

DOI: 10.22034/AS.2021.46133.1615

## مطالعات مربوط به تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان بومی ایران

فاطمه قباخلو<sup>۱</sup>، سعید زره داران<sup>۲</sup> و محمد مهدی شریعتی<sup>۳</sup>

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۳/۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۷/۱

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

<sup>۲</sup> استاد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

<sup>۳</sup> استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

\*مسئول مکاتبه Email: [zerehdaran@um.ac.ir](mailto:zerehdaran@um.ac.ir)

### چکیده

زمینه مطالعاتی: مطالعات فراتحلیلی، امکان جمعیت نتایج حاصل از مطالعات قبلی را فراهم می‌کند. هدف: این تحقیق به منظور تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات در مرغان بومی ایران با صحت بالاتر از طریق استفاده از نتایج مطالعات قبلی انجام شد. روش کار: اطلاعات مورد استفاده شامل وراثت‌پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی شامل وزن یک‌روزگی، وزن هشت هفتگی، وزن دوازده هفتگی، تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم‌مرغ، سن بلوغ جنسی و وزن بلوغ جنسی بودند. مقالات مورد استفاده بین سال‌های ۱۳۸۶ تا ۱۳۹۵ منتشر شده بودند. برای ارزیابی ناهمگنی از آزمون کوکران و شاخص  $I^2$  استفاده شد و با توجه به ناهمگنی از مدل با اثرات تصادفی با استفاده از بسته Metacor نرم‌افزار R نسخه ۳،۳،۱ و نرم‌افزار Comprehensive meta-Analysis (CMA) نسخه ۳ استفاده شد. نتایج: به دلیل استفاده همزمان از نتایج مطالعات موجود، خطای برآورد پارامترهای ژنتیکی و محدوده اطمینان ۹۵ درصدی این پارامترها در مقایسه با مطالعات انفرادی به طور قابل ملاحظه‌ای کاهش یافت. این کاهش بیانگر افزایش صحت برآوردها می‌باشد. بالاترین وراثت‌پذیری صفات تولیدی و تولیدمثلی مربوط به وزن تخم‌مرغ (۰/۴۲) و پس از آن وزن بلوغ جنسی (۰/۴۱) بود. کمترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به تعداد تخم‌مرغ (۰/۲۰) و پس از آن وزن یک‌روزگی (۰/۲۵) بود. بالاترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفات تولیدی و تولیدمثلی مربوط به وزن هشت هفتگی و وزن دوازده هفتگی (۰/۸۶) و پس از آن بین وزن دوازده هفتگی و وزن بلوغ جنسی (۰/۶۴) بود. بالاترین همبستگی ژنتیکی منفی مربوط به سن بلوغ جنسی و تعداد تخم‌مرغ (۰/۶۶-) و پس از آن تعداد تخم‌مرغ با میانگین وزن تخم‌مرغ (۰/۱۹-) بود. نتیجه‌گیری نهایی: استفاده از پارامترهای ژنتیکی حاصل از این مطالعه با صحت بالاتر می‌تواند نقش موثری در طراحی موفق برنامه‌های اصلاح نژادی مرغ‌های بومی کشور و ارتقا پیشرفت ژنتیکی در این پرندگان داشته باشد.

واژگان کلیدی: فراتحلیل، مرغ بومی ایران، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی

### مقدمه

پروتئینی با کیفیتی را برای خانواده‌های شهری و به خصوص روستایی فراهم می‌کنند. مرغ‌های بومی در ایران به منظور تولید گوشت و تخم‌مرغ پرورش داده می‌شوند و برای پرورش‌دهندگان بعنوان منبع درآمد

مرغ‌های بومی ایران طی سالها پرورش در مناطق روستایی به دلیل سازگاری با شرایط سخت در این نواحی، به منابع ژنتیکی ارزشمندی تبدیل شده‌اند و منبع

می‌تواند با استفاده از مدل اثرات ثابت یا تصادفی محاسبه شود (هو لی ۲۰۱۵). انتخاب مدل متآنالیز بستگی به وجود یا عدم وجود ناهمگنی دارد. در غیاب ناهمگنی، مدل اثرات ثابت برای متآنالیز استفاده می‌شود (هو لی ۲۰۱۵). هنگامی که مقدار Q معنی‌دار محاسبه می‌شود، نشان‌دهنده وجود ناهمگنی در مطالعات است و مدل اثرات تصادفی برای متآنالیز استفاده می‌شود. (وسترین و همکاران ۲۰۱۴). بنابراین این روش توانایی بالقوه‌ای در ایجاد دیدگاه جدید در رابطه با تخمین پارامترهای ژنتیکی دارد. هویجمن<sup>۱</sup> و همکاران (۲۰۱۴) تصریح نمودند که استفاده مناسب از روش فراتحلیل در مطالعات حیوانی، تکرار غیر ضروری در این مطالعات را کاهش می‌دهد. هدف از مطالعه حاضر استفاده از روش فراتحلیل به منظور جمع‌بندی نتایج مطالعات مربوط به برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغ‌های بومی کشور برای رسیدن به پارامترهای ژنتیکی با صحت بالاتر جهت استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی در مرغ‌های بومی کشور می‌باشد.

#### مواد و روش‌ها

در پژوهش حاضر، برای دستیابی به مقالات منتشر شده در زمینه برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از کلمات کلیدی پارامترهای ژنتیکی، برآورد پارامترهای ژنتیکی، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی، صفات اقتصادی، صفات تولیدی و تولیدمثلی و مرغان بومی به صورت انفرادی، ترکیبی و جمله‌ای به صورت فارسی و انگلیسی جستجوی جامعی انجام شد.

داده‌های موجود در مطالعات مورد استفاده حاوی اطلاعاتی درباره وراثت‌پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی و تعداد رکوردهای مربوط به صفات مذکور بود. سایر اطلاعات نظیر عنوان مقاله، سال انتشار، عنوان مجله، نام نویسنده در کنار ضریب تغییرات، میانگین، انحراف معیار و واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات

مهمی هستند (امامقلی بگلی و همکاران ۲۰۰۹). جوجه‌های بومی با وجود سرعت رشد کمتر و تولید تخم‌مرغ پایین‌تر در مقایسه با سویه‌های تجاری، به دلیل مقاومت مناسب به بیماری‌ها و تولید در شرایط نامطلوب تغذیه‌ای و محیطی عملکرد بسیار بهتری در سیستم روستایی دارند (لاخی و همکاران ۲۰۱۳). کیانی‌منش و همکاران (۲۰۰۲) نشان دادند که با توجه به دو منظور بودن مرغان بومی، سن بلوغ جنسی، تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم‌مرغ و وزن بدن در ۸ هفته‌ی مهمترین ویژگی‌ها برای بهبود کارایی اقتصادی این پرندگان در شرایط روستایی می‌باشند. برنامه‌های اصلاح نژادی تأثیر قابل توجهی در بهبود ساختار ژنتیکی مرغ‌های بومی برای این صفات دارد. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مذکور با صحت بالا برای موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژادی نقش اساسی بر عهده دارند. در واقع هدف از برآورد پارامترهای ژنتیکی در حیوانات، رسیدن به اطلاعاتی است که بتوان با اطمینان در برنامه‌های اصلاحی در جهت بهبود صفات اقتصادی به کار گرفت (لین و همکاران ۲۰۰۹). برآورد پارامترهای ژنتیکی و همبستگی‌های ژنتیکی با صحت بالا برای صفات اقتصادی نیازمند جمع‌آوری تعداد بالایی داده از نسل‌های متعدد در هر جمعیت است که معمولاً در یک مطالعه مستقل امکان‌پذیر نیست. بنابراین استفاده از نتایج مجموعه مطالعات مستقل و جمع‌آوری آنها با استفاده از روش فراتحلیل امکان دسترسی به نتایج با صحت بالا را میسر می‌نماید. ترکیب نتایج حاصل از مطالعات مرتبط با استفاده از روش فراتحلیل با رفع مشکل حجم نمونه کوچک نسبت به مطالعات انفرادی سبب افزایش صحت آماری در برآوردها می‌شود. از طرفی استفاده از روش فراتحلیل اختلاف موجود بین مطالعات را با بررسی ناهمگنی در میان آنها برطرف می‌نماید (فیلد و گیل ۲۰۱۰؛ لورتی و همکاران ۲۰۱۳؛ هویجمن و همکاران ۲۰۱۴). متآنالیز، اندازه اثر مطالعات مربوطه را با توجه به میزان اطلاعات در هر مطالعه ترکیب می‌کند. اندازه اثر

<sup>1</sup>.Hooijmans

در این فرمول  $s_i$  خطای استاندارد منتشر شده برای برآورد پارامتر آمین صفت در مقاله‌ای است که خطای استاندارد را گزارش کرده است،  $n_i$  تعداد رکورد استفاده شده برای پیش‌بینی برآورد پارامتر منتشر شده برای آمین صفت در  $k$  آمین مقاله که خطای استاندارد را گزارش کرده‌است و  $\gamma$  تعداد مطالعات است.

به منظور تبدیل کردن توزیع همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی منتشر شده در مقالات مورد استفاده به یک مقیاس نرمال تقریبی، از روش تبدیل  $Z$  فیشر<sup>۱</sup> استفاده شد (جمبر و همکاران ۲۰۱۷):

[۳]

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

که در آن  $r$  برآورد همبستگی منتشر شده برای صفات در مقاله است.

خطای استاندارد  $Z$  ( $SE_z$ ) به صورت زیر بیان شد

[۴]

$$SE_z = \sqrt{\frac{1}{n - 3}}$$

در فرمول فوق  $n$  تعداد رکوردهای مربوط به همبستگی فنوتیپی (صفری و همکاران ۲۰۰۴) و تعداد پدرها مربوط به همبستگی ژنتیکی (کوتس و همکاران ۱۹۹۴) است.

سپس ارزش‌های  $Z$  از مجموع مطالعات، توسط معکوس واریانس نمونه‌گیری آنها جمع شد (جمبر و همکاران ۲۰۱۷).

[۵]

$$Z_{pooled} = \frac{\sum_{i=1}^n \frac{Z_i}{(SE_{zi})^2}}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{(SE_{zi})^2}}$$

در نهایت میانگین ارزش‌های  $Z$  طبق معادله زیر به همبستگی ژنتیکی تبدیل شدند (جمبر و همکاران ۲۰۱۷).

[۶]

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

نیز جمع‌آوری و ثبت گردید. پس از اتمام بازبینی، مقالات مشابه و تکراری از لیست حذف شدند.

در انتها از اطلاعات مربوط به برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی موجود در ۳۳ مقاله علمی که در مجلات معتبر داخلی و خارجی منتشر شده‌اند، استفاده شد. این مقالات بین سالهای ۱۳۸۶ تا ۱۳۹۵ منتشر شده و صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان بومی ایران را مورد بررسی قرار داده‌اند. صفات مورد بررسی شامل وزن یک‌روزگی، وزن هشت‌هفتگی، وزن دوازده‌هفتگی، تعداد تخم‌مرغ، وزن تخم‌مرغ، سن بلوغ-جنسی و وزن بلوغ‌جنسی بودند.

برای محاسبه میانگین وزنی وراثت‌پذیری از معکوس واریانس‌های آنها طبق روشی که توسط کوتس و همکاران (۱۹۹۴) توصیف شده است، استفاده شد. در مواردی که خطای معیار مربوط به وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی در مقالات ذکر نشده بود، خطای معیار با استفاده از روش زیر محاسبه شد (صفری و همکاران ۲۰۰۴).

[۱]

$$SE_{pi^2} = \frac{WSD}{n \frac{1}{2}}$$

در این معادله،  $SE_{pi^2}$  خطای استاندارد پیش‌بینی شده برای آمین صفت در مقاله‌ای است که خطای استاندارد را گزارش نکرده است،  $WSD$  میانگین وزنی خطاهای استاندارد گزارش شده و  $n$  تعداد رکورد استفاده شده برای پیش‌بینی برآورد پارامتر منتشر شده برای آمین صفت در  $k$  آمین مقاله است که خطای استاندارد را گزارش نکرده‌است.  $WSD$  با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد (جمبر و همکاران ۲۰۱۷):

[۲]

$$WSD = \left[ \frac{\sum_{i=1}^y s_i^2 n_i^2}{\sum_{i=1}^y n_i} \right]^{\frac{1}{2}}$$

<sup>۱</sup> . Fishers Z

## تجزیه آماری

مدل اثرات تصادفی برای فراتحلیل انتخاب شد. داده‌های وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده از بسته Metacor در نرم‌افزار R مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. با استفاده از شاخص‌های تست کوکران و  $I^2$  ناهمگنی موجود بین مقالات مورد بررسی قرار گرفت. شاخص  $I^2$  برای تعیین ناهمگنی بین مطالعات استفاده شد که بر اساس فرمول زیر محاسبه شد:

[۷]

$$I^2 = \frac{(Q - df)}{Q} \times 100$$

که  $Q$  (کوکران، ۱۹۵۴) توسط فرمول زیر برآورد می‌شود:

[۸]

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

در این رابطه،  $w_j$  میانگین وزنی پارامتر در ژامین مقاله است (به عنوان معکوس واریانس نمونه‌برداری منتشر شده برای پارامتر  $\frac{1}{s_j^2}$  فرض می‌شود).  $\hat{\theta}_j$  برآورد پارامتر منتشر شده در مقاله  $\bar{\theta}$  است و  $\bar{\theta}$  میانگین وزنی پارامتر در جمعیت است و  $df$  درجه آزادی ( $J-1$ )، که  $J$  تعداد مقالات مورد استفاده است) از توزیع مربع کای برای ارزش مورد انتظار برای  $Q$  که  $\tau^2$  برابر صفر فرض شده است (دی الویرا و همکاران ۲۰۱۸).

مقادیر  $I^2$  بین ۰ تا ۱۰۰ درصد متغیر است. ۰ تا ۲۵٪ بیانگر ناهمگنی بسیار کم؛ ۲۵ تا ۵۰٪ نشان‌دهنده ناهمگنی کم؛ ۵۰ تا ۷۵٪ نشان‌دهنده ناهمگنی متوسط؛ و بیشتر از ۷۵٪ نشان‌دهنده ناهمگنی زیاد است (دی الویرا و همکاران ۲۰۱۸). معمولاً برای تجمیع مطالعات با مقادیر ناهمگنی خیلی کم و کم از مدل فراتحلیل با اثرات ثابت و برای تجمیع مطالعات با مقادیر ناهمگنی متوسط و زیاد از مدل فراتحلیل با اثرات تصادفی استفاده می‌شود (هو

لی ۲۰۱۵). نتیجه بررسی حاضر نشانگر وجود ناهمگنی زیاد در مطالعات موجود برای اکثر صفات مورد بررسی بود (بالاتر از ۷۰ درصد). بنابراین، برای برآورد میانگین وزنی اثرات، امکان استفاده از مدل اثر ثابت وجود نداشت. داده‌ها توسط نرم‌افزار CMA (۲۰۱۴) مجدداً مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند و نتایج حاصل از مدل فراتحلیل با اثرات تصادفی به عنوان نتایج نهایی گزارش شدند.

برای هر یک از پارامترهای تخمینی صفات مورد نظر، حد پایین<sup>۲</sup> و بالا<sup>۳</sup> در محدوده اطمینان ۹۵ درصدی با استفاده از فرمول زیر برآورد شد:

[۹]

$$LL_{\theta} = \hat{\theta} - 1.96 \times SE_{\hat{\theta}}$$

$$HL_{\theta} = \hat{\theta} + 1.96 \times SE_{\hat{\theta}}$$

که در آن  $SE_{\hat{\theta}}$  خطای معیار پیش‌بینی شده برای پارامتر تخمینی  $\hat{\theta}$  است که توسط فرمول زیر محاسبه می‌شود (دی الویرا و همکاران ۲۰۱۸).

[۱۰]

$$SE_{\hat{\theta}} = \sqrt{\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j}}$$

## نتایج و بحث

نتایج مربوط به آنالیز همگنی پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل تصادفی در جدول‌های ۱ تا ۳ و میانگین وزنی وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی، خطای استاندارد و محدوده اطمینان ۹۵ درصدی برای هر پارامتر در جدول‌های ۴ تا ۶ ذکر شده است.

## میانگین وزنی وراثت‌پذیری صفات تولیدی و تولیدمثلی

با توجه به نتایج حاصل از فراتحلیل، بالاترین وراثت‌پذیری صفات تولیدی و تولیدمثلی مربوط به صفت وزن

<sup>۳</sup> HL<sub>θ</sub><sup>۱</sup> Cochran<sup>۲</sup> LL<sub>θ</sub>

تعریف صفت (برحسب اینکه وزن بدن در چه سنی مورد بررسی قرار گیرد)، ساختار جمعیت مورد بررسی و همچنین روش مورد استفاده (مثل حداکثر درست نمایی و بیزین) برای برآورد وراثت‌پذیری باشد، که سبب افزایش یا کاهش در میزان تاثیر اثرات ژنتیکی غیر افزایشی و محیطی در برآورد وراثت‌پذیری صفات می‌شود (امامقلی و همکاران ۲۰۰۹؛ جعفری و همکاران ۲۰۱۵)

بررسی مقایسه‌ای خطای برآورد تخمین پارامترها در مطالعات مستقل با نتایج فراتحلیل نشان می‌دهد که خطای برآورد توارث‌پذیری صفات مورد بررسی در روش فراتحلیل به طور قابل ملاحظه‌ای نسبت به مطالعات مستقل کاهش یافته است. برای مثال مقدار خطای برآورد مربوط به صفت وزن ۱۲ هفتگی در فراتحلیل ۰/۰۰۰۹/ محاسبه شد در صورتی که محدوده گزارش شده در مقالات از ۰/۰۵ تا ۰/۰۸ می‌باشد. این روند در مورد سایر صفات مورد بررسی نیز قابل مشاهده است به طوری که برای صفت وزن هشت هفتگی، مقدار خطا در فراتحلیل ۰/۰۰۰۹/ برآورد گردید ولی محدوده گزارش شده در مقالات صفر تا ۰/۰۶ می‌باشد و همچنین در مورد صفت وزن یک‌روزگی خطای محاسبه شده ۰/۰۰۱۴/ بود که محدوده گزارش شده آن در مقالات ۰/۰۲ تا ۰/۰۰۳ می‌باشد. کاهش خطای برآورد توارث‌پذیری صفات در روش فراتحلیل، تبعاً منجر به کاهش محدوده اطمینان ۹۵ درصدی توارث‌پذیری صفات نیز خواهد شد. این روند کاهشی که به دلیل تجمیع نتایج حاصل از مطالعات مستقل حاصل شده، نشان‌دهنده افزایش صحت برآوردها است. این امر سبب می‌شود استفاده از این نتایج در مقایسه با نتایج مطالعات انفرادی قابلیت اطمینان بالاتری داشته باشد. روند کاهش‌دهنده خطای برآورد و محدوده ۹۵ درصدی برای تخمین توارث‌پذیری صفات در مدل فراتحلیل در جدول ۴ آورده شده است.

تخم‌مرغ با مقدار عددی ۰/۴۲ و پس از آن وزن بلوغ-جنسی با مقدار عددی ۰/۴۱ بود. کمترین میزان وراثت-پذیری مربوط به صفت تعداد تخم‌مرغ با مقدار عددی ۰/۲۰ و پس از آن وزن یک‌روزگی با مقدار عددی ۰/۲۵ بود. وراثت‌پذیری صفت وزن یک‌روزگی نسبت به سایر سنین مورد بررسی (هشت و دوازده هفتگی) کمتر بود. در برخی مطالعات، مقادیر پایین‌تر و در برخی دیگر از مطالعات، مقادیر بالاتری در مقایسه با نتایج فراتحلیل برای این صفت ذکر شده است. بطور مثال قربانی و همکاران (۲۰۱۵)، رحمانیان و همکاران (۲۰۱۵)، سراج و همکاران (۲۰۱۰) و صالحی‌نسب و همکاران (۲۰۱۳) توارث‌پذیری این صفت را به ترتیب ۰/۱۴، ۰/۰۸، ۰/۰۵ و ۰/۰۲ برآورد نمودند. با این وجود توارث‌پذیری این صفت در مطالعه قره داغی و همکاران (۲۰۱۴) ۰/۵۳، در مطالعه بهمنی مهر و همکاران (۲۰۱۲) ۰/۵۶ و در مطالعه نیک‌نفس و همکاران (۲۰۱۲) ۰/۴۶ برآورد گردید. جعفری و همکاران (۲۰۱۵) مقدار وراثت‌پذیری این صفت را ۰/۳۶ برآورد کردند و بیان نمودند که برای صفت وزن بدن در یک‌روزگی عوامل محیطی دائمی (مانند ضخامت پوسته و مواد مغذی تخم مرغ و شرایط ماشین جوجه کشی) مهمتر از عوامل ژنتیکی است.

کمترین میزان وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی مربوط به صفت تعداد تخم‌مرغ با مقدار عددی ۰/۲۰ بود. در اکثر مطالعات مورد بررسی، میزان توارث‌پذیری این صفت با توجه به ماهیت تولیدمثلی آن پایین بود. برای مثال در مطالعات قاضی‌خانی شاد و منصور زلانی (۲۰۱۴) در مرغان بومی استان فارس و صالحی‌نسب و همکاران (۲۰۱۳) در مرغان بومی اصفهان توارث‌پذیری این صفت به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۲۰ برآورد گردید. همگنی نسبی نتایج منجر به تشابه تخمین حاصل از فراتحلیل برای این صفت با نتایج مطالعات مستقل گردید.

تفاوت در میزان وراثت‌پذیری گزارش شده در مطالعات مختلف برای یک صفت خاص ممکن است به دلیل تفاوت در شرایط محیط پرورش و شرایط اقلیمی منطقه، نوع

### میانگین وزنی همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات

#### تولیدی و تولیدمثلی

بالاترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفات تولیدی و تولیدمثلی مربوط به همبستگی بین صفت وزن هشت هفتگی با وزن دوازده هفتگی با مقدار  $0/86$  و پس از آن همبستگی بین صفت وزن دوازده هفتگی و وزن بلوغ-جنسی با مقدار عددی  $0/64$  بود. بالاترین همبستگی ژنتیکی منفی مربوط به همبستگی بین صفت سن بلوغ جنسی با تعداد تخم‌مرغ با مقدار عددی  $-0/66$  و پس از آن تعداد تخم‌مرغ و میانگین وزن تخم‌مرغ با مقدار عددی  $-0/19$  بود. بالاترین همبستگی فنوتیپی بین صفات تولیدی و تولیدمثلی مربوط به صفت وزن هشت هفتگی و وزن دوازده هفتگی با مقدار عددی  $0/70$  و پس از آن وزن دوازده هفتگی با وزن بلوغ جنسی با مقدار عددی  $0/58$  بود. بیشترین همبستگی فنوتیپی منفی مربوط به همبستگی سن بلوغ جنسی با تعداد تخم‌مرغ با مقدار عددی  $-0/55$  و پس از آن وزن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم‌مرغ با مقدار عددی  $-0/15$  بود.

با توجه به نتایج حاصل از فراتحلیل مقدار همبستگی بین وزن یک‌روزگی و سن بلوغ جنسی  $0/06$  برآورد شد که بیانگر همبستگی کم بین این صفات است. این بدین مفهوم است که ژنهای کنترل کننده وزن یک روزگی با ژنهای که وزن در زمان بلوغ جنسی را کنترل می کنند از هم پوشانی بسیار کمی برخوردارند و ژنهای متفاوتی این دو صفت را کنترل می نمایند. در مطالعات مستقل هم مقدار عددی پایینی برای همبستگی این دو صفت ذکر شده است اما در برخی مطالعات مقدار عددی پایین‌تر و در برخی مقدار عددی بالاتری نسبت به نتایج این مطالعه گزارش شده است به عنوان مثال قره‌داغی و همکاران (2014) در مطالعه خود بر روی همبستگی این صفات در مرغان بومی آذربایجان مقدار عددی  $0/05$  را گزارش کردند. شادپرور و عنایتی (2012) در مطالعه بر روی مرغان بومی مازندران مقدار همبستگی بین این دو صفت را  $0/04$  برآورد کردند. نیک‌نفس و همکاران (2012) در

مطالعه بر روی مرغان بومی مازندران مقدار همبستگی این دو صفت را  $0/08$  محاسبه کردند. یوسفی‌زنوز و همکاران (2014) در مطالعه روی جمعیت مرغان بومی اصفهان مقدار همبستگی این دو صفت را  $0/09$  گزارش کردند.

همبستگی بین وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی  $0/86$  برآورد گردید. با توجه به مقدار عددی همبستگی بین وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی، انتخاب بر اساس این صفت می‌تواند موجب افزایش وزن در سنین بالاتر شود. در برخی مطالعات مستقل مقادیر بالاتر از نتیجه فراتحلیل گزارش شده است. بعنوان مثال قره‌داغی و همکاران (2014) مقدار همبستگی بین دو صفت مذکور را در مرغان بومی آذربایجان  $0/91$ ، امامقلی‌بگلی و همکاران (2009) مقدار همبستگی این دو صفت را در مرغان بومی یزد  $0/96$ ، بهمنی‌مهر و همکاران (2012) در مطالعه خود مقدار همبستگی برای این دو صفت را  $0/94$  و نیک‌نفس و همکاران (2012) در مرغان بومی مازندران مقدار همبستگی این دو صفت را  $0/91$  گزارش کردند. قدمگاهی و همکاران (2017) مقدار همبستگی برای صفت وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی در مرغان بومی خراسان رضوی را  $0/86$  برآورد کردند که مشابه نتیجه فراتحلیل در این پژوهش بود. در برخی مطالعات هم مقادیر پایینی برای همبستگی صفت وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی ذکر شده است. یوسفی‌زنوز و همکاران (2014) در مطالعه بر روی مرغان بومی اصفهان مقدار همبستگی را برای این دو صفت  $0/58$  و شادپرور و عنایتی (2012) در مطالعه مربوط به مرغان بومی مازندران مقدار عددی  $0/17$  را گزارش کردند که این مقدار خارج از محدوده  $95$  درصدی فراتحلیل بود.

در این پژوهش همبستگی ژنتیکی صفت میانگین وزن تخم‌مرغ با سایر صفات مثبت ولی با صفت تعداد تخم‌مرغ منفی ( $-0/19$ ) برآورد شد. در اکثر مطالعات مورد بررسی همبستگی این دو صفت منفی برآورد شده که بیشتر این محاسبات در محدوده  $95$  درصدی فراتحلیل

منفی گزارش شده اما در تعدادی از این پژوهش‌ها مقادیر گزارش شده بسار بالاتر و در برخی مقادیر بسیار پایین‌تر از مقدار برآورد شده در این پژوهش و خارج از محدوده ۹۵ درصدی فراتحلیل ذکر شده است. به طور مثال در مطالعه امامقلی‌بگلی و همکاران (۲۰۰۹) در مرغان بومی استان یزد همبستگی این دو صفت  $-0/95$  و در دو پژوهش در مرغان بومی استان فارس شامل مطالعه قربانی و همکاران (۲۰۰۷) مقدار عددی  $-0/85$  و در مطالعه قاضی‌خانی‌شاد و منصور زلانی (۲۰۱۴) مقدار همبستگی صفت سن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ  $-0/80$  گزارش شده است. از طرفی در مطالعه قره‌داغی و همکاران (۲۰۱۴) همبستگی سن بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ  $-0/01$  گزارش شده است و یا در مطالعه یوسفی زنوز و همکاران (۲۰۱۳) در مرغان بومی استان اصفهان مقدار همبستگی این دو صفت را  $-0/20$  برآورد کردند.

همبستگی وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ در این پژوهش منفی ( $-0/19$ ) برآورد شد. در مطالعات انفرادی هم مقدار همبستگی این دو صفت منفی گزارش شده و اکثر مقادیر برآورد شده برای همبستگی این دو صفت در محدوده ۹۵ درصدی فراتحلیل ( $0/13$  تا  $-0/26$ ) بودند. کمالی و همکاران (2007) همبستگی این دو صفت در مرغان بومی را  $-0/09$  گزارش کردند. دیمی غیاث‌آبادی و علیجانی (۲۰۱۱) در مرغان بومی فارس مقدار عددی  $-0/21$  را برآورد کردند. امامقلی‌بگلی و همکاران (۲۰۰۹) در پژوهش خود بر روی مرغان بومی استان یزد مقدار عددی  $-0/29$  و قره‌داغی و همکاران (۲۰۱۴) در مرغان بومی استان آذربایجان مقدار  $-0/16$  را محاسبه کردند و بیان کردند با افزایش تولید تخم‌مرغ وزن تخم‌مرغ کاهش خواهد یافت.

قرار دارند. بعنوان مثال در مطالعه قره‌داغی و همکاران (۲۰۱۴) در مرغ بومی آذربایجان همبستگی دو صفت فوق را  $-0/16$ ، قاضی‌خانی‌شاد و منصور زلانی (۱۳۹۳) و دیمی غیاث‌آبادی و علیجانی (2012) در مطالعه بر روی مرغ بومی استان فارس مقدار عددی همبستگی این دو صفت را  $-0/21$  گزارش کردند. در برخی مطالعات هم مقادیری خارج از محدوده فراتحلیل برای همبستگی این دو صفت ذکر کردند که میتوان به مطالعه شادپرور و عنایتی (۲۰۱۲) بر روی مرغان بومی مازندران اشاره کرد که مقدار همبستگی صفت وزن تخم‌مرغ و تعداد تخم‌مرغ را  $-0/41$  برآورد کردند.

همبستگی وزن بدن در سنین مختلف با وزن تخم‌مرغ مثبت ارزیابی شد. همبستگی وزن بدن در هشت هفتگی و دوازده هفتگی با وزن تخم مرغ  $0/38$  برآورد شد. شادپرور و عنایتی (۲۰۱۲) در مرغان بومی مازندران همبستگی صفت وزن هشت هفتگی و وزن تخم مرغ را  $0/34$  و وزن دوازده هفتگی و وزن تخم مرغ را  $0/31$  محاسبه کردند. امامقلی‌بگلی و همکاران (۲۰۰۹) در مطالعه بر روی مرغان بومی استان یزد همبستگی وزن هشت هفتگی و وزن تخم مرغ را  $0/26$  و وزن دوازده هفتگی و وزن تخم مرغ را  $0/33$  گزارش کردند و بیان نمودند با انتخاب برای افزایش وزن بدن می‌توان انتظار داشت وزن تخم‌مرغ نیز به طور همبسته افزایش یابد. در اکثر مطالعات مورد بررسی برآوردها در محدوده ۹۵ درصدی فراتحلیل قرار داشتند اما در برخی مطالعات مستقل هم اعدادی خارج از محدوده فراتحلیل برای همبستگی این دو صفت ذکر شده است بعنوان مثال عباسی و همکاران (۲۰۱۵) با مطالعه بر روی مرغان بومی فارس همبستگی وزن هشت هفتگی و وزن تخم مرغ را  $0/71$  و وزن دوازده هفتگی و وزن تخم‌مرغ را  $0/53$  گزارش کردند.

همبستگی بین سن بلوغ جنسی و تعداد تخم‌مرغ منفی ( $-0/66$ ) و با حدود اطمینان  $-0/48$  تا  $-0/78$  برآورد شد. در تمام مطالعات مورد بررسی همبستگی این دو صفت

**Table 1- Heterogeneity analysis of random effects model in studies used in terms of heritability of production and reproductive traits**

| Trait | Number | I <sup>2</sup> | Q      |
|-------|--------|----------------|--------|
| BW1   | 13     | 7.29           | 12.944 |
| BW8   | 24     | 0              | 16.02  |
| BW12  | 28     | 0              | 26.67  |
| ASM   | 28     | 9.88           | 29.961 |
| EN    | 33     | 0              | 28.63  |
| EW    | 32     | 23.53          | 40.54  |
| WSM   | 11     | 17.73          | 12.15  |

BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight; Q is Cochran; I<sup>2</sup> is heterogeneity in random effect model

**Table 2- Heterogeneity analysis of random effects model in studies used for genetic correlation of production and reproductive traits**

| First trait | Second trait | Number | I <sup>2</sup> | Q      |
|-------------|--------------|--------|----------------|--------|
| BW1         | BW8          | 6      | 0              | 2.996  |
|             | BW12         | 6      | 6.007          | 5.32   |
|             | ASM          | 4      | 12.75          | 3.439  |
|             | WSM          | 3      | 36.935         | 3.171  |
|             | EN           | 4      | 2.78           | 3.086  |
|             | EW           | 3      | 0              | 1.992  |
| BW8         | BW12         | 8      | 13.043         | 8.05   |
|             | ASM          | 6      | 17.987         | 6.097  |
|             | WSM          | 4      | 0              | 2.899  |
|             | EN           | 6      | 14.136         | 5.823  |
|             | EW           | 6      | 0              | 3.892  |
|             | BW12         | ASM    | 13             | 21.203 |
| WSM         |              | 5      | 1.577          | 4.064  |
| EN          |              | 12     | 0              | 10.739 |
| EW          |              | 11     | 0              | 9.561  |
| ASM         | WSM          | 5      | 9.92           | 4.441  |
|             | EN           | 14     | 15.894         | 15.457 |
|             | EW           | 11     | 0              | 9.189  |
| WSM         | EN           | 5      | 0              | 3.831  |
|             | EW           | 4      | 49.265         | 5.913  |
| EN          | EW           | 10     | 14.207         | 10.49  |



BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight; Q is Cochran;  $I^2$  is heterogeneity in random effect model

**Table 3- Heterogeneity analysis of random effects model in studies used for phenotype correlation of production and reproductive traits**

| First trait | Second trait | Number | $I^2$  | Q     |
|-------------|--------------|--------|--------|-------|
| BW1         | BW8          | 2      | 0      | 1     |
|             | BW12         | 2      | 0      | 1     |
|             | ASM          | 1      | 0      | 0     |
|             | WSM          | 0      | -      | -     |
|             | EN           | 1      | 0      | 0     |
|             | EW           | 1      | 0      | 0     |
| BW8         | BW12         | 4      | 0      | 2.944 |
|             | ASM          | 3      | 1.469  | 2.03  |
|             | WSM          | 1      | 0      | 0     |
|             | EN           | 3      | 2.338  | 2.048 |
|             | EW           | 4      | 3.623  | 3.113 |
| BW12        | ASM          | 8      | 0      | 6.63  |
|             | WSM          | 1      | 0      | 0     |
|             | EN           | 7      | 0      | 5.657 |
|             | EW           | 8      | 0      | 5.79  |
| ASM         | WSM          | 1      | 0      | 0     |
|             | EN           | 8      | 27.929 | 9.713 |
|             | EW           | 8      | 1.257  | 7.089 |
| WSM         | EN           | 1      | 0      | 0     |
|             | EW           | 2      | 0      | 1     |
| EN          | EW           | 7      | 0      | 5.289 |

BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight; Q is Cochran;  $I^2$  is heterogeneity in random effect model

**Table 4- Weighted average of heritability of productive and reproductive traits in Iranian native hens**

| Trait | number | $h^2$ | SE      | 95% confidence interval | The range of heritability in articles | Standard error range of the articles |
|-------|--------|-------|---------|-------------------------|---------------------------------------|--------------------------------------|
| BW1   | 13     | 0.25  | 0.0014  | 0.14 – 0.36             | 0.02 – 0.56                           | 0.003 – 0.02                         |
| BW8   | 24     | 0.28  | 0.0009  | 0.22 -0.33              | 0.12 – 0.56                           | 0 – 0.06                             |
| BW12  | 28     | 0.38  | 0.00098 | 0.32 – 0.44             | 0.14 – 0.57                           | 0.05 – 0.08                          |
| ASM   | 28     | 0.37  | 0.0011  | 0.33 – 0.41             | 0.15 – 0.56                           | 0.006 – 0.1                          |
| EN    | 33     | 0.20  | 0.0013  | 0.16 – 0.25             | 0.07 – 0.57                           | 0.01 – 0.13                          |
| EW    | 32     | 0.42  | 0.00095 | 0.36 – 0.47             | 0.01 – 0.64                           | 0.004 – 0.07                         |
| WSM   | 11     | 0.41  | 0.0015  | 0.34 – 0.48             | 0.18 – 0.57                           | 0 – 0.07                             |

BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight;  $h^2$ : heritability; SE: standard error

**Table 5- Weighted average of genetic correlations between productive and reproductive traits in Iranian native hens**

| First trait | Second trait | Number | $r_g$  | SE     | 95% confidence interval | The range of correlations in the articles |
|-------------|--------------|--------|--------|--------|-------------------------|---|
| BW1         | BW8          | 6      | 0.42   | 0.0019 | 0.08 – 0.63             | 0.20 – 0.82                               |
|             | BW12         | 6      | 0.26   | 0.0024 | 0.22 – 0.32             | 0.22 – 0.36                               |
|             | ASM          | 4      | 0.06   | 0.0027 | 0.04 – 0.08             | 0.04 – 0.09                               |
|             | WSM          | 3      | 0.37   | 0.0023 | 0.26 – 0.46             | 0.25 – 0.46                               |
|             | EN           | 4      | -0.07  | 0.0027 | -0.17 – 0.01            | -0.04 – 0.03                              |
|             | EW           | 3      | 0.39   | 0.0029 | -0.14 – 0.75            | 0.11 – 0.76                               |
| BW8         | BW12         | 8      | 0.86   | 0.0009 | 0.32 – 0.73             | 0.17 – 0.96                               |
|             | ASM          | 6      | -0.08  | 0.0025 | -0.16 – 0.002           | -0.21 – 0.07                              |
|             | WSM          | 4      | 0.46   | 0.0021 | 0.20 – 0.66             | 0.20 – 0.69                               |
|             | EN           | 6      | -0.007 | 0.0025 | -0.10 – 0.08            | -0.15 – 0.18                              |
| BW12        | EW           | 6      | 0.38   | 0.0021 | 0.17 – 0.55             | 0.20 – 0.71                               |
|             | ASM          | 13     | -0.07  | 0.0018 | -0.14 – 0.01            | -0.32 – 0.14                              |
|             | WSM          | 5      | 0.64   | 0.0018 | 0.43 – 0.78             | 0.38 – 0.84                               |
|             | EN           | 12     | -0.03  | 0.0019 | -0.11 – 0.55            | -0.21 - 0.22                              |
|             | EW           | 11     | 0.38   | 0.0016 | 0.30 – 0.46             | 0.17 – 0.54                               |
| ASM         | WSM          | 5      | 0.31   | 0.0032 | 0.08 – 0.50             | 0 – 0.63                                  |
|             | EN           | 14     | -0.66  | 0.0013 | -0.78 – 0.48            | -0.95 - 0                                 |
|             | EW           | 11     | 0.22   | 0.0023 | 0.13 – 0.31             | 0.05 – 0.54                               |

|     |    |    |       |        |              |               |
|-----|----|----|-------|--------|--------------|---------------|
| WSM | EN | 5  | -0.37 | 0.0033 | -0.56 – 0.13 | -0.66 - -0.10 |
|     | EW | 4  | 0.21  | 0.0051 | 0.02 – 0.38  | -0.15 – 0.42  |
| EN  | EW | 10 | -0.19 | 0.0025 | -0.26 – 0.13 | -0.41 - -0.09 |

BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight;  $r_p$ : phenotypic correlations; SE: standard error

**Table 6- Weighted average of phenotypic correlations between productive and reproductive traits in Iranian native hens**

| First trait | Second trait | Number | $r_p$ | SE     | 95% confidence interval | The range of correlations in the articles |
|-------------|--------------|--------|-------|--------|-------------------------|---|
| BW1         | BW8          | 2      | 0.16  | 0.0052 | 0.04 – 0.27             | 0.10 – 0.22                               |
|             | BW12         | 2      | 0.14  | 0.0052 | 0.06 – 0.21             | 0.10 – 0.18                               |
|             | ASM          | 1      | 0.12  | 0.007  | 0.10 – 0.13             | ---                                       |
|             | WSM          | 0      | ---   | ---    | ---                     | ---                                       |
|             | EN           | 1      | -0.02 | 0.007  | -0.03 - -0.005          | ---                                       |
|             | EW           | 1      | 0.12  | 0.007  | 0.10 – 0.13             | ---                                       |
| BW8         | BW12         | 4      | 0.70  | 0.504  | 0.67 – 0.74             | 0.66 – 0.74                               |
|             | ASM          | 3      | -0.07 | 0.004  | -0.1 - -0.04            | -0.09 - -0.04                             |
|             | WSM          | 1      | 0.44  | 0.006  | 0.42 – 0.45             | ---                                       |
|             | EN           | 3      | 0.01  | 0.004  | -0.06 – 0.08            | -0.04 – 0.09                              |
|             | EW           | 4      | 0.09  | 0.0031 | 0.01 – 0.17             | 0.02 – 0.21                               |
| BW12        | ASM          | 8      | -0.08 | 0.0024 | -0.16 - -0.005          | -0.23 – 0.16                              |
|             | WSM          | 1      | 0.58  | 0.005  | 0.57 – 0.59             | ---                                       |
|             | EN           | 7      | 0.08  | 0.0027 | 0.01 – 0.14             | -0.05 – 0.17                              |
|             | EW           | 8      | 0.16  | 0.0023 | 0.07 – 0.25             | 0.01 – 0.36                               |
| ASM         | WSM          | 1      | 0.08  | 0.013  | 0.05 – 0.1              | ---                                       |
|             | EN           | 8      | -0.55 | 0.0019 | -0.65 - -0.42           | -0.8 - -0.08                              |
|             | EW           | 8      | 0.13  | 0.0028 | 0.09 – 0.16             | 0.06 – 0.19                               |
| WSM         | EN           | 1      | -0.11 | 0.012  | -0.13 - -0.08           | ---                                       |
|             | EW           | 2      | -0.15 | 0.0122 | -0.36 – 0.06            | -0.26 - -0.04                             |
| EN          | EW           | 7      | -0.07 | 0.0031 | -0.11 - -0.04           | -0.12 – 0.002                             |

BW1: body weights at one day of age; BW8: body weight at eight weeks of age; BW12: body weight at twelve weeks of age; WSM: body weight at sexual maturity; ASM: age at sexual maturity; EN: egg number; EW: egg weight;  $r_p$ : phenotypic correlations; SE: standard error

### نتیجه‌گیری

پژوهش حاضر آنالیز فراتحلیلی از ۳۳ مقاله مربوط به برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی مرغ‌های بومی ایران را ارائه نمود. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد استفاده از روش فراتحلیل با تجمیع نتایج مطالعات انفرادی از طریق افزایش حجم نمونه و کاهش خطای برآورد، باعث افزایش صحت پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی در مرغان بومی کشور می‌شود. با توجه به اهمیت ژنتیکی مرغان بومی در کشور و افزایش تقاضا و بازار پسندی تولیدات حاصل از مرغ‌های بومی، بنظر می‌رسد استفاده از نتایج فراتحلیل می‌تواند به طور موثری در طراحی برنامه‌های مفید و کاربردی در زمینه اصلاح ژنتیکی مرغان بومی به منظور افزایش پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی مورد استفاده قرار گیرد.

### سپاسگزاری

نویسندگان مقاله از حمایت مالی معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه فردوسی مشهد برای انجام این پژوهش تقدیر و سپاسگزاری می‌نمایند.

با توجه به نتایج حاصل از فراتحلیل، همبستگی ژنتیکی مطلوبی بین صفات رشد با سن بلوغ جنسی، وجود داشت. قره داغی و همکاران (۲۰۱۴) در مرغان بومی آذربایجان همبستگی بین صفت وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی با سن بلوغ جنسی را به ترتیب  $0/14$  و  $0/13$  گزارش کردند و بیان نمودند که انتخاب برای افزایش وزن بدن در مرغان بومی سبب کاهش سن بلوغ جنسی می‌شود. شادپرور و عنایتی (۲۰۱۲) در مطالعه بر روی مرغان بومی مازندران مقدار همبستگی بین صفت وزن هشت هفتگی و دوازده هفتگی با سن بلوغ جنسی را به ترتیب  $0/17$  و  $0/02$  برآورد نمودند.

با توجه به مقایسه میان محدوده ۹۵ درصدی فراتحلیل و گزارشات مقالات و با در نظر گرفتن مقادیر خطای استاندارد بنظر می‌رسد همانطور که در مورد وراثت-پذیری صفات بیان شد، استفاده از نتایج فراتحلیل در برنامه‌های اصلاح نژادی می‌تواند باعث بهبود عملکرد و افزایش بازدهی در مرغان بومی کشور شود.

### منابع مورد استفاده

- Abbasi S, Abbasi MA and Nosheri AR, 2015. Estimation of heritability and genetic and phenotypic correlations between egg quality and body weight traits in Fars Province. *Journal Animal Production* 17(2): 391-401. (In Persian).
- Alipanah M, Mohammadi Z, Asadi Fouzi M and Rokouei M, 2014. Application of random regression model on genetic analysis egg production in native chicken of Fars province. *Modern Genetics Journal* 9(1): 13-20.
- Bahmanimehr A, Eskandari Gh and Pakizeh M, 2012. Estimation of genetic parameters and inbreeding effects of economic traits in native chicken under short term selection. *Life Science Journal* 9(4):1635-1638. (In Persian).
- Bayssa M, Yigrem S, Betsha S and Tolera A, 2021. Production, reproduction and some adaptation characteristics of Boran cattle breed under changing climate: A systematic review and meta-analysis. *Plos One* 16(5):p.e0244836.
- Cochran WG, 1954. The combination of estimates from different experiments. *Biometrics* 10(1), 101-129.
- De Oliveira HR, Ventura H T, Costa EV, Pereira MA, Veroneze R, de Souza Duarte M and E Silva FF, 2018. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nelore cattle by using a random-effects model. *Animal Production Science* 58(9):1575-1583.
- Deimi Ghias Abadi P and Alijani S, 2011. Genetic dissection of some production traits of Fars province native chickens using statistical methods. *Animal Science Research* 21(3): 71-81. (In Persian).

- Deimi Ghias Abadi P, Alijani S, Shodja Ghias J and Pirani N, 2012. Comparison of two restricted maximum likelihood (REML) and Bayesian statistical methods for estimating genetic parameter of some economically important traits in Fars native chickens. *Research on Animal Production* 5: 1-13.
- Ebrahimzadeh-Allahabad A, Mahmodian Z, Pezeshkian Z and Mollaei A, 2015. Estimation of genetic and phenotypic parameters of some important economic traits in Khazak native hen in Iran. *Animal Genetic Resources* 57: 99-103.
- Emamgholi H, Zerehdaran S, Hassani S and Abbasi MA, 2009. Estimation of genetic parameters of economically important Traits in native fowl of Yazd Province. *Iranian Journal of Animal Science* 40(4): 63-70. (In Persian).
- Field AP and Gillett R, 2010. How to do a meta-analysis. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology* 63(3):665-694.
- Firozjah NG, 2015. Estimation of genetic parameters for economic traits in Mazandaran native chickens. *Journal of Animal and Poultry Sciences* 4: 20-26.
- Garg AX, Hackam D and Tonelli M, 2008. Systematic review and meta-analysis: when one study is just not enough. *Journal of the American Society of Nephrology* 3:253-260
- Ghadamgahi F, Zerehdaran S, Ahani Azari M and Salehi Nasab M, 2017. Genetic characteristics of growth and egg production traits in native fowl of Khorasan Razavi Province using Bayesian statistical method. *Iranian Journal of Animal Science Research* 9(1): 84-92.
- Gharahdaghi AA, Ghorbani Sh, Kamali MA and Abbasi MA, 2014. Estimation of parameters and genetic trend of economic traits in native chickens of West Azerbaijan Province. *Animal Science Journal (Pajohesh and Sazandegi)* 104: 243-254. (In Persian).
- Ghazikhani Shad A and Mansouri Zalani A, 2014. Estimation of genetic parameters of productive and reproductive traits, inbreeding process and its effects on the economic traits of native fowl in Fars province. *Journal of Animal Environment* 1: 71- 76. (In Persian).
- Ghazikhani Shad A, Nejati Javaremi A and Mehrabani Yeganeh H, 2007. Animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian native fowl. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 10: 2787-2789.
- Ghorbani F, Farhangfar H, Afzali N and Navidizade MA, 2015. Study on accuracy of predicted breeding value for body weight at eighth week of age in Khorasan native chickens. *Iranian Journal of Animal Science Research* 7(2): 208-217. (In Persian).
- Ghorbani SH, Kamali MA, Abbasi MA and Ghafouri kesbi F, 2012. Estimation of maternal effects on some economic traits of north Iranian native fowl using different models. *Journal of Agricultural Science and Technology (JAST)* 14(1): 95-103.
- Ghorbani Sh, Moradi Sharbabak M, Zamiri MJ and Kamali MA, 2007. Estimates genetic parameters of economic traits and inbreeding coefficient in Fars native fowl. *Pajoudeh & Sazandegi* 75: 25-32. (In Persian).
- Ghorbani Sh, Tahmoorespur M, Maghsoudi A and Abdollahi Arpanahi R, 2013. Estimates of (co)variance components for production and reproduction traits with different models in Fars native fowl. *Livestock Science* 151(2): 115-123.
- Higgins JPT, Thompson SG, J Deeks J and Altman D, 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. *Education and Debate* 557-560.
- Ho Lee Y, 2015. Meta-analysis of genetic association studies. *Annals of Laboratory Medicine* 35(3):283-287.
- Hooijmans C, Hout J, Ritskes-Hoitinga M and 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.
- Hosseini SA and Tahmoorespur M, 2013. Estimation of genetic parameters of various economic traits in west Iranian native chickens. *Indian Journal of Animal Research* 47:205-211.

- Jafari F, Beige Nasiri MT, Fayazi J and Loghavi MA, 2015. Estimation of genetic parameters for economic traits in Fars native hens using Bayesian statistical approach. *Journal of Animal Production* 17(2): 171-182. (In Persian).
- Jafarnejad A, Kamali MA, Fatemi SJ and Aminafshar M, 2017. Genetic evaluation of laying traits in Iranian indigenous hens using univariate and bivariate animal models. *Journal of Animal and Plant Sciences* 27(1): 20-27.
- Jafarnejad A, Kamali MA, Fatemi SJ and Aminafshar M, 2008. Estimation of genetic parameters of some economic traits in native chickens of West Azerbaijan province. *Animal Science and Research* 2:11-17.
- Jasouri M, Alijani S, Pirani N, Shodja J, Pourtahmasebian M, Daghigh Kia H, Yousefi A, Jafarzadeh R and Karimi M, 2013. Estimation of genetic parameters of some important economical traits in Mazandarani native chicken. *Journal of Animal Science Research* 22(4):163- 172.
- Jembere T, Dessie T, Rischkowsky B, Kebede K, Okeyo Mwai A and Haile A, 2017. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Ruminant Research* 153:71-80.
- Kamali MA, Ghorbani SH, Sharbabak MM and Zamiri MJ, 2007. Heritabilities and genetic correlations of economic traits in Iranian native fowl and estimated genetic trend and inbreeding coefficients. *British Poultry Science* 48(4):443-8.
- Kiani manesh HR, Nejati Javaremi A and Rahimi Mianji Gh, 2002. Estimation of economic values for production traits of Iranian native fowls. *Journal of Agriculture* 3(1): 53-61. (In Persian).
- Koots KR, Gibson JB, Smith C, Wilton JW, 1994. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Animal Breeding Abstracts (United Kingdom)* 62: 307 – 338.
- Lakhi M, Farhangfar H, Hosseini SM and Navidizadeh ME, 2013. Heritability estimation and evaluation of genetic change resulted from selection for body weight at week eight in native chickens of Razavi Khorasan. *Iranian Journal of Animal Science Research* 23(3): 169-179.
- Lean IJ, Rabiee AR, Duffield TF and Dohoo IR, 2009. Invited review: Use of meta-analysis in animal health and reproduction: Methods and applications. *Journal of Dairy Science* 92(8):3545-3565.
- Lortie Ch, Stewart G, Hannah Rothstein H and Lau J, 2013. How to critically read ecological meta-analyses. *Research Synthesis Methods* 6(2):124-133.
- Niknafs S, Nejati-Javaremi A, Mehrabani-Yeganeh H and Fatemi SA, 2012. Estimation of genetic parameters for body weight and egg production traits in Mazandaran native chicken. *Tropical Animal Health and Production* 44(7):1437-43.
- Rahmanian A, Hafezian H, Rahimi GH, Farhadi A and Baneh H, 2015. Inbreeding depression for economically important traits of Mazandaran native fowls. *British Poultry Science* 56(1): 22-29.
- Safari E, Fogarty NM, Gilmour AR. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92:271–289.
- Salehinasab M, Latifi M, Zerehdaran S and Alijani S, 2015. Genetic properties of some economic traits in Isfahan native fowl using Bayesian and REML methods. *Poultry Science Journal* 3(2): 143-149.
- Salehinasab M, Zerehdaran S, Abbasi MA, Alijani S and Hassani S, 2013. Determination of the best model for estimating heritability of economic traits and their genetic and phenotypic trends in Iranian native fowl. *Archives Animal Breeding* 56 (23): 237-245.
- Seraj A, Vaez Torshizi R and Pakdel V, 2010. Effective factors on genetic parameters of day-old chicken body weight in a commercial broiler line. *Global Veterinaria* 5 (5): 268-271.
- Shadparvar A and Enayati B, 2012. Genetic parameters for body weight and laying traits in Mazandaran native breeder hens. *Iranian Journal of Applied Animal Science* 2(3): 251-256.
- Vesterinena HM, Senaa ES, Egana KJ, Hirsta TC, Churolovb L, Curriea GL, Antonicb A, Howellsb DW and Macleod MR, 2014. Meta-analysis of data from animal studies: A practical guide. *Journal of Neuroscience Methods* 221:92-102.

- Yousefi Zonuz A, Alijani S and Mohammadi H, 2014. Estimation of genetic parameters for production and reproduction traits of Iranian native chickens using Bayesian method via Gibbs sampling. *Research on Animal Production* 4(8): 91-99
- Yousefi Zonuz A, Alijani S, Mohammadi H, Rafat A and Daghigh Kia H, 2013. Estimation of genetic parameters for productive and reproductive traits in Esfahan native chickens. *Journal of Livestock Science and Technologies* 1(2): 34-38.

## Meta-analysis of studies related to genetic parameters for productive and reproductive traits in Iranian native fowl

F Ghobakhloo<sup>1</sup>, S Zerehdaran<sup>2\*</sup> and MM Shariati<sup>3</sup>



Received: 22.05.2022 Accepted: 23.09.2022

<sup>1</sup>MSc Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Iran

<sup>2</sup>Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Iran

<sup>3</sup>Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Iran

\*Corresponding author: Email: [zerehdaran@um.ac.ir](mailto:zerehdaran@um.ac.ir)

|  |   |   |
|--|---|---|
|  <p>پژوهش‌های علوم دامی<br/>Animal Science Research</p>   | <p>Journal of Animal Science/vol.32 No.3/ 2022/pp 49-65<br/><a href="https://animalscience.tabrizu.ac.ir">https://animalscience.tabrizu.ac.ir</a></p> |  |
| <p>© 2009 Copyright by Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran<br/>This is an open access article under the CC BY NC license (<a href="https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/">https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/</a>)<br/>DOI: 10.22034/AS.2021.46133.1615</p> |   |   |

**Introduction:** Native fowl have become valuable genetic resources over the years due to their adaptation to harsh conditions in rural areas (Emamgholi et al. 2009). Native fowl, despite their lower growth rate and lower egg production compared with broiler strains (like Ross and Cobb and layer strains (like Hy-Line and Lohman), perform much better in the rural system due to their good disease resistance and production under adverse nutritional and environmental conditions (Lakhi et al. 2013). Breeding programs have a significant effect on improving the genetic structure of native fowl (Kiani Manesh et al. 2002). The purpose of this study was to combine the results of studies related to estimating genetic parameters for productive and reproductive traits in native fowl using meta-analysis method in order to improve the accuracy of estimations. In addition, the use of meta-analysis method eliminates the existing differences between studies by examining the heterogeneity between them (Field and Gillett 2010; Lortie et al. 2013; Hooijmans et al. 2014). Increasing the accuracy of estimates can consequently increase genetic improvement through selecting proper candidates to be parents of next generations. Higher performance will increase the courage of farmers to keep native fowl and therefore it help to keep the birds as a valuable genetic source for the future.

**Material and methods:** In this meta-analysis study, previous studies in the field of estimating genetic parameters of productive and reproductive traits in Iranian native fowl were collected and used. These articles consisted of 33 articles which were published between years 2007 and 2016. Information used in current study included heritability, genetic and phenotypic correlations of productive and reproductive traits. These traits consisted of birth weight, weight at eight weeks of age, weight at twelve weeks of age, egg number, egg weight, age at sexual maturity and weight at sexual maturity. Cochran test and  $I^2$  criterion were used for testing heterogeneity among used articles. The range of heterogeneity among studies could be from zero to 100 percent. Ranges of 0 to 25 percent, 25 to 50 percent, 50 to 75 percent and 75 to 100 percent indicate very low, low, moderate and high heterogeneity among studies, respectively. Fixed meta-analysis model is usually recommended for very low and low heterogeneity among studies and random meta-analysis model is normally used for moderate to high rates of heterogeneity among studies. Due to high heterogeneity observed among studies in present study, random effects model meta-analysis was performed using Metacor package R software version 3.3.1 and Comprehensive Meta-Analysis (CMA) software version 3. The weighted average of the heritability, genetic and phenotypic correlations were calculated accordingly.



**Results and discussion:** According to the results, the highest heritability among productive and reproductive traits was related to egg weight (0.42) and then weight at sexual maturity (0.41). The lowest heritability was related to egg number with a value of 0.20 and then birth weight with a value of 0.25. The highest positive genetic correlation between productive and reproductive traits was estimated between weight at eight and weight at twelve weeks of age (0.86) and then between weight at twelve weeks of age and weight at sexual maturity (0.64). The highest negative genetic correlation was related to the correlation between age at sexual maturity and egg number (-0.66), then egg number and egg weight (-0.19). Due to combining the results of individual studies using meta-analysis, the standard error of estimations for genetic parameters and consequently their 95% confidence interval were significantly reduced compared to individual studies (Bayssa et al. 2021). This reduction indicates an increase in the accuracy of the estimates due to aggregating the results of individual studies (Field and Gillett 2010). A comparison between the results of independent studies and the results of meta-analysis shows a significant reduction in estimated standard errors for heritability and genetic and phenotype correlations in the meta-analysis method. For example, the amount of estimated standard error related to heritability of weight at twelve weeks of age in the meta-analysis was calculated to be 0.0009, while the range of reported standard error in the articles for the heritability of this trait was from 0.05 to 0.08. For weight at eight weeks of age the amount of standard error of heritability in the meta-analysis was estimated to be 0.0009, but the range reported for standard error of heritability for this trait in the articles was zero to 0.06. Similar reduction in the amount of estimated standard error were observed for reproductive traits. For example for egg number, the amount of error in the meta-analysis was estimated to be 0.0013, but the range reported in the articles was 0.01 to 0.13. The amount of estimated standard error related to egg weight in the meta-analysis was calculated to be 0.0009, while the range reported in the studied articles was from 0.004 to 0.07. This decreasing trend was similarly observed for other studied traits, which is due to the aggregation of the results obtained from independent studies.

**Conclusion:** The results of this study showed that the use of meta-analysis method by aggregating the results of individual studies, will increase the accuracy of genetic parameters of productive and reproductive traits in native fowls through increasing the sample size and reducing estimated standard errors. Therefore, by taking into consideration that Iranian native fowl are economically important animals and considerable demands for their products in the country, using genetic parameters obtained from this study with higher accuracy can play an effective role in the successful design of breeding programs for native fowls and promote genetic improvement in native fowl in Iran.

**Keywords:** Genetic and phenotypic correlation, Heritability, Iranian native fowl, Meta-analysis