Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University
Research on Animal Production, Vol. 16, Issue 1, 2025 p: 99-108
OPEN ACCESS

Research Paper

Meta-analysis of Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits in Laying Hens

Maryam Sokhan[1], Sheida Varkoohi[2] and Ali Hossein Piray[3]

1- M.Sc student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran
2- Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran, (Corresponding author: s.varkoohi@gmail.com)
3- Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran

Received: 18 April, 2024 Revised: 30 July, 2024 Accepted: 15 August, 2024

Extended Abstract

Background: In poultry breeding, reliable genetic parameters for economic traits are necessary to develop breeding programs. However, estimated genetic parameters in studies with small sample sizes are associated with large standard errors. Therefore, it is recommended to combine the obtained estimates from different studies to increase the reliability of genetic parameters. A meta-analysis is a statistical analysis that combines the results of several scientific studies. The advantages of meta-analysis studies in poultry breeding are high statistical power, ability to extract more information about poultry population, evaluation of the effects in different subgroups of poultry population, and overcoming on limitations of small sample size. Proper use of meta-analysis method in studies related to livestock and poultry prevents the repetition of unnecessary work and it saves time and reduces costs. Considering the importance of estimation of genetic parameters for productive and reproductive traits in laying hens and the fact that no comprehensive systematic review and meta-analysis has been performed to investigate the genetic parameters in this species, the goal of this study is to use meta-analysis for estimation of weighted mean of genetic parameters for desired traits through combining the results of different studies.

Methods: In this study, data collection was performed from international and Persian databases including Google scholar, Scopus, Web of Science, PubMed, Science direct, Magiran, Irandoc, SID. The search process in the mentioned databases was performed using the keywords including genetics, phenotype, heritability, correlation, reproductive traits, sexual maturity, egg number, egg weight, laying hen and their possible combination. At first, the studies that were repeated in different databases were deleted from study. Then, the titles list of all remaining articles was prepared. In the first stage, i.e. screening, the title and abstract of remaining articles were carefully studied and unrelated articles were deleted. In the second stage, i.e. evaluation of studies, the full text of related articles remaining from the screening stage were investigated. From search of different databases, 152 articles were obtained and finally 33 articles between 1984 and 2022 were used in analysis and 119 articles were excluded. Meta-analysis of genetic parameters for egg production and maturation traits in laying hens was performed by agregating the results of 33 articles. The I^2 index showed that the heterogeneity in all investigated traits for heritability and genetic and phenotypic correlations was more than 70%, so random effects model was used for data analysis. The software package Comprehensive Meta-Analysis (version 2) was used to perform statistical analysis and estimation of weighted means of heritability and genetic and phenotypic correlations for sexual maturity age, sexual maturity weight, egg number and egg weight, standard error and 95% confidence interval.

Results: Based on results, the highest weighted mean of heritability is for egg weight (0.49), and then for the sexual maturity weight (0.31), and the lowest heritability was for egg number (0.29). The highest positive weighted mean of genetic correlations was between sexual maturity weight and egg weight (0.53) and then between sexual maturity age and sexual maturity weight (0.31), also the highest negative genetic correlation was between egg number and egg weight (-0.36) and then between sexual maturity age and egg number (-0.25). The highest positive weighted mean of phenotypic correlations was between sexual maturity weight and egg weight traits (0.24) and then between sexual maturity age and sexual maturity weight traits (0.19). As well as the highest negative phenotypic correlations was between egg number and egg weight (-0.18) and then between sexual maturity age and egg number (-0.16). Comparing of obtained 95% confidence

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

interval from meta-analysis and the range of mentioned changes in the articles for all the genetic parameters for investigated traits showed that the aggregation of the results of studies has caused a significant reduction in this range. For example, the changes of heritability range in the articles for sexual maturity age was 0.045-0.56, while after aggregation of the results by meta-analysis, 95% confidence interval of heritability for this trait decreased to 0.31-0.38. Also, the comparison of the standard error by meta-analysis of desired traits with the range of the standard error in different studies showed that the aggregation of the results of different studies has greatly reduced the standard error of all the genetic parameters for investigated traits, for example, the standard error for heritability of egg weight in the studies was in the range of 0.071-0.18, but by meta-analysis it was reduced to 0.004.

Conclusion: it can be concluded that combining the results of different studies will significantly decrease the 95% confidence interval, decrease the standard error and increase the accuracy of the results. Considering the importance of estimation of accurate genetic parameters for improving economic traits in breeding programs, the reported estimates in the present study are suitable for use in breeding programs when accurate genetic parameters estimation for important economic traits in laying hens is not available, so, the results of meta-analysis studies can be used in breeding programs with more confidence compared to the results of individual studies.

Keywords: Egg production, Genetic parameters, Laying hens, Meta-analysis, Reproductive traits

How to Cite This Article: Sokhan, M., Varkoohi, Sh., & Piray, A. H. (2025). Meta-analysis of Genetic Parameters for Productive and Reproductive Traits in Laying Hens. *Res Anim Prod,* 16(1), 99-108. DOI: 10.61186/rap.16.1.99

مقاله پژوهشی

فراتحلیل فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثلی در مرغان تخم‌گذار

مریم سخن[۱]، شیدا ورکوهی[۲] و علی حسین پیرای[۳]

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

۲- دانشیار، گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسوول: s.varkoohi@gmail.com)

۳- استادیار، گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۳۰   تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۵/۰۹   تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۵/۲۵

صفحه: ۹۹ تا ۱۰۸

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: به‌منظور توسعه برنامه‌های اصلاحی در پرورش طیور، داشتن فراسنجه‌های ژنتیکی قابل اعتماد برای صفات اقتصادی ضروری است. با این‌حال، فراسنجه‌های ژنتیکی تخمین زده شده در پژوهش‌ها با اندازه نمونه کوچک، با خطاهای استاندارد بزرگ همراه است. لذا، ترکیب تخمین‌های حاصل از پژوهش‌ها مختلف برای افزایش قابلیت اطمینان فراسنجه‌های ژنتیکی توصیه می‌شود. فراتحلیل یا متاآنالیز یک تحلیل آماری است که نتایج چندین مطالعه علمی متعدد را با هم ترکیب می‌کند. از مزایای پژوهش‌ها متاآنالیز در پرورش و اصلاح نژاد طیور می‌توان به قدرت آماری بالا، توانایی آن برای استخراج بیشتر اطلاعات جمعیت طیور، ارزیابی اثرات در زیرمجموعه‌های مختلف جمعیت‌های طیور و غلبه بر محدودیت‌های مرتبط با اندازه‌های کوچک نمونه اشاره کرد. استفاده مناسب از روش فراتحلیل در پژوهش‌ها مربوط به دام و طیور از تکرار کارهای غیرضروری ممانعت کرده و از دیدگاه کاهش هزینه و زمان، می‌تواند مفید واقع شود. با توجه به اهمیت برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان تخم‌گذار و در نظر گرفتن این مهم که تاکنون پژوهش فراتحلیل جامعی برای بررسی فراسنجه‌های ژنتیکی اینگونه صورت نگرفته است، لذا هدف از مطالعه حاضر استفاده از روش متاآنالیز برای برآورد میانگین وزنی فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد نظر از طریق تجمیع نتایج پژوهش‌های مختلف است.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش برای جمع‌آوری داده‌ها از پایگاه‌های بین‌المللی و فارسی Google scholar, Scopus, Web of Science, PubMed, Magiran, Irandoc, SID Science direct, استفاده شد. فرایند جستجو در پایگاه‌های ذکر شده با استفاده از کلید واژه‌های: ژنتیک، فنوتیپ، وراثت‌پذیری، همبستگی، صفات تولیدی، بلوغ جنسی، تعداد تخم، وزن تخم، مرغ تخم‌گذار و ترکیب احتمالی آن‌ها انجام شد. در ابتدا پژوهش‌های که در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف مورد جستجو، تکرار شده بودند از مطالعه حذف شدند. سپس فهرستی از عناوین تمام مقالات باقی‌مانده تهیه شد. در مرحله اول یعنی غربالگری، عنوان و چکیده مقالات باقی‌مانده به دقت مورد مطالعه قرار گرفت و مقالات غیرمرتبط حذف شدند. در مرحله دوم یعنی ارزیابی شایستگی پژوهش‌ها، متن کامل مقالات مرتبط احتمالی باقی‌مانده از مرحله غربالگری، مورد بررسی قرار گرفت. مقالات بدست آمده از جستجوی پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف شامل ۱۵۲ مقاله بود که از این تعداد در نهایت ۳۳ مقاله مربوط به سال‌های ۱۳۶۰تا ۱۴۰۰ وارد آنالیز شدند و تعداد ۱۱۹ مقاله که شامل موارد تکراری و فاقد داده بودند، حذف شدند. متاآنالیز فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدتخم و بلوغ در مرغان تخم‌گذار با تجمیع نتایج ۳۳ مقاله انجام شد. پس از بررسی شاخص I^2 مشخص شدکه مقدار ناهمگنی در همه صفات مورد بررسی برای وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بیش از ۷۰٪ بود. لذا در این مطالعه از مدل اثرات تصادفی برای آنالیز داده‌ها استفاده شد. برای انجام آنالیز آماری و برآورد میانگین وزنی وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی، تعداد تخم و وزن تخم، خطای استاندارد و دامنه اطمینان ۹۵ درصدی، از بسته نرم افزاری Comprehensive Meta-Analysis (version2) استفاده شد.

یافته‌ها: برطبق نتایج به‌دست‌آمده، بالاترین میانگین وزنی وراثت‌پذیری مربوط به صفت وزن تخم (۰/۴۹) و بعد از آن صفت وزن بلوغ جنسی (۰/۳۶) است و کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت تعداد تخم (۰/۲۹) بود. بالاترین میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی مثبت بین صفات وزن بلوغ جنسی با وزن تخم (۰/۵۳) می‌باشد و بعد از آن بین صفات سن بلوغ جنسی و وزن بلوغ جنسی (۰/۳۱) بوده‌است، همچنین بالاترین همبستگی ژنتیکی منفی بین صفات تعداد تخم با وزن تخم (۰/۳۶-) و پس از آن بین صفات سن بلوغ جنسی با تعداد تخم (۰/۲۵-) بدست آمد. بالاترین میانگین وزنی همبستگی‌های فنوتیپی مثبت بین صفات وزن بلوغ جنسی و وزن تخم (۰/۲۴) و بعد از آن بین صفات سن بلوغ جنسی و وزن بلوغ جنسی (۰/۱۹) برآورد شد، همچنین بالاترین همبستگی‌های فنوتیپی منفی بین صفات تعداد تخم با وزن تخم (۰/۱۸-) و پس از آن بین صفات سن بلوغ جنسی با تعداد تخم (۰/۱۶-) به‌دست‌آمد. مقایسه حدود اطمینان ۹۵ درصدی حاصل از نتایج متاآنالیز و دامنه تغییرات ذکر شده در مقالات برای همه فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد بررسی نشان داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها سبب کاهش قابل توجه در این محدوده شده‌است. به‌عنوان مثال دامنه تغییرات وراثت‌پذیری مقالات در مورد صفت سن بلوغ جنسی در دامنه ۰/۵۶-۰/۰۴۵ قرار داشت، در حالی‌که پس از تجمیع نتایج توسط روش متاآنالیز، حدود اطمینان ۹۵ درصدی وراثت‌پذیری این صفت به ۰/۳۸-۰/۳۱ کاهش یافت. همچنین مقایسه خطای استاندارد متاآنالیز صفات مورد نظر با دامنه خطای استاندارد پژوهش‌ها مختلف نشان داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها مختلف، باعث کاهش شدید خطای استاندارد همه فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد بررسی شده است، به عنوان مثال، خطای استاندارد وراثت‌پذیری صفت وزن تخم در پژوهش‌ها مستقل در دامنه ۰/۱۸-۰/۰۷۱ بوده ولی با روش متاآنالیز به ۰/۰۰۴ کاهش یافته‌است.

نتیجه‌گیری: می‌توان نتیجه گرفت که تجمیع نتایج پژوهش‌ها مختلف و تجزیه آن‌ها باعث کاهش قابل توجه حدود اطمینان ۹۵ درصدی و کاهش خطای استاندارد و افزایش صحت نتایج حاصله می‌شود. باتوجه به اهمیت تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی دقیق برای بهبود صفات اقتصادی در برنامه‌های اصلاحی، برآوردهای گزارش شده در مطالعه حاضر برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی در مواقعی که تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی دقیق برای صفات مهم اقتصادی در مرغان تخم‌گذار قابل حصول نیست، مناسب است، لذا با اطمینان بیشتری می‌توان نتایج پژوهش‌ها متاآنالیز را در مقایسه با نتایج پژوهش‌ها انفرادی در برنامه‌های اصلاح نژادی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تولید تخم، صفات تولید مثلی، فراسنجه‌های ژنتیکی، متاآنالیز، مرغ تخم‌گذار

مقدمه

صفات تولیدی و تولیدمثلی به‌عنوان مهم‌ترین عوامل تاثیرگذار بر سود اقتصادی در پرورش طیور تخم‌گذار هستند، به همین دلیل بهبود عملکرد صفات مورد نظر از اهداف مهم دراصلاح‌نژاد این پرندگان می‌باشد (Saghi & Saghi, 2021). برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی از جمله وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات اقتصادی در طیور اهمیت فراوانی دارد، زیرا به پرورش دهندگان امکان انتخاب

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

بهترین ژنوتیپ‌ها و بهبود صفات مهم مانند صفات رشد و صفات تولیدی و تولیدمثلی را می‌دهد. با توجه به اینکه فراسنجه‌های ژنتیکی تخمین‌زده شده در پژوهش‌ها مختلف، متفاوت بوده و در اندازه نمونه‌های کوچک با خطاهای استاندارد بزرگ همراه است، لذا، ترکیب تخمین‌های حاصل از پژوهش‌ها مختلف باعث افزایش قابلیت اطمینان فراسنجه‌های ژنتیکی می‌شود (Abasi-Mousa *et al*., 2022). امروزه استفاده از متاآنالیز در علوم دامی و اصلاح نژاد، توجه زیادی را به خود جلب کرده‌است. از کاربردهای آن در اصلاح‌نژاد می‌توان به متاآنالیز فراسنجه‌های ژنتیکی صفات اقتصادی اشاره کرد. از مزایای پژوهش‌ها متاآنالیز در پروش و اصلاح نژاد طیور می‌توان به قدرت آماری بالا و توانایی آن برای استخراج بیشتر اطلاعات جمعیت طیور و ارزیابی اثرات در زیرمجموعه‌های مختلف جمعیت‌های طیور و ایجاد فرضیه‌های جدید برای الهام بخشیدن به پژوهش‌ها آینده و غلبه برمحدودیت‌های مرتبط با اندازه‌های کوچک نمونه اشاره کرد (Ghobakhloo *et al*., 2022).

متاآنالیز یا فراتحلیل روشی است که اطلاعات و نتایج حاصل از چندین مطالعه را جمع‌آوری و تجمیع می‌کند و هدف از این روش ارائه دید کلی و جامع‌تری با استفاده از تجمیع داده‌های موجود است که باعث به‌دست‌آمدن نتایج قابل اعتمادتری نسبت به پژوهش‌ها انفرادی می‌شود. از طرفی استفاده از روش فراتحلیل اختلاف موجود بین پژوهش‌ها را با بررسی ناهمگنی (Heterogeneity) در میان آن‌ها برطرف می‌نماید (Field & Gillett, 2010; Hooijmans *et al*., 2014; Lortie *et al*., 2013). استفاده مناسب از روش متاآنالیز در پژوهش‌ها حیوانی، تکرار غیرضروری در این پژوهش‌ها را کاهش می‌دهد (Hooijmans *et al*., 2014). متاآنالیز، اندازه اثر (Size effect) پژوهش‌ها مربوطه را با توجه ب میزان اطلاعات در هر مطالعه ترکیب می‌کند. اندازه اثر می‌تواند با استفاده از مدل اثرات ثابت یا تصادفی محاسبه شود. انتخاب مدل متاآنالیز بستگ به‌وجود یا عدم وجود ناهمگنی در نتایج حاصل از مطالعات دارد. در غیاب ناهمگنی، مدل اثرات ثابت برای متاآنالیز استفاده می‌شود (Ho Lee, 2015).

تاکنون از پژوهش‌ها متاآنالیز جهت تخمین دقیق فراسنجه‌های ژنتیکی صفات اقتصادی در حیواناتی نظیر خوک (Diaz *et al*., 2014)، گاو گوشتی (Akanno *et al*., 2013) و گوسفند (Abasi-Mousa *et al*., 2022) استفاده شده‌است. با روش متاآنالیز بالاترین میانگین وزنی وراثت‌پذیری برای صفات وزن تخم‌مرغ (۰/۴۲) و وزن بلوغ جنسی (۰/۴۱) و کمترین میزان وراثت‌پذیری برای صفات تعداد تخم‌مرغ (۰/۲) در مرغان بومی ایران برآوردشد (Ghobakhloo *et al*., 2022). در یک مطالعه متاآنالیزی که روی بررسی صفات اقتصادی در مرغان گوشتی صورت‌گرفته است، میانگین وزنی وراثت‌پذیری برای صفات وزن بدن در ۴۲ روزگی، ضریب تبدیل خوراک و وزن لاشه در ۴۲ روزگی به‌ترتیب ۰/۴۰۸، ۰/۲۴۷ و ۰/۳۳۲ برآورد شده‌است، همچنین بالاترین میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی بین وزن بدن با وزن لاشه (۰/۹۳۸) و کمترین همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن بدن با ضریب تبدیل خوراک (۰/۳۱−) گزارش شده‌است (Sokhan *et al*., 2023).

باتوجه به این‌که تاکنون مرور سیستماتیک و متاآنالیز جامعی با تمرکز روی فراسنجه‌های ژنتیکی صفات موردنظر روی مرغان تخم‌گذار صورت نگرفته‌است، لذا هدف از مطالعه حاضر استفاده از روش متاآنالیز برای برآورد میانگین وزنی فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی شامل سن بلوغ جنسی یا سن اولین تخم‌گذاری (SMA)، وزن بلوغ جنسی یا وزن در اولین تخم‌گذاری (SMW)، تعداد تخم‌مرغ بین ۲۰ تا ۶۰ هفتگی (EN) و وزن تخم‌مرغ بین ۲۰ تا ۶۰ هفتگی (EW) در مرغان تخم‌گذار، جهت استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی در مرغان تخم‌گذار می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مطالعه اخیر به‌منظور تعیین میانگین وزنی فراسنجه‌های ژنتیکی صفات سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ، تعداد تخم‌مرغ و وزن تخم‌مرغ در مرغان تخم‌گذار با روش مرور نظام مند و متاآنالیز انجام شد. فراسنجه‌های ژنتیکی مورد بررسی شامل وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد نظر بود که از ۳۳ مقاله استخراج گردید.

راهبرد جستجو و انتخاب مقالات

در این مطالعه برای جمع‌آوری داده‌ها از پایگاه‌های بین‌المللی و فارسی Google scholar, Scopus, Web of Science, Magiran, Irandoc, SID PubMed, Science direct, استفاده شد. فرایند جستجو در پایگاه‌های ذکرشده با استفاده از کلید واژه‌های: ژنتیک، فنوتیپ، وراثت‌پذیری، همبستگی، صفات تولیدی، بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم‌مرغ در مرغان تخم‌گذار و ترکیب احتمالی آن‌ها در پایگاه‌های بین‌المللی و فارسی انجام‌شد. به‌منظور به حداکثر رساندن جامعیت جستجو، فهرست منابع مورد استفاده در تمامی مقالات مرتبطی که در جستجوی فوق یافت شده بودند، به شکل دستی مورد بررسی قرارگرفت. در ابتدا پژوهش‌های که در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف مورد جستجو، تکرار شده بودند از این مطالعه حذف شدند. فهرستی از عناوین تمام مقالات باقی‌مانده تهیه شد که از طریق ارزیابی مقالات این فهرست، به مقالات واجد شرایط دست یابیم. در مرحله اول یعنی غربالگری، عنوان و چکیده مقالات باقی‌مانده به دقت مورد مطالعه قرارگرفت و مقالات غیرمرتبط حذف شدند. در مرحله دوم یعنی ارزیابی شایستگی پژوهش‌ها، متن کامل مقالات مرتبط احتمالی باقی‌مانده از مرحله غربالگری، مورد بررسی قرار گرفت. در این مرحله نیز پژوهش‌ها غیر مرتبط حذف شدند. مقالات به‌دست‌آمده از جستجوی پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف شامل ۱۵۲ مقاله بود که از این تعداد در نهایت ۳۳ مقاله مربوط به سال‌های ۱۳۶۰تا ۱۴۰۰ وارد آنالیز شدند و تعداد ۱۱۹ مقاله که شامل موارد تکراری و فاقد داده بودند، حذف شدند. فهرست مقالات مورد استفاده در متاآنالیز فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مورد نظر در مرغ تخم‌گذار در جدول ۱ گزارش شده‌است.

آنالیز آماری

متاآنالیز فراسنجه‌های ژنتیکی استخراج شده از مقالات شامل وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

از بسته نرم‌افزاری Comprehensive Meta-Analysis (Version 2.2) در دامنه اطمینان ۹۵ درصد با استفاده از مدل اثرات تصادفی انجام‌شد. مدل آماری مورد استفاده به‌صورت زیر است:

$$\hat{\theta}_i = \bar{\theta} + u_i + e_i$$

در رابطه فوق: $\bar{\theta}$ میانگین برآورد شده برای هر یک از پارامترها، u_i و e_i به‌ترتیب برآورد اثر تصادفی مطالعه (یعنی انحراف از میانگین) و اثر باقی‌مانده گزارش شده در i امین مقاله است. از این‌رو، اثر تنوع بین مطالعات به‌صورت $u_i \sim N(0,\tau^2)$ و خطای نمونه‌گیری در مطالعه به‌عنوان $e_i \sim N(0,\sigma^2_e)$ در مدل گنجانده شده‌است. τ^2 و σ^2_e به‌ترتیب معرف میزان ناهمگنی و واریانس باقی‌مانده هستند.

یکی از روش‌های تعیین میزان همگنی و ناهمگنی با استفاده از شاخص I^2 است که مقدار آن بین صفر تا ۱۰۰درصد متغیر است. اگر شاخص I^2 بین صفر تا ۲۵ درصد باشد، میزان ناهمگنی بسیار کم، بین ۲۵ تا ۵۰ درصد میزان ناهمگنی کم، بین ۵۰ تا ۷۵ درصد میزان ناهمگنی متوسط و بیشتر از ۷۵ درصد میزان ناهمگنی بالاست (Rojas *et al*., 2018). در مطالعه حاضر، مقادیر شاخص I^2 در تمام موارد بیشتر از ۷۵ درصد بوده‌است، زیرا میزان ناهمگنی صفات مورد بررسی در مقالات مورد استفاده زیاد بود، بنابراین امکان استفاده از روش اثرات ثابت برای انجام متاآنالیز وجود نداشت، و برای انجام آنالیزها از روش اثرات تصادفی استفاده شد. متاآنالیز با استفاده از مدل اثر تصادفی امکان ادغام و ترکیب تخمین‌های وراثت‌پذیری و همبستگی برای صفات مهم اقتصادی را فراهم می‌کند (Safari *et al*., 2005; Akanno *et al*., 2013; Diaz *et al*., 2014).

در مطالعه اخیر به‌منظور برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی از روش میانگین وزنی ارائه‌شده توسط Koots و همکاران (۱۹۹۶) استفاده‌شد. برای محاسبه میانگین وزنی وراثت‌پذیری‌ها از معادله زیر برای ادغام برآوردهای ذکر شده در مقالات مورد استفاده در این پژوهش، استفاده گردید:

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

در فرمول فوق: y = تعداد پژوهش‌ها، pi= وراثت‌پذیری مستقیم، SE_{pi}= خطای استاندارد است.

در نرم‌افزار متاآنالیز (CMA) ضرایب همبستگی می‌توانند به‌صورت خودکار به مقادیر Z فیشر (Fisher's Z scale) تبدیل شوند، تا از نرمال بودن همبستگی‌های اطمینان حاصل شود. در مطالعه حاضر به‌کمک معادله زیر محاسبه گردید (Koots *et al*., 1994).

$$Z_i = 0.5 \ln\left(\frac{1 + r_i}{1 - r_i}\right)$$

برای برآورد همبستگی ژنتیکی و همبستگی فنوتیپی بین صفات رشد، میانگین تخمین زده‌شده Z ($\bar{Z}$) در مدل اثرات تصادفی با استفاده از معادله زیر در نرم‌افزار CMA مجددا به ضریب همبستگی ($\bar{r}$) تبدیل می‌شود.

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

نتایج و بحث

در پژوهش حاضر، یک مطالعه متاآنالیزی بر روی مقالات منتشر شده در زمینه برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولید تخم و تولیدمثلی مرغان تخم‌گذار انجام‌شد.

جدول ۱- فهرست مقالات و فراسنجه‌های مورد استفاده در متاآنالیز فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغ تخم‌گذار
Table 1. The list of articles and parameters used in meta-analysis of genetic parameters of productive and reproductive traits in laying hens

فراسنجه‌های استخراج شده از مقالات برای متاآنالیز Parameters extracted from articles for meta-analysis	نویسنده اول و سال انتشار مقالات First author and year of publication of articles
SMA (h^2)	Rosay *et al*., 1894
SMA (h^2); EN (h^2)	Kinney *et al*.,1965
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2)	Craig *et al*.,1969
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMA&EN (rg, rp); SMA & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp)	Yoo *et al*., 1983
SMA (h^2); EN (h^2); SMW (h^2); SMA & SMW (rg, rp); SMA & EN (rg, rp); SMW & EN (rg, rp)	Oni *et al*., 1991
EN (h^2); EW (h^2); EN & EW (rg, rp)	Hagger *et al*.,1994
EN (h^2); EW (h^2)	Wei *et al*.,1995
EN (h^2); EW (h^2); EN & EW (rg, rp)	Frances *et al*., 1997
EN (h^2); EW (h^2)	Besbes *et al*.,1999
EN (h^2); EW (h^2)	Sabri *et al*.,1999
EN (h^2); EW (h^2); EN & EW (rg, rp)	Tierz *et al*., 2002
EN (h^2); EW (h^2)	Buitenhuis *et al*., 2004
SMA (h^2); EN (h^2); SMA & EN (rg, rp)	Mielenz *et al*., 2004
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2)	Paleja *et al*., 2008
EW (h^2)	Yahaya *et al*., 2009
SMA (h^2); EW (h^2); SMA & EW (rg, rp)	Woic *et al*., 2010
SMA (h^2); EW (h^2)	Savegnago *et al*., 2011
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMA & EN (rg, rp); SMA & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp)	Rajkumar *et al*., 2011
SMW (h^2); EN (h2); EW (h^2); SMW & EN (rg, rp); SMW & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp)	Okoleh, 2011
SMA (h^2); EW (h^2); SMW (h^2); SMA & SMW (rg,rp); SMA & EN (rg, rp); SMW & EN (rg, rp); SMA & EW (rg, rp); SMW & EW (rg, rp)	Shada *et al*., 2012
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMA & EN (rg, rp); SMA & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp)	Woic *et al*., 2012
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMW (h^2); SMA & EN (rg, rp); SMW & EN (rg,rp) SMW & EW (rg,rp); EN & EW (rg, rp); SMA & EW (rg, rp)	Yousefi *et al*., 2013
EW (h^2)	Blanco *et al*., 2014
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMA & EN (rg, rp); EN & EW (rg, rp)	Ymeshram *et al*., 2014
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2);	Hartmann *et al*., 2014
SMA (h^2); EN (h^2); SMA & EN (rg, rp)	Yi *et al*., 2014
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2); SMW (h^2); SMA & EN (rg, rp); SMW & EN (rg,rp); SMW & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp); SMA & EW (rg, rp); EN & EW (rg, rp); SMW & SMA (rg, rp)	Tongsiri *et al*., 2015
SMA (h^2); EN (h^2); EW (h^2)	Jasouri *et al*., 2017
SMA (h^2); EW (h^2); SMA & EW (rg, rp)	Chandan *et al*., 2018
SMA (h^2); EN (h^2); SMW (h^2); SMW & SMA (rg, rp); SMW & EN (rg, rp); SMA & EN (rg, rp)	Attroung *et al*., 2019
SMA (h^2); EN (h^2); SMA & EN (rg, rp)	Liu *et al*., 2019
EW (h^2)	Kassa, 2021
EW (h^2)	Rajkumar *et al*., 2021

سن بلوغ جنسی (SMA)، وزن بلوغ جنسی (SMW)، تعداد تخم (EN)، وزن تخم (EW)، وراثت پذیری (h^2)، همبستگی ژنتیکی (rg)، همبستگی فنوتیپی (rp)

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات در مرغ تخم‌گذار

نتایج میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات سن و وزن بلوغ جنسی و صفات تعداد و وزن تخم در مرغ تخم‌گذار به‌روش متاآنالیز در جدول ۲ گزارش شده‌است. بر طبق نتایج به‌دست‌آمده بالاترین میانگین وزنی وراثت‌پذیری مربوط به وزن تخم (۰/۴۹) و بعد از آن صفت وزن بلوغ جنسی (۰/۳۶) بود. کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت تعداد تخم (۰/۲۹) بود. نتایج نشان می‌دهد با توجه به این‌که صفات مربوط به سن بلوغ و تولید تخم وراثت‌پذیری متوسطی دارند، بنابراین با انتخاب مستقیم برای این صفات می‌توان تا حدودی به بهبود ژنتیکی این صفات دست‌یافت. نتایج این تحقیق در راستای نتایج تحقیق قوباخلو و همکاران (Ghobakhloo *et al.*, 2022) روی مرغان بومی ایران می‌باشد. همچنین طی تحقیقی دیگری که روی برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مهم اقتصادی مرغان بومی ایران انجام شده بود وراثت‌پذیری برای صفات تولیدمثلی به‌ترتیب ۰/۱۸۱ (تعداد تخم تولیدشده) و ۰/۴۴۹ (سن در بلوغ جنسی) برآورد گردید که تا حدودی در راستای نتایج تحقیق حاضر می‌باشد (Gholipoor *et al.*, 2022).

در برخی پژوهش‌ها، مقادیر پایین‌تر و در برخی دیگر از پژوهش‌ها، مقادیر بالاتری از وراثت‌پذیری این صفات در مقایسه با نتایج پژوهش‌ها فراتحلیل گزارش شده‌است. تفاوت در میزان وراثت‌پذیری گزارش‌شده در پژوهش‌ها مختلف برای یک صفت خاص ممکن است به‌دلیل تفاوت در شرایط محیط پرورش و شرایط اقلیمی منطقه، ساختار جمعیت مورد بررسی و همچنین روش مورد استفاده برای برآورد وراثت‌پذیری باشد، که سبب افزایش یا کاهش در میزان تأثیر اثرات ژنتیکی غیر افزایشی و محیطی در برآورد وراثت‌پذیری صفات می‌شود (Emamgholi Begli *et al.*, 2009; Jafari *et al.*, 2015).

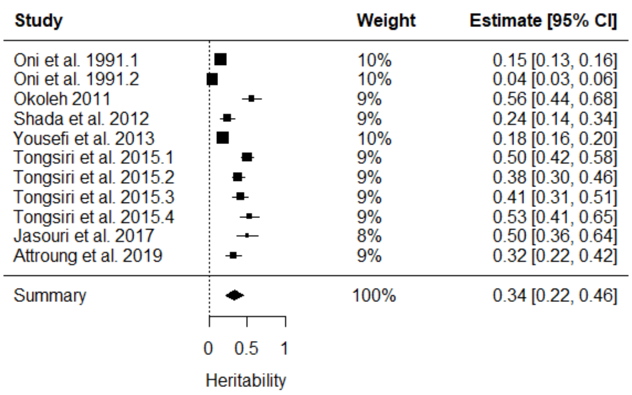
مقایسه حدود اطمینان ۹۵ درصدی حاصل از نتایج متاآنالیز و دامنه تغییرات ذکرشده در مقالات برای وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی نشان داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها سبب کاهش قابل توجه در این محدوده شده‌است. به‌عنوان مثال دامنه تغییرات وراثت‌پذیری مقالات در مورد صفت سن بلوغ جنسی در دامنه ۰/۵۶–۰/۱۵ قرار داشت، در حالی‌که پس از تجمیع نتایج توسط روش متاآنالیز، حدود اطمینان ۹۵ درصدی وراثت‌پذیری این صفت به ۰/۴۶–۰/۲۲ کاهش یافت (جدول ۲).

مقایسه خطای استاندارد متاآنالیز صفات موردنظر با دامنه خطای استاندارد پژوهش‌ها مختلف نشان‌داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها مختلف، باعث کاهش شدید خطای استاندارد برآورد وراثت‌پذیری در صفات مورد بررسی شده‌است، به‌عنوان مثال، خطای استاندارد وراثت‌پذیری صفت وزن تخم در پژوهش‌ها مستقل در دامنه ۰/۱۸–۰/۰۷۱ بوده ولی با روش متاآنالیز به ۰/۰۰۴ کاهش یافته‌است (جدول ۲). کاهش خطای استاندارد باعث افزایش صحت برآورد نتایج می‌شود، لذا با اطمینان بیشتری می‌توان نتایج پژوهش‌ها متاآنالیز را در مقایسه با نتایج پژوهش‌ها مستقل در برنامه‌های اصلاح نژادی استفاده نمود. نمودار جنگل وراثت‌پذیری صفات مختلف در شکل‌های ۱ تا ۴ گزارش شده‌است.

جدول۲- میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات تولیدتخم و بلوغ در مرغان تخم‌گذار
Table 2. Weighted mean of heritability for egg production and maturity traits in laying hens

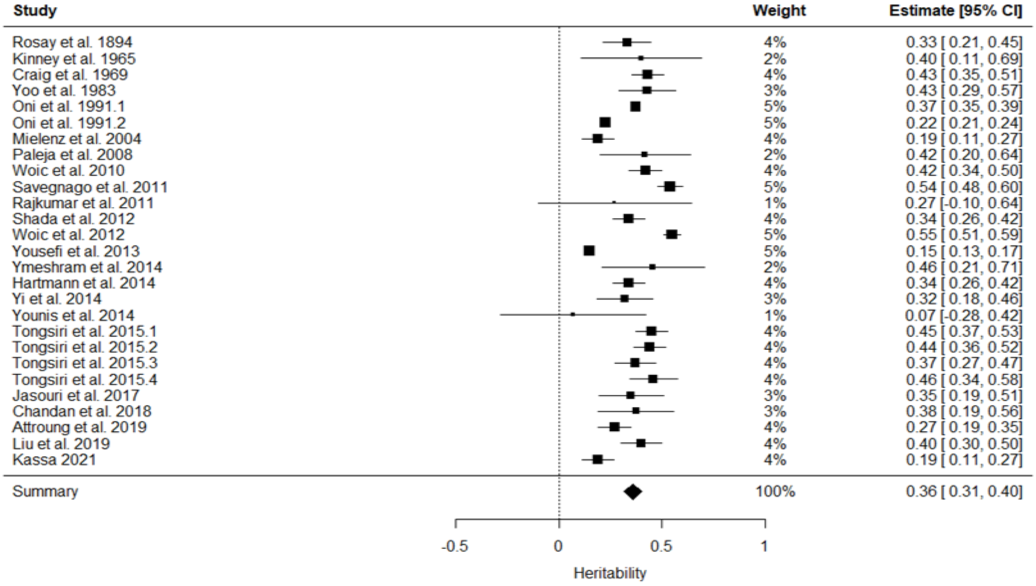
صفت trait	تعداد مقالات Number of articles	وراثت‌پذیری h^2	خطای استاندارد SE	حدود اطمینان ۹۵ درصدی CI (95%)	دامنه وراثت‌پذیری مقالات h^2 range in papers	دامنه خطای استاندارد در مقالات SE range in papers	شاخص I^2 (%)
SMA	11	0.34	0.002	0.22-0.46	0.15-0.56	0.006-0.07	99.16
SMW	27	0.36	0.003	0.31-0.40	0.07-0.54	0.07-0.19	94.13
EN	24	0.29	0.003	0.22-0.35	0.14-0.70	0.007-0.14	97.48
EW	32	0.49	0.004	0.43-0.55	0.18-0.91	0.07-0.18	96.65

سن بلوغ جنسی (SMA)، وزن بلوغ جنسی (SMW)، تعداد تخم (EN)، وزن تخم (EW)

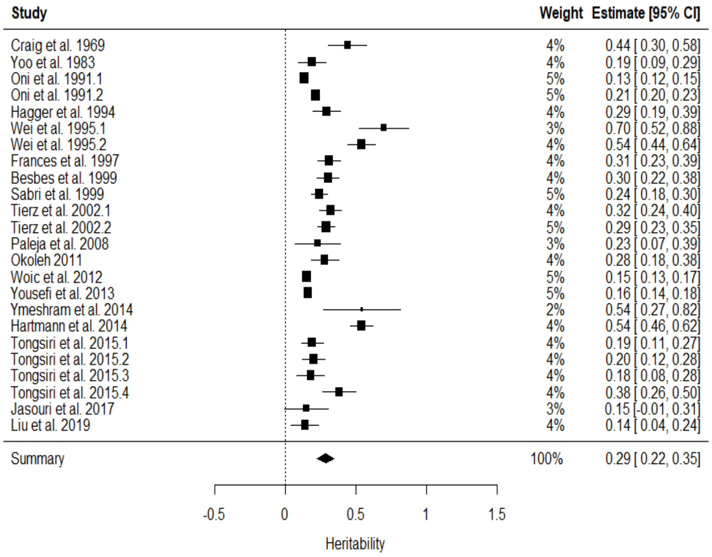


شکل ۱- نمودار جنگل وراثت‌پذیری صفت سن بلوغ جنسی
Figure 1. Forest plot for heritability of Sexual maturity age (SMA)

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

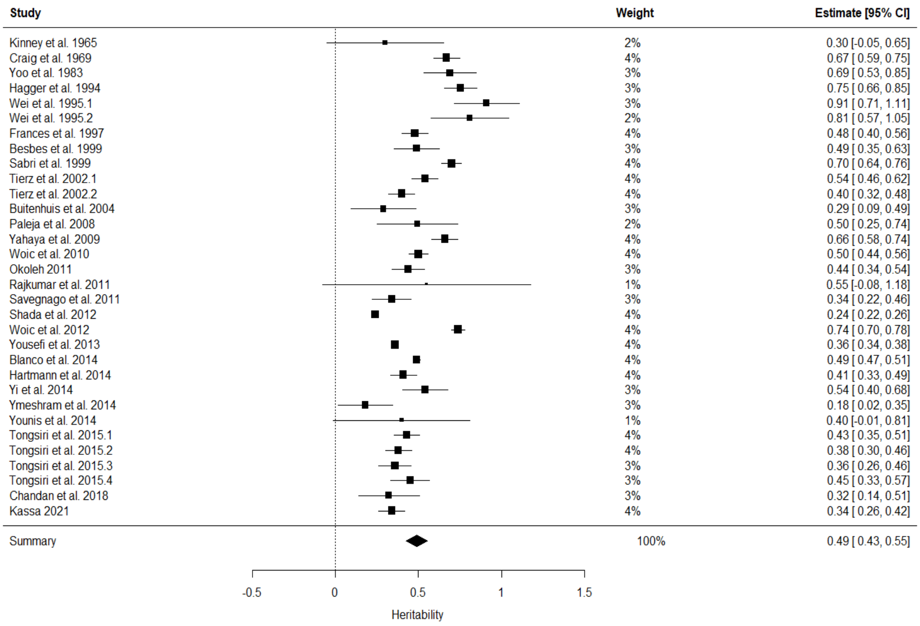


شکل ۲- نمودار جنگل وراثت‌پذیری صفت وزن بلوغ جنسی
Figure 2. Forest plot for heritability of Sexual maturity weight (SMW)



شکل ۳- نمودار جنگل وراثت پذیری صفت تعداد تخم
Figure 3. Forest plot for heritability of egg number (EN

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]



شکل ۴- نمودار جنگل وراثت‌پذیری صفت وزن تخم
Figure 4. Forest plot for heritability of egg weight (EW)

میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات در مرغ تخم‌گذار

میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی صفات سن و وزن بلوغ جنسی و صفات تعداد و وزن تخم در مرغ تخم‌گذار به‌روش متاآنالیز در جدول ۳ گزارش شده‌است. برطبق نتایج به‌دست‌آمده بالاترین میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی مثبت بین صفات وزن بلوغ با وزن تخم (۰/۵۳) برآوردشد و پس از آن بین صفات سن بلوغ و وزن بلوغ (۰/۳۱) بوده است، که همبستگی ژنتیکی بالا و مثبت بین صفات وزن بلوغ با وزن تخم نشان‌دهنده این موضوع است که با انتخاب برای افزایش وزن بدن، وزن تخم نیز افزایش می‌یابد. همچنین بالاترین همبستگی ژنتیکی منفی بین صفات تعداد تخم با وزن تخم (۰/۳۶-) و پس از آن بین صفات سن بلوغ با تعداد تخم (۰/۲۵-) به‌دست آمد. که همبستگی ژنتیکی منفی بین این صفات بیانگر این است که با افزایش وزن تخم در نتیجه انتخاب وزن بدن، تعداد تخم تولیدی کم می‌شود. طی تحقیقی روی مرغان بومی ایران همبستگی ژنتیکی منفی بین تعداد و وزن تخم در ۲۸ روزگی (۰/۲۸-) برآورد شد که تا حدودی در راستای نتایج تحقیق حاضر است (Gholipoor *et al*., 2022).

میانگین وزنی همبستگی‌های فنوتیپی صفات سن و وزن بلوغ جنسی و صفات تعداد و وزن تخم در مرغ تخم‌گذار به‌روش متاآنالیز در جدول ۴ گزارش شده‌است. برطبق نتایج به‌دست آمده بالاترین میانگین وزنی همبستگی‌های فنوتیپی مثبت بین صفات وزن بلوغ و وزن تخم (۰/۲۴) و بعد از آن بین صفات سن بلوغ و وزن بلوغ (۰/۱۹) برآورد شد، همچنین بالاترین همبستگی‌های فنوتیپی منفی بین صفات تعداد تخم با وزن تخم (۰/۱۸-) و پس از آن بین صفات سن بلوغ با تعداد تخم (۰/۱۶-) به‌دست‌آمد.

مقایسه حدود اطمینان ۹۵ درصدی حاصل از نتایج متاآنالیز و دامنه تغییرات ذکرشده در مقالات برای همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد بررسی نشان داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها سبب کاهش قابل توجه در این محدوده شده است (جداول ۳ و۴). مقایسه خطای استاندارد متاآنالیز صفات موردنظر با دامنه خطای استاندارد پژوهش‌ها مختلف نشان داد که تجمیع نتایج پژوهش‌ها مختلف، باعث کاهش شدید خطای استاندارد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی در صفات مورد بررسی شده‌است که بیانگر دقت بالای نتایج پژوهش‌ها متاآنالیز در مقایسه با نتایج سایر پژوهش‌ها است. نتایج بدست آمده در زمینه کاهش حدود اطمینان و خطای استاندارد برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی با روش متاآنالیز، در راستای نتایج تحقیقی است که روی گوسفند انجام شده است (Abasi-Mousa *et al*., 2022).

جدول ۳- میانگین وزنی همبستگی‌های ژنتیکی صفات تولیدتخم و بلوغ در مرغان تخم‌گذار
Table 3. Weighted mean of genetic correlations for egg production and maturity traits in laying hens

Trait 1 صفت ۱	Trait 2 صفت ۲	تعداد مقالات Number of articles	همبستگی ژنتیکی (rg)	خطای استاندارد SE	حدود اطمینان ۹۵ درصدی CI (95%)	دامنه همبستگی ژنتیکی مقالات rg range in papers	دامنه خطای استاندارد در مقالات SE range in papers	شاخص (%)I^2
SMA	SMW	9	0.31	0.004	0.21-0.37	0.02-0.92	0.01-0.11	99.47
	EN	13	-0.25	0.007	-0.28-0.11	-0.98-0.23	0.01-0.16	99.60
	EW	12	0.22	0.005	0.11-0.28	0.04-0.86	0.05-0.24	99.29
SMW	EN	9	-0.20	0.008	-0.26-0.14	-0.77-0.24	0.01-0.15	99.67
	EW	8	-0.53	0.005	0.42-0.63	0.15-0.70	0.01-0.08	98.26
EN	EW	13	-0.36	0.005	-0.38-0.07	-0.55-0.11	0.02-0.24	99.23

سن بلوغ جنسی (SMA)، وزن بلوغ جنسی (SMW)، تعداد تخم (EN)، وزن تخم (EW)

جدول ۴- میانگین وزنی همبستگی‌های فنوتیپی صفات تولیدتخم و بلوغ در مرغان تخم‌گذار
Table 4. Weighted mean of phenotypic correlations for egg production and maturity traits in laying hens

Trait 1 صفت ۱	Trait 2 صفت ۲	تعداد مقالات Number of articles	همبستگی فنوتیپی (rp)	خطای استاندارد SE	حدود اطمینان ۹۵ درصدی CI (95%)	دامنه همبستگی فنوتیپی مقالات rp range in papers	دامنه خطای استاندارد در مقالات SE range in papers	شاخص I^2 (%)
SMA	SMW	9	0.19	0.003	0.14-0.21	0.24-0.32	0.01-0.04	81.37
	EN	12	-0.16	0.007	-0.28-0.03	-0.55-0.31	0.02-0.05	92.15
	EW	11	0.18	0.008	0.09-0.24	0.18-0.38	0.02-0.19	90.13
SMW	EN	9	-0.14	0.003	-0.21-0.05	-0.38-0.10	0.01-0.08	69.09
	EW	8	-0.24	0.002	0.21-0.29	0.19-0.41	0.01-0.07	76.20
EN	EW	11	-0.18	0.006	-0.21-0.01	-0.39-0.08	0.02-0.05	96.65

سن بلوغ جنسی (SMA)، وزن بلوغ جنسی (SMW)، تعداد تخم (EN)، وزن تخم (EW)

نتیجه‌گیری کلی

پژوهش حاضر آنالیز فراتحلیلی از ۳۳ مقاله مربوط به برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی مرغان تخم‌گذار را ارائه نمود. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد استفاده از روش فراتحلیل با تجمیع نتایج پژوهش‌ها انفرادی از طریق کاهش خطای برآوردها، باعث افزایش صحت فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان تخم‌گذار می‌شود. باتوجه به اهمیت تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی دقیق برای بهبود صفات اقتصادی در برنامه‌های اصلاحی، برآوردهای گزارش‌شده در مطالعه حاضر برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی در مواقعی که تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی دقیق برای صفات مهم اقتصادی در مرغان تخم‌گذار قابل حصول نیست، مناسب است. بنظر می‌رسد استفاده از نتایج فراتحلیل می‌تواند نقش موثری در طراحی موفق برنامه‌های اصلاح‌نژادی مرغان تخم‌گذار و ارتقا پیشرفت ژنتیکی در این پرندگان داشته‌باشد.

References

Abasi-Mousa, S., Varkoohi, S., Joezy, S., Salary, N., & Khansefid, M. (2022). Meta-analysis of genetic parameters for growth traits in meat, wool and dual-purpose sheep breeds in the world using a random-effectsmodel. *Veterinary Medicine and Science*, 1–11.

Akanno, E. C., Schenkel, F. S., Quinton, V. M., Friendship, R. M., & Robinson, J. A. B. (2013). Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth, and carcass traits of pigs in the tropics. *Livestock Science*, 152, 101–113.

Diaz, I. D. P. S., Crews, D. H., & Enns, R. M. (2014). Cluster and meta-analyses of genetic parameters for feed intake traits in growing beef cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 131, 217–226.

Emamgholi Begli, H., Zerehdaran, S., Hassani, S., Abbasi, M. A., & Khan Ahmadi A. K. (2010). Heritability, genetic and phenotypic correlations of egg quality traits in Iranian Native Fowl. *British Poultry Science*, 51, 740 -744.

Field, A. P., & Gillett, R. (2010). How to do a meta-analysis. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology*, 63(3), 665-694.

Ghobakhloo, F., Zerehdaran, S., & Shariati, M. M. (2022). Meta-analysis of studies related to genetic parameters for productive and reproductive traits in Iranian native fowl. *Journal of Animal Science*, 32(3), 49-65. [In Persian]

Gholipoor, S., Ghavi Hossein-Zadeh, N., Shadparvar, A. A., & Darmani Kuhi, H. (2022). A Meta-Analysis of Genetic Parameter Estimates for Economically Important Traits in Iranian Indigenous Chickens. *Poultry Science Journal*, 10(2), 227-239.

Hooijmans, C., Hout, J., Ritskes-Hoitinga, M., & Rovers, M. (2014). Meta-analyses of animal studies: An introduction of a valuable instrument to further improve healthcare. *Institute for Laboratory Animal Research (ILAR)*, 55(3), 418-426.

Ho Lee, Y. (2015). Meta-analysis of genetic association studies. *Annals of Laboratory Medicine.* 35(3), 283-287.

Jafari, F., Beigi Nasiri, M. T., & Fayazi, J. (2015). Estimation of genetic parameters of native chicken in Fars province by Baysian statistical method. *Journal of Animal Production*, 17(2), 171 -182.

Koots, K. R., & Gibson, J. P. (1996). Realized sampling variances of estimates of genetic parameters and the difference between genetic and phenotypic correlations. *Genetics*, 143(3), 1409-1416.

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]

Lortie, C. h., Stewart, G., Hannah Rothstein, H., & Lau, J. (2013). How to critically read ecological meta-analyses. *Research Synthesis Methods*, 6(2), 124-133.
Rojas de Oliveira, H., Ventura, H. T., Costa, E. V., Pereira, M. A., Veroneze, R., Duarte, M. d. S., Dias de Siqueira, O. H. G. B., & Silva, F. F. (2018). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science,* 58**,** 1575-1583.
Safari, E., Fogarty, N., & Gilmour, A. R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*, 92(3), 271-289.
Saghi, R., & Saghi, D. A. (2021). Estimation Genetic Parameters of Growth Curve and Reproductive Traits in Japanese Quail. *Research on Animal Production*, 12(3), 151-161. (In Persian)
Sokhan, M., Varkoohi, S., & Piray, A. H. (2023). Meta-analysis of genetic parameters for performance traits in Ross breed broilers. *10th National and International Animal Science Congress of Iran,* Karaj, Iran.
Sokhan, M., Varkoohi, S., & Piray, A. H. (2023). Meta-analysis of genetic parameters of growth and carcass traits in Ross breed broilers. *10th National and International Animal Science Congress of Iran,* Karaj, Iran.

[DOI: 10.61882/rap.16.1.99]