متا آنالیز در جدول ۴ آورده شده است. محدودیت اصلی این فراتحلیل، کمبود مطالعات با همبستگی ژنتیکی قابل استخراج برای سایر صفات (از ۱۴ صفت مورد بررسی) است و این موضوع به عنوان یک شکاف تحقیقاتی در نظر گرفته می‌شود. اندازه اثر همه همبستگی‌ها بالا، معنی‌دار ($p < 0.05$) و بدون ناهمگونی ($I^2 = 0$) بودند. با توجه به مقادیر مربوط به دامنه اطمینان ۹۵٪ ارائه شده در همه موارد کرانه پایین برآوردها نیز بالا بودند. بیشترین همبستگی مشاهده شده بین دور استخوان کانن و دور سینه می‌باشد.

آزمون ناهمگونی کوکران (Q-test) در هیچ یک از مقایسه‌ها از نظر آماری معنادار نبود ($p > 0.05$). این نتیجه حاکی از آن است که واریانس مشاهده‌شده در اندازه اثر مطالعات، نه تفاوت واقعی بین آن‌ها بلکه بیشتر ناشی از خطای نمونه‌گیری درون مطالعات است.

نمودار جنگل برای برآورد همبستگی متا به همراه دامنه اطمینان ۹۵٪ و برآوردهای و دامنه اطمینان آنها در مطالعات مختلف در شکل ۶ نشان داده شده است.

برای بررسی وضعیت سوگیری انتشار و عدم‌تقارن پراکندگی برآوردهای همبستگی مطالعات از نمودار قیفی استفاده شد که در شکل ۷ آورده شده است.

بررسی نمودار قیفی نشان‌داد که برآوردهای همبستگی مطالعات بررسی متقارن بودند.

بحث

نتایج این فراتحلیل با یکپارچه‌سازی برآوردهای پارامترهای ژنتیکی از ۲۵ مطالعه، تخمین‌های جامع و قابل اعتمادی از وراثت‌پذیری ۱۴ صفت مورفولوژیک و همبستگی‌های ژنتیکی ۳ جفت صفت کلیدی در اسب ارائه می‌دهد. یافته‌های حاصل، تصویر روشن‌تری از ساختار ژنتیکی کنترل‌کننده صفات فرم‌بدن ترسیم کرده و ابعاد مهمی را برای طراحی راهبردهای اصلاح نژادی مؤثر و پایدار روشن می‌سازد. تفسیر این نتایج در چارچوب وسیع‌تر مطالعات ژنتیک کمی اسب، که برای نژادهای مختلف و با روش‌شناسی‌های متنوع انجام شده‌اند، نه تنها همسویی این برآوردها را تأیید می‌کند، بلکه قابلیت‌های عملی مهمی برای برنامه‌های اصلاحی به همراه دارد.

برآوردهای نسبتاً بالای وراثت‌پذیری برای صفات مورفومتریک اصلی مانند ارتفاع جدوگاه (۰/۵۵) و ارتفاع کپل (۰/۷۵) در این متاآنالیز، نشان‌دهنده سهم قابل توجه واریانس ژنتیکی افزایشی در کنترل این صفات است. این سطح از وراثت‌پذیری، پتانسیل مطلوب برای پاسخ به انتخاب را پیش‌بینی می‌کند. این یافته با نتایج مطالعات روی نژادهای خاص همخوانی دارد. به عنوان مثال، در نژاد ساردینیان آنگلو عرب^۱، وراثت‌پذیری ارتفاع جدوگاه ۰/۷۸ برآورد شده است (Giontella و همکاران، ۲۰۲۰). در نژاد مورگزه^۲ ایتالیا، وراثت‌پذیری همین صفت ۰/۲۴ گزارش شده که همراه با افزایش تدریجی

¹ Sardinian Anglo Arab, SAA

² Murgesse

میانگین این صفت طی هشت دهه، نشان‌دهنده تحقق عملی این پتانسیل و پیشرفت مورفولوژیک جهت‌دار در پاسخ به اهداف انتخاب است (Dario و همکاران، ۲۰۰۶). این پژوهش به وضوح نشان می‌دهد که انتخاب هدفمند و مستمر می‌تواند حتی در بازه‌های زمانی چند دهه‌ای منجر به انطباق نژاد با نیازهای جدید اقتصادی شود. در مقابل، برآوردهای پایین‌تر برای برخی صفات امتیازی ذهنی مانند قدم (۰/۰۸)، بر تأثیر غالب عوامل غیرژنتیکی مانند سلیقه ارزیاب، شرایط مدیریتی و تمرین تأکید دارد. این یافته لزوم استانداردسازی دقیق پروتکل‌های ارزیابی فنوتیپی و لحاظ کردن اثرات ثابت مرتبط با ارزیاب در مدل‌ها را برای افزایش دقت برآوردها پررنگ می‌کند.

تفاوت‌های بین‌نژادی در برآوردهای وراثت‌پذیری نیز مشهود است. به عنوان مثال، در نژاد ترکمن ایرانی، وراثت‌پذیری ارتفاع جدوگاه ۰/۲۶ و طول بدن ۰/۲۴ برآورد شده است (Ghezelsoflou و همکاران، ۲۰۱۸). این تفاوت‌ها می‌تواند ناشی از عواملی مانند فراوانی آلی متافوت، تاریخچه انتخاب مجزا، اندازه جمعیت موثر و مدل‌های آماری مورد استفاده باشد. بنابراین، اگرچه برآوردهای فراتحلیل حاضر می‌تواند به عنوان مقادیر مرجع کلی در نظر گرفته شود، کالیبره کردن این مقادیر با استفاده از داده‌های جمعیت خاص برای دستیابی به حداکثر دقت در برنامه‌های اصلاح نژاد توصیه می‌شود.

تأکید بر پارامترهای ژنتیکی نباید باعث غفلت از اثرات محیطی و مدیریتی قدرتمند بر صفات فرم‌بدن شود. مطالعات در جمعیت‌های خاص به وضوح سهم این عوامل را نشان می‌دهند. به عنوان مثال، در مطالعه بر روی اسب ترکمن ایرانی، اثر جنسیت بر چندین صفت از جمله ارتفاع جدوگاه و عرض سینه معنادار بود. همچنین، اثر منطقه جغرافیایی (استان) که احتمالاً نماینده‌ای از تفاوت‌های مدیریتی، تغذیه‌ای و آب‌وهوایی است، بر برخی صفات تأثیرگذار گزارش شد (Ghezelsoflou و همکاران، ۲۰۰۶). این یافته‌ها تأکید می‌کنند که برای دستیابی به دقت بالا در ارزیابی ژنتیکی، لازم است اثرات ثابت مهمی مانند جنسیت، سن، سال/فصل اندازه‌گیری و محل پرورش به درستی در مدل‌های ژنتیکی شناسایی و تصحیح شوند. غفلت از این عوامل می‌تواند به برآوردهای نادرست از پارامترهای ژنتیکی و در نهایت، کاهش کارایی انتخاب بیانجامد.

در اصلاح ژنتیکی صفات ریخت‌شناختی اسب به واسطه همبستگی بین این نوع صفات معمولاً از مدل چندصفتی استفاده می‌شود (Vostry و همکاران، ۲۰۱۷). مزیت بهره‌گیری از چندین صفت با در نظر گرفتن همبستگی ژنتیکی بین آنها باعث کاهش ارباب در ارزیابی‌های ژنتیکی می‌شود (Boligon و همکاران، ۲۰۱۵). همبستگی‌های ژنتیکی مثبت و بالا بین صفات مورفومتریک کلیدی، که در این فراتحلیل تأیید شد (مانند همبستگی ۰/۶۷ بین ارتفاع جدوگاه و دور سینه)، الگویی گسترده و به‌کرات گزارش‌شده در منابع تخصصی است (de Oliveira Bussiman و همکاران، ۲۰۲۲). برای نمونه، در نژاد کمپولینای برزیل، بیش از ۸۰ درصد از همبستگی‌های ژنتیکی برآوردشده بین صفات مورفومتریک مثبت بوده است (de Oliveira Bussiman و همکاران، ۲۰۲۲). این ساختار همبستگی قوی، قابلیت‌های عملی مهمی در بر دارد. نخست، دلالت بر وجود مکانیسم‌های ژنتیکی مشترک و نقش پلی‌تروپی ژن‌ها در کنترل یکپارچه رشد و توسعه بدن دارد. دوم، امکان انتخاب غیرمستقیم را فراهم می‌سازد، به‌این معنا که بهبود ژنتیکی یک صفت می‌تواند به‌طور همزمان باعث پیشرفت در صفات همبسته مثبت دیگر شود و زمینه را برای طراحی شاخص‌های انتخاب کارآمدتر فراهم کند. سوم، به‌دلیل تراکم اطلاعات ژنتیکی در تعداد محدودی از عوامل زیربنایی، استفاده از مدل‌های آماری رتبه کاهش‌یافته مانند

مدل تحلیل عاملی یا مدل مؤلفه‌های اصلی را توجیه می‌نماید (Meyer, ۲۰۰۷؛ de Oliveira Bussiman و همکاران، ۲۰۲۲). این مدل‌ها می‌توانند پیچیدگی محاسباتی ارزیابی‌های چندصفتی را به‌طور چشمگیری کاهش دهند، بی‌آنکه دقت برآوردها را قربانی نمایند.

برآوردهای جامع ارائه‌شده در این فراتحلیل، مبنای علمی معتبری برای طراحی یا به‌روزرسانی برنامه‌های اصلاح‌نژاد در نژادهای مختلف اسب فراهم می‌آورد. برای بهره‌برداری بهینه از این پتانسیل و پرهیز از تله‌های احتمالی، رعایت چند نکته کلیدی ضروری است. نخست، اهداف انتخاب باید به‌صورت چندبعدی و واضح تعریف شوند تا تعادل بهینه‌ای بین بهبود فرم، عملکرد، سلامت و طول عمر برقرار گردد. در این زمینه، نتایج مطالعاتی مانند تحقیق روی بیماری ورم لنفاوی مزمن پیش‌رونده^۳ و همبستگی ژنتیکی مثبت بالای آن با صفات مطلوب مورفولوژیک، باید به‌طور جدی در تعریف اهداف برای نژادهای مستعد مدنظر قرار گیرند (Distl و Sievers, ۲۰۲۴). دوم، بهره‌گیری از مدل‌های ارزیابی ژنتیکی پیشرفته مانند مدل‌های چندصفتی^۴ که به دلیل در نظر گرفتن همبستگی‌ها استاندارد محسوب می‌شوند، ضروری است. برای جمعیت‌هایی با تعداد صفات زیاد، مدل‌های رتبه کاهش‌یافته (مانند مدل تحلیل عاملی، FAM) می‌توانند گزینه‌ای کارآمد و عملی باشند (Meyer, ۲۰۰۷؛ de Oliveira Bussiman و همکاران، ۲۰۲۲). سوم، فنوتیپ‌سازی دقیق و استاندارد، به ویژه برای صفات امتیازی، و نیز شناسایی و لحاظ کردن دقیق اثرات محیطی و غیرژنتیکی مهم در مدل‌ها برای کاهش واریانس خطا، حیاتی است. چهارم، مدیریت فعال تنوع ژنتیکی از طریق پایش و کنترل همخوانی برای حفظ سلامت و قابلیت انطباق نژاد در بلندمدت اجتناب‌ناپذیر است. سرانجام، با توجه به اینکه تغییرات مورفولوژیک مطلوب در گام‌های زمانی دهه‌ای محقق می‌شوند، تداوم و ثبات در اجرای برنامه‌های اصلاح نژاد شرط قطعی موفقیت است.

اگرچه این فراتحلیل با استفاده از روش‌های استاندارد انجام شده، دارای محدودیت‌هایی است که باید در تفسیر نتایج مدنظر قرار گیرند. نخست، ناهمگونی روش‌شناختی بین مطالعات از جمله تفاوت در مدل‌های ژنتیکی (حیوانی در مقابل والدی)، روش‌های برآورد (REML در مقابل بیزی) و پروتکل‌های اندازه‌گیری می‌تواند بر برآوردهای تجمعی تأثیر گذاشته باشد. دوم، ادغام داده‌ها از نژادهای بسیار متنوع (از پونی‌های کوچک تا اسب‌های سنگین‌وزن) ممکن است برآوردهای کلی را تحت تأثیر قرار دهد، اگرچه استفاده از مدل اثرات تصادفی بخشی از این واریانس را در نظر می‌گیرد. سوم، وجود سوگیری انتشار که با روش پیرایش و پیش‌بینی برای برخی صفات شناسایی شد، نشان می‌دهد که ممکن است مطالعاتی با نتایج نامعتبر یا غیرمعنادار منتشر نشده باشند، که این می‌تواند باعث اریب‌اندک در برآوردهای میانگین به سمت بزرگ‌نمایی اثر شود. سرانجام، کیفیت و دقت برآوردهای اولیه به دقت ارزیابی و ثبت فنوتیپ و حجم نمونه در هر مطالعه وابسته است.

نتیجه‌گیری

³ Chronic Progressive Lymphedema, CPL

⁴ Multi-Trait Model, MTM

این فراتحلیل با تلفیق شواهد موجود، مؤید این است که صفات فرم‌بدن در اسب عموماً از وراثت‌پذیری متوسط تا بالا و همبستگی ژنتیکی مثبت قوی با یکدیگر برخوردارند. بر اساس سه جفت همبستگی ژنتیکی بررسی‌شده در این مطالعه (ارتفاع جدوگاه با دورسینه، ارتفاع جدوگاه با دور استخوان کانن، و دور استخوان کانن با دورسینه)، همبستگی ژنتیکی مثبت قوی بین این جفت صفات وجود دارد. این ویژگی‌ها بستر ژنتیکی مساعدی برای اصلاح نژاد موفق فراهم می‌آورند. با این حال، موفقیت در عمل منوط به رکوردبرداری و ارزیابی فنوتیپی دقیق و استاندارد، استفاده از روش‌های پیشرفته مدل‌سازی ژنتیکی، و مهم‌تر از همه، تعریف اهداف انتخاب واضح و همه‌جانبه است که تعادل بهینه‌ای بین فرم، عملکرد، سلامت و رفاه اسب را در بلندمدت برقرار نماید. مطالعات آتی با تمرکز بر برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات فرم بدنی و شاخص‌های عملکردی، سلامتی و ماندگاری در نژادهای مختلف، و نیز کاربرد عملی مدل‌های رتبه کاهش‌یافته در ارزیابی ژنتیکی، این چارچوب دانش را تکمیل و غنی نمایند.

جدول ۱- صفات مورد بررسی، تعداد مطالعات و خصوصیات فنوتیپی آنها در فراتحلیل برآورد وراثت‌پذیری

Table 1- Traits examined, number of studies, and their phenotypic characteristics in the meta-analysis of heritability estimation

صفت Trait	واحد اندازه‌گیری Unit of Measurement	تعداد مطالعات Number of Studies	تعداد رکوردها Number of Records	میانگین وزنی فنوتیپ Weighted Phenotypic Mean	انحراف معیار Standard Deviation	ضریب تغییرات Coefficient of Variation
WH	CM	26	251157	157.1	4.42	2.81
CBC	CM	13	108436	19.6	0.93	4.74
BL	CM	10	124256	157.5	5.68	3.61
NL	CM	8	106688	66.2	4.20	6.34
CG	CM	6	73220	181.9	7.37	4.05
CW	CM	5	57835	34.3	2.38	6.93
CL	CM	5	49801	55.7	5.34	9.58
Frame	Score	4	12259	5.2	3.60	69.57
SL	CM	4	116562	63.6	3.39	5.33
Walk	Score	5	40092	6.8	0.50	7.42
HL	Score	3	42454	62.3	2.35	3.77
HaC	CM	6	63529	151.7	4.72	3.11
Trot	Score	4	13580	7.2	0.90	12.50
Type	Score	4	18360	7.2	0.85	11.77

WH: ارتفاع جدوگان، CBC: دور استخوان کانن، BL: طول بدن، NL: طول گردن، CG: دورسینه، CW: عرض سینه، CL: طول پشت، Frame: چارچوب، SL: طول شانه، Walk: قدم، HL: طول سر، HaC: ارتفاع کپل، Trot: یورتمه، Type: تیپ

WH: Withers Height, CBC: Cannon Bone Circumference, BL: Body Length, NL: Neck Length, CG: Chest Girth, CW: Chest Width, CL: Croup Length, Frame: Frame Score, SL: Shoulder Length, Walk: Walk, HL: Head Length, HaC: Height at Croup, Trot: Trot, Type: Type (Conformation)

جدول ۲- تعداد و خصوصیات مطالعات مورد استفاده برای فراتحلیل همبستگی ژنتیکی

Table 2- Number and Characteristics of Studies Used for the Meta-Analysis of Genetic Correlations

صفات همبسته Correlated Traits	تعداد مطالعات Number of Studies	تعداد رکوردها Number of Records	میانگین همبستگی Mean Correlation	انحراف معیار همبستگی Standard Deviation of the Correlation
WH-CG	4	32985	0.6775	0.0277
WH-CBC	5	21091	0.6778	0.0383
CBC-CG	3	21091	0.7123	0.0370

WH-CG: همبستگی ژنتیکی ارتفاع جدوگاه با دورسینه؛ WH-CBC: همبستگی ژنتیکی ارتفاع جدوگاه با دور استخوان کانن؛ CBC-CG: همبستگی ژنتیکی دور استخوان کانن با دورسینه

WH-CG: Genetic correlation between withers height and chest girth; WH-CBC: Genetic correlation between withers height and cannon bone circumference; CBC-CG: Genetic correlation between cannon bone circumference and chest girth

جدول ۳- برآوردهای فراتحلیل وراثت پذیری صفات بیومتریکی و پارامترهای ناهمگونی

Table 3- Meta-Analysis Estimates of Heritability for Biometric Traits and Parameters for Heterogeneity

صفت Trait	Estimated Heritability	Standard Error	فاصله اطمینان Confidence Interval	p-value h ²	Q	p-value Q	I ²	tau ²	H ²
WH	0.550	0.084	0.385-0.715	0.000	50.509	0.002	48.5	0.027	1.9
CBC	0.414	0.050	0.315-0.512	0.000	9.680	0.644	0	0	1.0
BL	0.395	0.073	0.217-0.502	0.000	8.891	0.439	19.3	0.010	1.2
NL	0.154	0.056	0.044-0.264	0.006	4.572	0.712	1.5	0.000	1.0
CG	0.377	0.066	0.247-0.507	0.000	2.767	0.736	0	0	1.0
CW	0.199	0.099	0.004-0.394	0.046	0.409	0.982	0	0	1.0
CL	0.148	0.087	-0.022-0.318	0.089	0.833	0.934	0	0	1.0
Frame	0.222	0.092	0.042-0.403	0.016	1.346	0.718	0	0	1.0
SL	0.231	0.082	0.071-0.392	0.005	1.861	0.761	0	0	1.0
Walk	0.077	0.056	-0.033-0.186	0.170	2.791	0.593	0	0	1.0
HL	0.209	0.164	-0.113-0.531	0.203	0.373	0.830	0	0	1.0
HaC	0.749	0.071	0.609-0.889	0.000	3.889	0.566	0	0	1.0
Trot	0.301	0.100	-0.105-0.497	0.003	2.326	0.508	0	0	1.0
Type	0.241	0.095	0.054-0.428	0.011	1.736	0.629	0	0	1.0

WH: ارتفاع جدوگان، CBC: دور استخوان کانن، BL: طول بدن، NL: طول گردن، CG: دورسینه، CW: عرض سینه، CL: طول پشت، Frame: چارچوب، SL: طول شانه، Walk: قدم، HL: طول سر، HaC: ارتفاع کپل، Trot: یورتمه، Type: تیپ

WH: Withers Height, CBC: Cannon Bone Circumference, BL: Body Length, NL: Neck Length, CG: Chest Girth, CW: Chest Width, CL: Croup Length, Frame: Frame Score, SL: Shoulder Length, Walk: Walk, HL: Head Length, HaC: Height at Croup, Trot: Trot, Type: Type (Conformation)

جدول ۴- اندازه اثر و ناهمگونی همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده

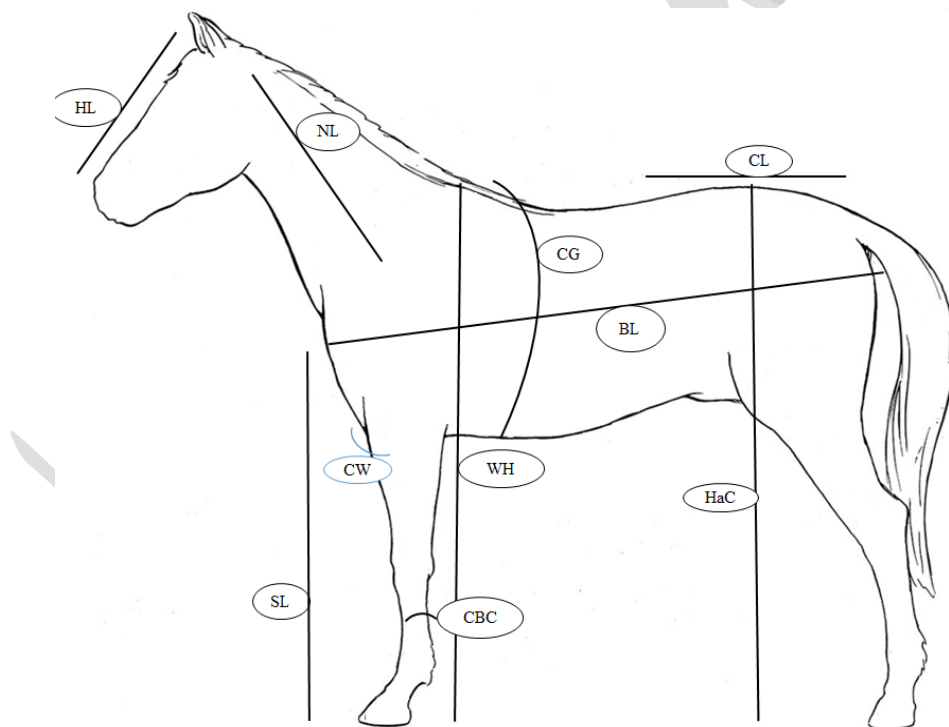
Table 4- Effect Size and Heterogeneity of Estimated Genetic Correlations

صفات همبسته Correlated Traits	تعداد مطالعات Number of Studies	برآورد همبستگی ژنتیکی Estimated Genetic Correlation	خطای استاندارد برآورد Standard Error of the Estimate	فاصله اطمینان Confidence Interval	برآورد همبستگی p-value of the Estimated Correlation	Q	p-value Q	I ²	tau ²	H ²
WH-CG	4	0.685	0.080	0.528-0.843	0.000	0.196	0.978	0	0	1
WH-CBC	5	0.671	0.083	0.509-0.833	0.000	2.695	0.610	0	0	1
CBC-CG	3	0.719	0.110	0.504-0.934	0.000	0.277	0.871	0	0	1

WH-CG: همبستگی ژنتیکی ارتفاع جدوگاه با دور سینه؛ WH-CBC: همبستگی ژنتیکی ارتفاع جدوگاه با دور استخوان کانن؛ CBC-CG: همبستگی ژنتیکی دور استخوان کانن با دور سینه

WH-CG: Genetic correlation between withers height and chest girth; WH-CBC: Genetic correlation between withers height and cannon bone circumference; CBC-CG: Genetic correlation between cannon bone circumference and chest girth

اشکال



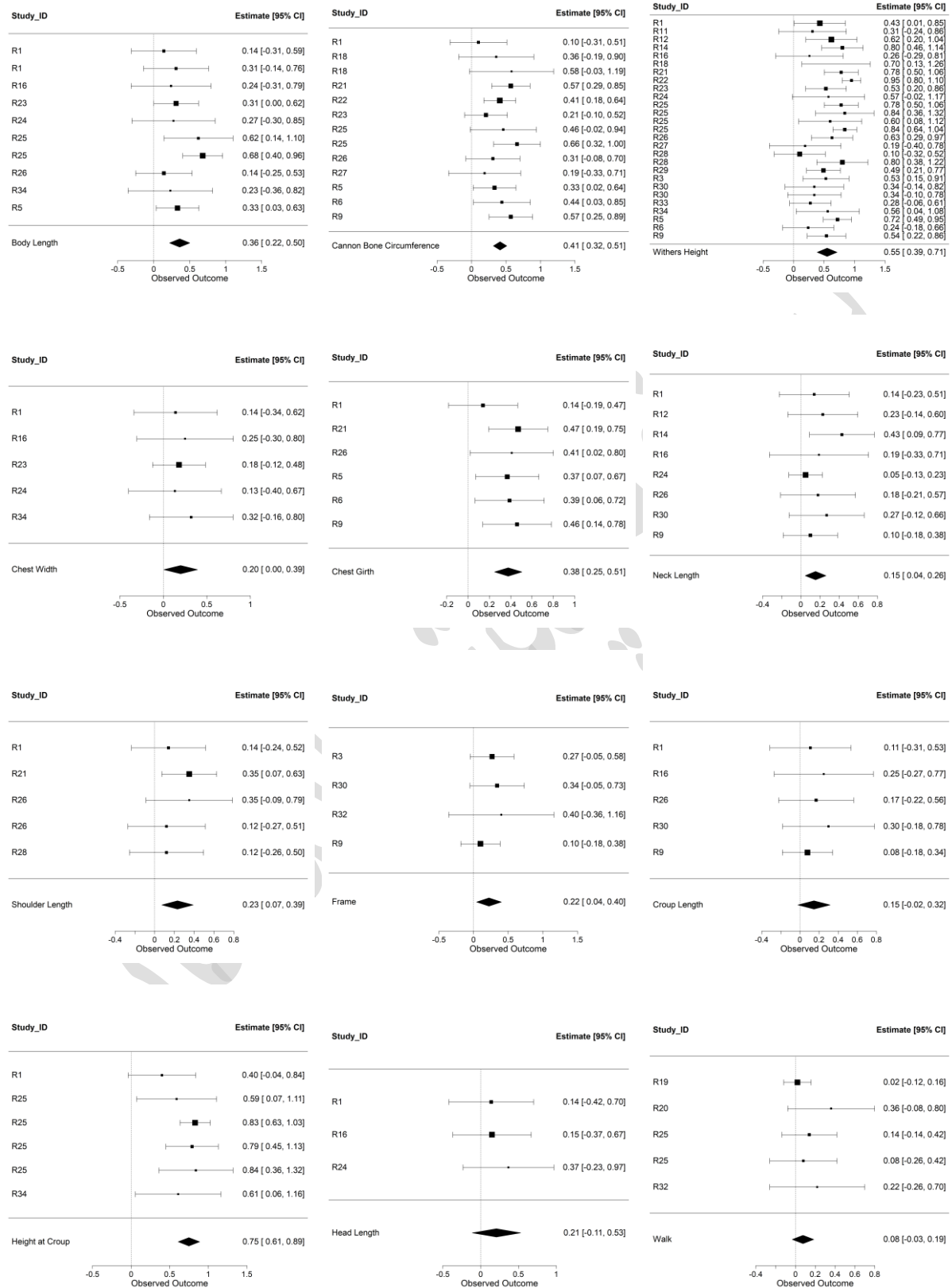
شکل ۱- تصویر شماتیک اسب با نقاط اندازه گیری صفات ریخت‌شناختی

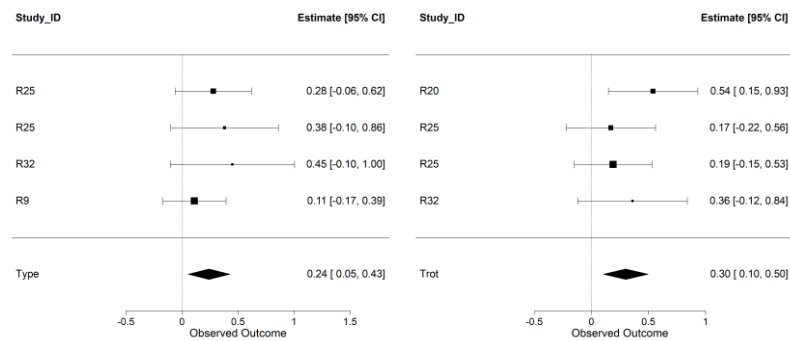
Figure 1- Schematic image of horse with biometric characteristics

WH: ارتفاع جدوگان، CBC: دور استخوان کانن، BL: طول دن، NL: طول گردن، CG: دور سینه، CW: عرض سینه، CL: طول پشت، SL: طول شانه، HL: طول سر، HaC: ارتفاع

کپل

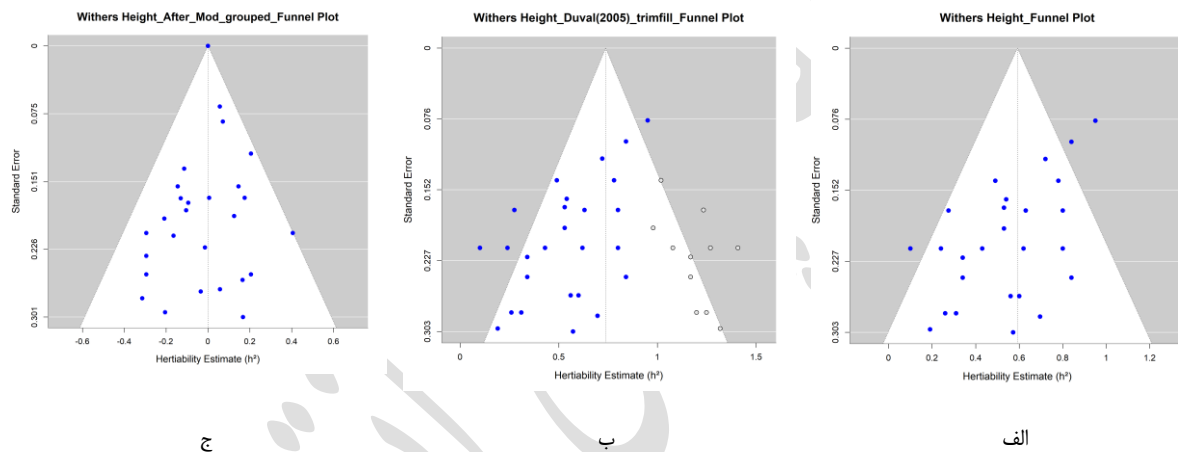
WH: Withers Height, CBC: Cannon Bone Circumference, BL: Body Length, NL: Neck Length, CG: Chest Girth, CW: Chest Width, CL: Croup Length, SL: Shoulder Length, HL: Head Length, HaC: Height at Croup





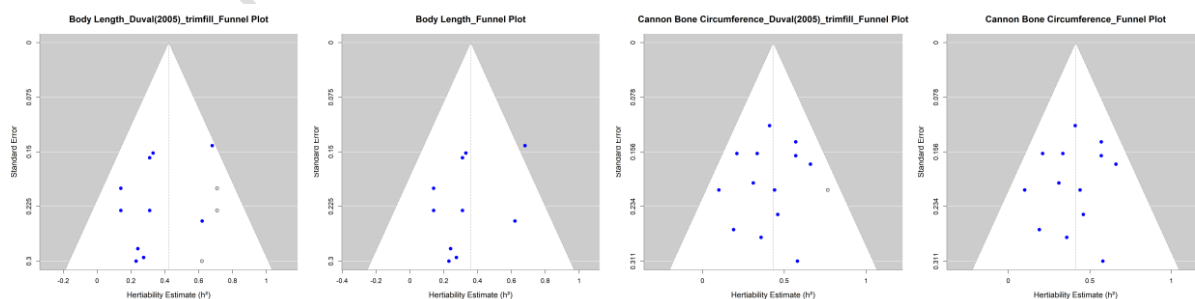
شکل ۲- نمودار جنگل برآوردهای وراثت پذیری برای صفات مختلف در مطالعات مورد بررسی و برآورد متا به همراه فاصله اطمینان ۹۵ درصد

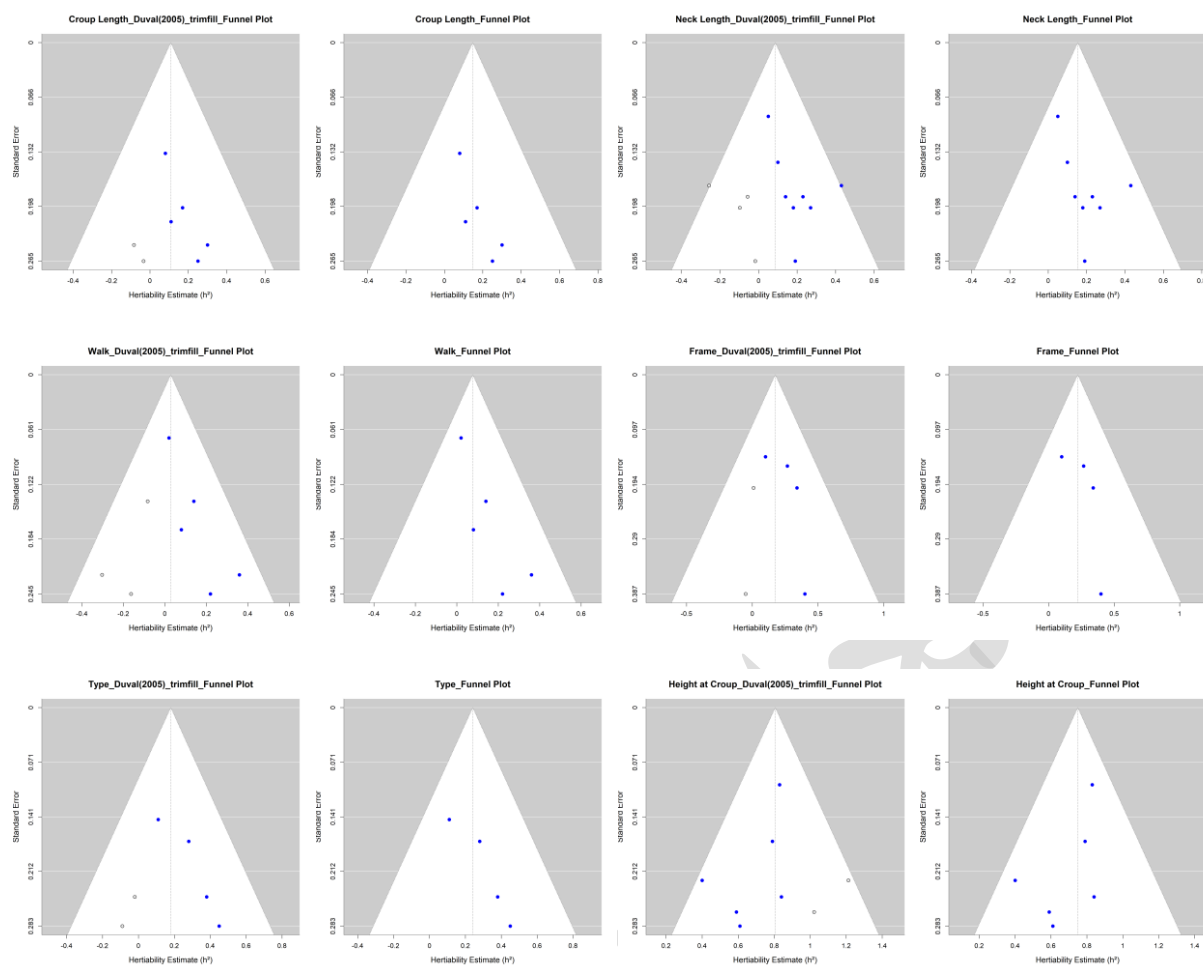
Figure 2- Forest plot of heritability estimates for various traits from the included studies and the pooled meta-analysis estimate with 95% confidence intervals



شکل ۳- نمودار قیفی برآوردهای وراثت پذیری صفت ارتفاع جدوگاه (الف) قبل از تریم فیل شدن (ب) و بعد از تریم فیل شدن (ج) بعد از بکارگیری تعدیل گر در مدل

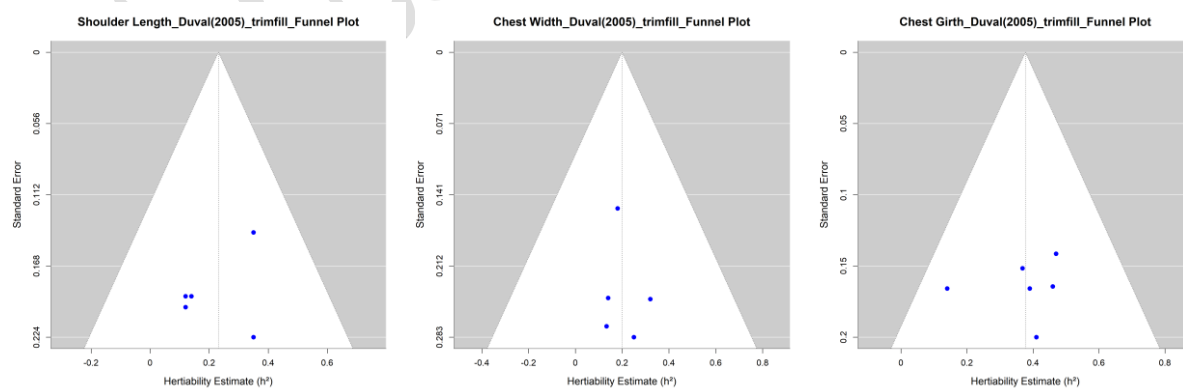
Figure 3- Funnel plot of heritability estimates for the trait of height at withers: (a) before trimming/filling, (b) after trimming/filling, and (c) after applying a moderator in the model

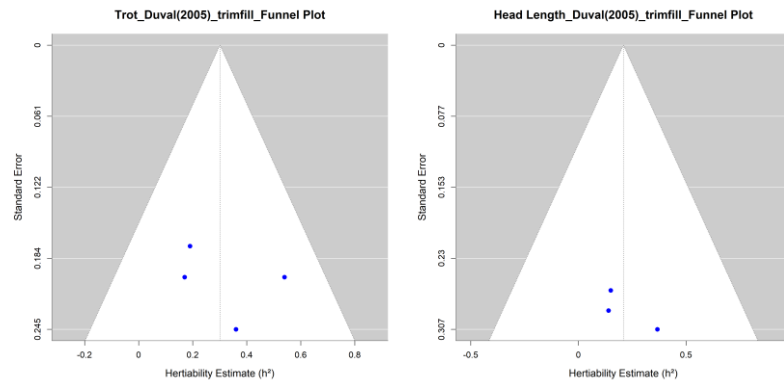




شکل ۴- نمودار قیفی قبل و بعد از پیرایش-پیش‌بینی برآوردهای وراثت پذیری

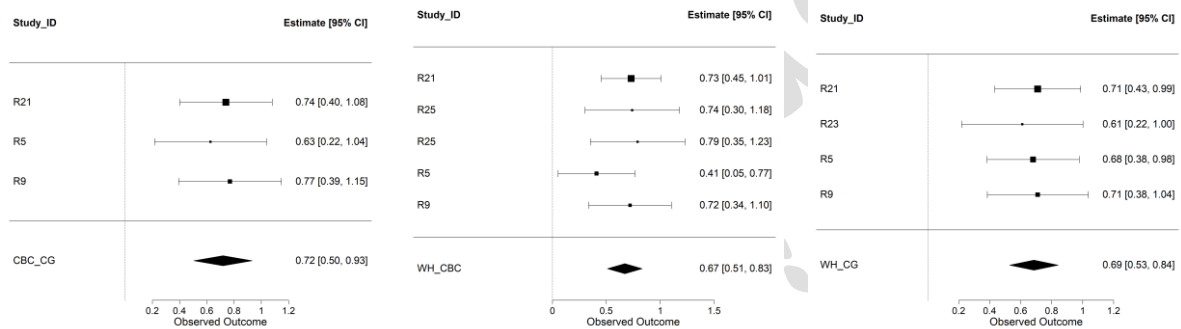
Figure 4- Funnel plot before and after trim-and-fill for heritability estimates





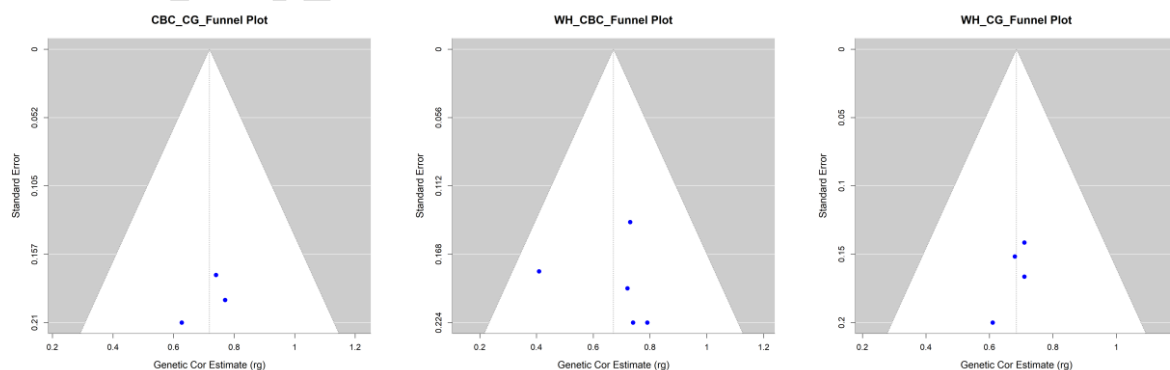
شکل ۵- نمودار کیفی صفات متقارن از نظر روش دیووال (۲۰۰۵)

Figure 5- Funnel plot demonstrating symmetry of traits according to the Duval (2005) method



شکل ۶- نمودار جنگل برای برآورد همبستگی متا به همراه دامنه اطمینان ۹۵٪ و برآوردهای و دامنه اطمینان آنها در مطالعات مختلف

Figure 6- The forest plot for estimating meta-correlation along with the confidence interval of 95% and estimates and the confidence intervals in the studies



شکل ۷- نمودار کیفی وضعیت انتشار برآوردهای همبستگی در مطالعات مورد بررسی

Figure 6- The funnel plot of the distribution of predicted correlations in the studies

پیوست ۱- مقالات مورد استفاده در مطالعه

کد	نویسندگان	سال	عنوان مجله	جزئیات انتشار	DOI
R1	de Oliveira Bussiman F et al.	2022	Journal of Animal Breeding and Genetics	139(2): 231-246	10.1111/jbg.12658
R3	Reich P et al.	2024	Genetics Selection Evolution	56(1): 45	10.1186/s12711-024-00914-6
R5	Wang C et al.	2025	Journal of Equine Veterinary Science	146: 105378	10.1016/j.jevs.2025.105378
R6	Dario C et al.	2006	Genetics and Molecular Research	5(2): 309-14	PMID- 16819710
R9	Novotna A et al.	2022	Animals	12(21): 2957	10.3390/ani12212957
R11	Vosgerau S et al.	2022	Journal of Applied Genetics	63(2): 369-378	10.1007/s13353-021-00681-w
R12	Ducro BJ et al.	2009	Equine Veterinary Journal	41(2): 139-143	10.2746/042516409X366130
R14	Sánchez MJ et al.	2017	Equine Veterinary Journal	49(2): 196-200	10.1111/evj.12569
R16	Ghezelsoflou H et al.	2018	Journal of Equine Science	29(4): 91-96	10.1294/jes.29.91
R18	Sievers J and Distl O	2024	Animals	14(8): 1214	10.3390/ani14081214
R19	Ripollés-Lobo M et al.	2025	Animal Bioscience	(Epub)	10.5713/ab.25.0362
R20	Medeiros BR et al.	2020	Tropical Animal Health and Production	52(4): 1669-1680	10.1007/s11250-019-02168-7
R21	Giontella A et al.	2020	Animals	10(5): 791	10.3390/ani10050791
R22	Perdomo-González DI et al.	2024	Journal of Animal Science	102: skad409	10.1093/jas/skad409
R23	Gómez MD et al.	2009	Journal of Animal Science	87(8): 2502-9	10.2527/jas.2008-0841
R24	Gharahveysi S et al.	2008	Pakistan Journal of Biological Sciences	11(2): 280-4	10.3923/pjbs.2008.280.284
R25	Suontama M et al.	2011	Journal of Animal Breeding and Genetics	128(2): 114-23	10.1111/j.1439-0388.2010.00886.x
R26	Ablondi M et al.	2020	Journal of Animal Breeding and Genetics	137(2): 200-210	10.1111/jbg.12425
R27	Perdomo-González DI et al.	2022	Animals	12(18): 2319	10.3390/ani12182319
R28	Poyato-Bonilla J et al.	2020	Genetics Selection Evolution	52(1): 62	10.1186/s12711-020-00582-2
R29	Stock KF et al.	2008	Animal	2(12): 1724-32	10.1017/S1751731108003091
R30	Rustin M et al.	2009	Journal of Animal Breeding and Genetics	126(5): 378-86	10.1111/j.1439-0388.2008.00798.x
R32	Posta J et al.	2009	The Veterinary Journal	181(1): 19-23	10.1016/j.tvjl.2009.03.006
R33	Stock KF et al.	2005	Journal of Animal Breeding and Genetics	122(4): 271-280	10.1111/j.1439-0388.2005.00527.x
R34	Karlau A et al.	2025	Animals	15(18): 2720	10.3390/ani15182720

منابع

Ablondi, M., Summer, A., Vasini, M., Simoni, M., & Sabbioni, A. (2020). Genetic parameters estimation in an Italian horse native breed to support the conversion from agricultural uses to riding purposes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 137(2), 200–210. <https://doi.org/10.1111/jbg.12425>

Boligon, A. A., Silveira, F. A., Silveira, D. D., Dionello, N. J. L., Santana, M. L., Bignardi, A. B., & Souza, F. R. P. (2015). Reduced-rank models of growth and reproductive traits in

- Nelore cattle. *Theriogenology*, 83(8), 1338–1343. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2015.01.025>
- Borenstein, M., Hedges, L.V., J.P.T., and Rothstein, H.R. (2009) Introduction to Meta-Analysis. John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9780470743386>
- Bussiman, F. O., Perez, B. C., Ventura, R. V., Peixoto, M. G. C. D., Curi, R. A., & Balieiro, J. C. C. (2018). Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in Campolina horse population. *Animal*, 12 (11), 2246–2255. <https://doi.org/10.1017/S1751731118000512X>
- Cook, R. D., & Weisberg, S. (1982). Residuals and influence in regression. London: Chapman and Hall.
- Coudkova, V., Vrbova, A., Civisova, H., Papouskova, Z., & Marsalek, M. (2021). The growth curves for some biometric traits in Czech Warmblood stallions. *Livestock Science*, 256, 104782. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104782>
- Dario, C., Carnicella, D., Dario, M., & Bufano, G. (2006). Morphological evolution and heritability estimates for some biometric traits in the Murgesse horse breed. *Genetics and Molecular Research*, 5(2), 309–314. PMID: 16819710.
- de Oliveira Bussiman, F., Carvalho, R. S. B., E Silva, F. F., Ventura, R. V., Ferraz, J. B. S., Mattos, E. C., Eler, J. P., & Balieiro, J. C. C. (2022). Reduced rank analysis of morphometric and functional traits in Campolina horses. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 139(2), 231–246. <https://doi.org/10.1111/jbg.12658>
- Ducro, B. J., Bovenhuis, H., & Back, W. (2009). Heritability of foot conformation and its relationship to sports performance in a Dutch Warmblood horse population. *Equine Veterinary Journal*, 41 (2), 139–143. <https://doi.org/10.2746/042516409x366130>
- Gharahveysi, S., Kashan, N. E., Gerami, A., & Torshizi, R. V. (2008). Estimation of genetic parameters on conformation traits of the Iranian Arab horses population. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 11(2), 280–284. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2008.280.284>
- Ghezelsoflou, H., Hamidi, P., & Gharahveysi, S. (2018). Study of factors affecting the body conformation traits of Iranian Turkoman horses. *Journal of Equine Science*, 29(4), 91–96. <https://doi.org/10.1294/jes.29.91>
- Giontella, A., Sarti, F. M., Biggio, G. P., Giovannini, S., Cherchi, R., Pieramati, C., & Silvestrelli, M. (2020). Genetic parameters and inbreeding effect of morphological traits in Sardinian Anglo Arab horse. *Animals*, 10 (5), 791. <https://doi.org/10.3390/ani10050791>
- Gómez, M. D., Goyache, F., Molina, A., & Valera, M. (2009). Sire × stud interaction for body measurement traits in Spanish Purebred horses. *Journal of Animal Science*, 87(8), 2502–2509. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-0841>
- Hedges, L. V., & Olkin, I. (1985). Statistical methods for meta-analysis. San Diego, CA: Academic Press.

- Higgins, J.P.T., and Green, S. (2011) Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions. Version 5.1.0. *The Cochrane Collaboration*. <http://handbook-5-1.cochrane.org>
- Karlau, A., Azcona, F., Molina, A., Trigo, P., Sánchez-Serrano, J. P., & Demyda-Peyrás, S. (2025). Exploring the genetic link between coat colour and morphological traits: The case of Peruano de Paso horse. *Animals*, 15(18), 2720. <https://doi.org/10.3390/ani15182720>
- Komosa, M., & Purzyc, H. (2009). Konik and Hucul horses: A comparative study of exterior measurements. *Journal of Animal Science*, 87(6), 2245–2254. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1501>
- Medeiros, B. R., Garbade, P., Seixas, L., Peripolli, V., & McManus, C. (2020). Brazilian Sport Horse: genetic parameters for approval of Brasileiro de Hipismo stallions. *Tropical Animal Health and Production*, 52(4), 1669–1680. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-02168-7>
- Meyer, K. (2007). Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124(2), 50–64. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00637.x>
- Novotna, A., Birovas, A., Vostra-Vydrova, H., Vesela, Z., & Vostry, L. (2022). Genetic parameters of performance and conformation traits of 3-year-old Warmblood sport horses in the Czech Republic. *Animals*, 12(21), 2957. <https://doi.org/10.3390/ani12212957>
- Perdomo-González, D. I., García de Paredes, R. L. A., Valera, M., Bartolomé, E., & Gómez, M. D. (2022). Morpho-functional traits in Pura Raza Menorquina horses: Genetic parameters and relationship with coat color variables. *Animals*, 12 (18), 2319. <https://doi.org/10.3390/ani12182319>
- Perdomo-González, D. I., Sánchez-Guerrero, M. J., Bartolomé, E., Guedes Dos Santos, R., Molina, A., & Valera, M. (2024). Designing an early selection morphological traits index for reproductive efficiency in Pura Raza Española mares. *Journal of Animal Science*, 102, skad409. <https://doi.org/10.1093/jas/skad409>
- Posta, J., Komlósi, I., & Mihók, S. (2009). Breeding value estimation in the Hungarian Sport Horse population. *Veterinary Journal*, 181(1), 19–23. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2009.03.006>
- Poyato-Bonilla, J., Perdomo-González, D. I., Sánchez-Guerrero, M. J., Varona, L., Molina, A., Casellas, J., & Valera, M. (2020). Genetic inbreeding depression load for morphological traits and defects in the Pura Raza Española horse. *Genetics Selection Evolution*, 52(1), 62. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00582-2>
- Reich, P., Möller, S., Stock, K. F., Nolte, W., von Depka Prondzinski, M., Reents, R., Kalm, E., Kühn, C., Thaller, G., Falker-Gieske, C., & Tetens, J. (2024). Genomic analyses of withers height and linear conformation traits in German Warmblood horses using imputed sequence-level genotypes. *Genetics Selection Evolution*, 56(1), 45. <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00914-6>

- Ripollés-Lobo, M., Perdomo-González, D. I., Azor, P., & Valera, M. (2025). Genetic inbreeding depression load for conformation defects and dressage traits in the Pura Raza Española horse. *Animal Bioscience*. Advance online publication. <https://doi.org/10.5713/ab.25.0362>
- Rustin, M., Janssens, S., Buys, N., & Gengler, N. (2009). Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for linear type and gait traits in the Belgian warmblood horse. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(5), 378–386. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00798.x>
- Sánchez, M. J., Azor, P. J., Molina, A., Parkin, T., Rivero, J. L., & Valera, M. (2017). Prevalence, risk factors and genetic parameters of cresty neck in Pura Raza Español horses. *Equine Veterinary Journal*, 49(2), 196–200. <https://doi.org/10.1111/evj.12569>
- Sievers, J., & Distl, O. (2024). The estimation of genetic parameters for chronic progressive lymphedema and body traits in the Rhenish German Draught Horse. *Animals*, 14 (8), 1214. <https://doi.org/10.3390/ani14081214>
- Stock, K. F., & Distl, O. (2008). Multiple-trait selection for radiographic health of the limbs, conformation and performance in Warmblood riding horses. *Animal*, 2(12), 1724–1732. <https://doi.org/10.1017/S1751731108003091>
- Stock, K. F., Hamann, H., & Distl, O. (2005). Estimation of genetic parameters for the prevalence of osseous fragments in limb joints of Hanoverian Warmblood horses. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(4), 271–280. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00527.x>
- Suontama, M., van der Werf, J. H., Juga, J., & Ojala, M. (2011). The use of foal and studbook traits in the breeding programmes of Finnhorse and Standardbred trotters. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128(2), 114–123. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00886.x>
- Valentine, J.C., Pigott, T.D., Rothstein, H.R. (2010). How Many Studies Do You Need? A Primer on Statistical Power for Meta-Analysis. *Journal of Educational and Behavioral Statistics*, 35(2), 215–247. <https://doi.org/10.3102/1076998609346961>
- Viechtbauer, W. (2010). Conducting meta-analyses in R with the *metafor* package. *Journal of Statistical Software*, 36(3), 1–48. <https://doi.org/10.18637/jss.v036.i03>
- Vosgerau, S., Krattenmacher, N., Falker-Gieske, C., Seidel, A., Tetens, J., Stock, K. F., Nolte, W., Wobbe, M., Blaj, I., Reents, R., Kühn, C., von Depka Prondzinski, M., Kalm, E., & Thaller, G. (2022). Genetic and genomic characterization followed by single-step genomic evaluation of withers height in German Warmblood horses. *Journal of Applied Genetics*, 63(2), 369–378. <https://doi.org/10.1007/s13353-021-00681-w>
- Vostry, L., Vostrá-vydrová, H., Hofmanová, B., Veselá, Z., Schmidová, J., & Majzlik, I. (2017). Genetic parameters for linear type traits in three Czech draught horse breeds. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 82(2), 111–115.

Wang, C., Zeng, Y., Wang, J., Wang, T., Li, X., Shen, Z., Meng, J., & Yao, X. (2025). Estimation of genetic parameters of body conformation and racing performance traits in Yili horses. *Journal of Equine Veterinary Science*, 146, 105378. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2025.105378>

نسخه پیش انتشار